

分类号:
学号: 20212014036

密级: 公开
单位代码: 10759

石河子大学

硕士学位论文



哈萨克斯坦蜱种遗传演化规律与区系分布研究

学位申请人	郑紫薇
指导教师	王远志教授 宋瑞其副教授
申请学位门类级别	医学硕士
学科、专业名称	病原生物学
研究方向	虫媒病
所在学院	医学院

中国·新疆·石河子
2024年6月

分类号：
学号：20212014036

密级：公开
单位代码：10759

石河子大学

硕士学位论文



哈萨克斯坦蜚种遗传演化规律与区系分布研究

学位申请人	郑紫薇
指导教师	王远志教授 宋瑞其副教授
申请学位门类级别	医学硕士
学科、专业名称	病原生物学
研究方向	虫媒病
所在学院	医学院

中国·新疆·石河子
2024年6月

**Study on the genetic evolution and regional distribution of ticks in
Kazakhstan**

A Dissertation Submitted to

Shihezi University

In Partial Fulfillment of the Requirements

for the Degree of

Master of Medicine

By

Zheng Ziwei

(Pathogen Biology)

Dissertation Supervisor

Prof. Yuanzhi Wang

Associate Prof. Ruiqi Song

June, 2024

Shihezi Xinjiang China

国家自然科学基金项目

哈萨克斯坦新出现的蜚传布尼亚病毒流行本底与分子分类研究，项目

批准号：82260399；

国家自然科学基金项目

基于线粒体测序研究新疆和哈萨克斯坦国蜚种国际分类学地位，项目

批准号：81960379；

新疆维吾尔自治区区域协同创新专项

中哈边境地区蜚种及蜚传疾病分布规律及分子特征研究，项目批准号：

2020E01035；

国家重点研发计划项目

重要人畜共患病监测预警与一体化防控技术，项目批准号：

2022YFC2304004

石河子大学学位论文独创性声明及使用授权声明

学位论文独创性声明

本人所呈交的学位论文是在我导师的指导下进行的研究工作及取得的研究成果。据我所知，除文中已经注明引用的内容外，本论文不包含其他个人已发表或撰写过的研究成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中作了明确的说明并表示谢意。

研究生签名：郑崇敬

时间：2024年5月8日

使用授权声明

本人完全了解石河子大学有关保留、使用学位论文的规定，学校有权保留学位论文并向国家主管部门或指定机构送交论文的电子版和纸质版。有权交学位论文在学校图书馆保存并允许被查阅。有权自行或许可他人将学位论文编入有关数据库提供检索服务。有权将学位论文的标题和摘要汇编出版。保密的学位论文在解密后适用本规定。

研究生签名：郑崇敬

时间：2024年5月8日

导师签名：石运平

时间：2024年5月8日

摘要

目的：哈萨克斯坦东南地区与中国新疆毗邻，该地域丰富的地理生境（荒漠、河谷、高山草甸等）为该区域蜚种多样性、遗传演化规律和预测分析研究提供了良好的条件。本研究通过对哈萨克斯坦东南地区 3 个州系统、细致的蜚种多样性调查、遗传演化规律研究以及优势蜚的预测分析研究，为国际间外来生物入侵、我国蜚传疾病的跨境传播的“联防联控”提供基础数据。

方法：（1）蜚种采集：使用布旗法和宿主体表检查法在哈萨克斯坦东、南 3 个州（克孜勒奥尔达州、图尔克斯坦州、杰特苏州）的 5 个县（阿拉尔县、西耶勒县、赛里木县、卡兹库尔特县、巴勒别克比县）采集蜚，使用形态学的方法和线粒体基因分子生物学的方法鉴定蜚；其中形态学鉴定要点在于盾板、假头基、气门板、珐琅斑、眼睛以及肛沟等；（2）遗传演化规律分析：用 MEGA X 软件的最大似然法对盾糙璃眼蜚、亚洲璃眼蜚、小亚璃眼蜚、血红扇头蜚、图兰扇头蜚、边缘革蜚和网纹革蜚进行系统进化树分析，用 DNAsp 对边缘革蜚和短垫血蜚进行单倍型分析，分析遗传演化规律；（3）图兰扇头蜚区系分布预测：基于利用最大熵模型 MaxEnt 分析 19 个环境气候因子对图兰扇头蜚分布的潜在影响，并分析和预测未来气候模式下 2050 年和 2070 年图兰扇头蜚在哈萨克斯坦的潜在地理分布区。

结果：（1）蜚种采集：在哈萨克斯坦南、东的克孜勒奥尔达州、图尔克斯坦州和杰特苏州 5 个县共采集到 5713 只蜚，均为硬蜚，经过鉴定隶属于 3 属 7 种，包括扇头蜚属（血红扇头蜚、图兰扇头蜚）；革蜚属（网纹革蜚、边缘革蜚）和璃眼蜚属（亚洲璃眼蜚、小亚璃眼蜚、盾糙璃眼蜚）；（2）遗传演化规律分析：哈萨克斯坦的小亚璃眼蜚、盾糙璃眼蜚、亚洲璃眼蜚和血红扇头蜚与中国和中亚其他国家遗传演化关系较近，边缘革蜚、网纹革蜚、图兰扇头蜚与欧洲亲缘关系较近；边缘革蜚是高度分化的，拥有 9 个单倍型，而短垫血蜚序列有 4 个单倍型；（3）图兰扇头蜚区系分布预测：筛选出 4 个环境因子（Bio4 温度季节性变化、Bio11 最冷季度平均温度、Bio13 最湿月份降水量、Bio17 最干季度降水量）为影响图兰扇头蜚在哈萨克斯坦分布的关键因子，MaxEnt 预测分析发现图兰扇头蜚在哈萨克斯坦的曼格斯套州、克孜勒奥尔达州、图尔克斯坦州、江布尔州的高适生区面积增加，高适生区中心有由南向北转移的趋势。

结论：（1）在哈萨克斯坦东、南部地区检测到 7 种蜚，分别为盾糙璃眼蜚、亚洲璃眼蜚、小亚璃眼蜚、血红扇头蜚、图兰扇头蜚、边缘革蜚和网纹革蜚，其中盾糙璃眼蜚为哈萨克斯坦东南地区的优势蜚种；（2）哈萨克斯坦东、南部地区的蜚种遗传演化具有多源性特点；（3）影响图兰扇头蜚在哈萨克斯坦生存的主要因素是气温和降水量。

关键词：蜚；哈萨克斯坦；遗传演化；区系分布

论文类型：A（基础研究）

Abstract

Objective: The southeast region of Kazakhstan is adjacent to Xinjiang, China, and its rich geographical habitats (desert, river valley, alpine meadow, etc.) provide good conditions for the diversity, genetic evolution and prediction analysis of ticks in this region. Through the systematic investigation of tick diversity, genetic evolution, prediction and analysis of dominant ticks in three states in southeast Kazakhstan, this study provides basic data for the cross-border transmission of tick-borne diseases and the "joint prevention and control" of international alien invasion in China.

Methods: (1) Tick species collection: ticks were collected from 5 sampling sites in 3 states (Kyzylorda, South Kazakhstan and Zhetisu) of Kazakhstan using the cloth flag method and host surface inspection method, identification of ticks using morphology and mitochondria gene molecular biology methods; the key points of morphological identification are scutum, basic capituli, spiracular plates, enamel spot, eyes and anal groove; (2) Analysis of genetic evolution law: the maximum likelihood method of MEGA X software was used to analyze the phylogenetic tree analysis of *Dermacentor reticulatus*, *Dermacentor marginatus*, *Rhipicephalus sanguineus*, *Rhipicephalus turanicus*, *Hyalomma asiaticum*, *Hyalomma anatolicum*, *Hyalomma scupense*, and the haplotype analysis was performed with DNAsp, analyzing the law of genetic evolution of *D. marginatus* and *Haemaphysalis erinacei*; (3) Prediction of distribution of *Rh. turanicus*: based on the potential effects of 19 environmental climate factors on the distribution of *Rh. turanicus* ticks using the maximum entropy model MaxEnt, and analyzed and predicted the potential geographical distribution area of *Rh. turanicus* ticks in Kazakhstan in 2050 and 2070 under future climate patterns.

Results: (1) Tick species collection: a total of 5713 ticks were collected in Kyzylorda, South Kazakhstan and Zhetisu of Kazakhstan, all were hard ticks, identification of belonging to three genera and seven species, including *Dermacentor* (*D. reticulatus*, *D. marginatus*); *Rhipicephalus* (*Rh. sanguineus*, *Rh. turanicus*); and *Hyalomma* (*Hy. asiaticum*, *Hy. scupense*, *Hy. anatolicum*); (2) Analysis of genetic evolution law: in Kazakhstan, *Rh. sanguineus*, *Hy. asiaticum*, *Hy. anatolicum*, *Hy. scupense* ticks are close to the genetic evolution in China and other central Asian countries, and *D. reticulatus*, *D. marginatus* and *Rh. turanicus* ticks are closely related to Europe; *D. marginatus* ticks are highly differentiated, with nine haplotypes, while *H. erinacei* ticks have four haplotypes; (3) Prediction of distribution of *Rh. turanicus*: four environmental factors (Bio4 seasonal change in temperature, Bio11 average temperature in the coldest quarter, Bio13 precipitation in the wettest month, and Bio17 precipitation in the coldest quarter) were selected as key factors affecting *Rh. turanicus* ticks in Kazakhstan, predictive analysis found that the area of *Rh. turanicus* ticks increased in Mangghystau, South Kazakhstan and Jambyl in Kazakhstan, there is a trend of shifting from the center from south to

north.

Conclusion: (1) Seven species of ticks were detected in the eastern and southern regions of Kazakhstan, namely, *D. reticulatus*, *D. marginatus*, *Rh. sanguineus*, *Rh. turanicus*, *Hy. asiaticum*, *Hy. anatolicum*, *Hy. scupense*. *Hy. scupense* ticks are the dominant ticks in the southeast of Kazakhstan; (2) The genetic evolution of ticks in the eastern and southern regions of Kazakhstan has multiple sources; (3) The main factors affecting the survival of ticks in Kazakhstan were temperature and precipitation.

Key words: Ticks; Kazakhstan; Genetic evolution; Regional distribution

Type of thesis: A (Basic research)

目录

摘要.....	I
Abstract.....	II
主要符号表.....	VI
引言.....	1
第1章 哈萨克斯坦蜚种鉴定与遗传演化规律研究.....	1
1.1 材料.....	2
1.1.1 蜚的采集.....	2
1.1.2 主要仪器设备.....	3
1.1.3 主要实验试剂.....	3
1.2 方法.....	4
1.2.1 蜚形态学鉴定.....	4
1.2.2 蜚分子生物学鉴定.....	4
1.3 结果.....	8
1.3.1 采样汇总.....	8
1.3.2 形态学鉴定.....	9
1.3.3 分子生物学鉴定.....	13
1.4 讨论.....	20
1.4.1 哈萨克斯坦蜚类研究现状.....	20
1.4.2 蜚的形态学与分子生物学鉴定.....	21
1.4.3 边缘革蜚和短垫血蜚.....	22
第2章 哈萨克斯坦蜚种区系分布研究.....	24
2.1 材料.....	25
2.1.1 哈萨克斯坦的图兰扇头蜚出现点经纬度.....	25
2.1.2 环境数据库.....	26
2.1.3 软件.....	26
2.2 方法.....	26
2.2.1 MaxEnt 模型分布点处理.....	26
2.2.2 环境数据的处理.....	26
2.2.3 MaxEnt 模型的建立及优化.....	26
2.2.4 模型验证.....	27
2.3 结果.....	27

2.3.1 分布点的筛选	27
2.3.2 关键环境因子	28
2.3.3 模型的优化与评估	31
2.3.4 图兰扇头蜉当前及预测分布区域	32
2.3.5 影响图兰扇头蜉重要环境变量	33
2.4 讨论	33
2.4.1 MaxEnt 原理	33
2.4.2 图兰扇头蜉	34
2.4.3 哈萨克斯坦	34
2.4.4 气候因子与地理分布与预测	35
2.4.5 局限与未来	36
结论	38
综述	39
哈萨克斯坦蜉种遗传演化规律与区系分布研究的概述	39
1.1 哈萨克斯坦概况	39
1.2 蜉的形态学、分子生物学鉴定及遗传演化规律	40
1.3 区系分布研究	41
1.4 展望	43
参考文献	44
附录	52
致谢	58
作者简历	58
导师评阅表	错误! 未定义书签。

主要符号表

英文缩写	英文全称	中文名称
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool	基于局部比对算法的搜索工具
bp	base pair	碱基对
<i>COI</i>	Mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I	线粒体细胞色素 C 氧化酶I
DNA	Deoxyribonucleic Acid	脱氧核苷酸
GBIF	Global Biodiversity Information Facility	全球生物多样性样本信息机构
GCM	Global Climate Model	全球气候模型
GenBank	gene bank	核苷酸序列资料库
GIS	Geographic Information System	地理信息系统
IPCC	Intergovernmental Panel on Climate Change	政府间气候变化专门委员会
MaxEnt	Maximum Entropy Model	最大熵模型
min	minute	分钟
ML	Maximum-Likelihood	最大似然法
NCBI	National Center for Biotechnology Information	美国国家生物技术信息中心网站
PCR	Polymerase Chain Reaction	聚合酶链式反应
RCPs	representative concentration pathways	具有代表性的浓度路径
RNA	Ribonucleic Acid	核糖核酸
rpm	revolutions per minute	转/分钟
sec	second	秒

引言

中亚地域广阔，土地面积约 400 万平方公里，人口总数约 8000 万。包括哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦、塔吉克斯坦、土库曼斯坦和乌兹别克斯坦共五个国家。从地缘位置看，中亚地处亚欧大陆的结合部，位于俄罗斯、中国、印度、伊朗等大国或地区性大国中间的地理位置，是贯通“一带一路”亚欧大陆的交通枢纽，历来是东进西出、南下北上的必经之地。从地缘位置看，中亚是贯通亚欧大陆的交通枢纽。在能源资源上，中亚被誉为“第二个中东”，并且其盛产谷物、棉花等经济作物。哈萨克斯坦因为处于欧亚大陆腹地，气候为典型的温带大陆性气候在盛夏七月，除山区以外，平均气温会在二十六摄氏度到三十二摄氏度之间，但其平均气温由北端的零下二十摄氏度到南端的二摄氏度过渡，在隆冬一月。哈萨克斯坦地区的生态环境、地形、气候和自然景观与中国新疆相似。哈萨克斯坦地形很复杂，特点是西北低、东南高。西部和西南部地势最低。其南部有山地、沙漠或半荒漠区，为暖温带荒漠区；中部是平原，为温带干旱半干旱区；北部属于山地，为寒温带半干旱区^[1]。

蜱属于寄螨目蜱总科。蜱与蜘蛛等动物有亲缘关系，这些都是无脊椎动物，属于节肢动物门。蜱在全世界都有分布。据报道，全世界记载的蜱种有 3 科大约 900 种。哈萨克斯坦的蜱种有亚洲璃眼蜱、盾糙璃眼蜱、图兰扇头蜱、边缘革蜱以及波斯锐缘蜱等，现今至少已报道了 45 种蜱。蜱主要寄生在脊椎动物体表。蜱可能作为立克次体、无形体和巴贝斯虫等多种病原体的潜在传播媒介，大多数蜱传病毒与脊椎动物宿主的相互作用导致短暂感染，从而导致发病率和死亡率^[2]，给畜牧业和人类健康的发展造成不好的影响。为了减少这些疾病，人们花费了大量的资金和精力来针对被蜱叮咬的各种治疗和控制蜱的管理技术。图兰扇头蜱，作为扇头蜱属中一员，是哈萨克斯坦的主要蜱种之一。蜱虫监测和追踪有助于我们了解蜱虫传播和生态学的重要性，并有助于确定疾病传播的风险区域^[2]。

生物地理学关注生物分布的地理环境特点研究，同时也关注不同生态因子对生物物种分布的影响^[3-4]。GIS 是在计算机软硬件的支持下，运用系统工程和信息科学理论和方法，综合地动态地获取存储传输管理分析和利用地理信息的空间信息系统^[5]。MaxEnt 是一种用于物种密度估计和丰富度分布预测模型^[6]，是以最大熵理论为基础的一种选择型方法，根据生物的已知分布区及环境数据，利用数学模型归纳或模拟其生态位变量（如海拔、温度等）推测该物种在目标地区的适生分布^[7]。国内外学者已经建立了不同的方法或模型对有害生物进行风险分析^[8,9]。基于 GIS 技术，已开展有关草

地蝗虫和东亚飞蝗预测模型研究,烟草病虫害动态预测、棉花虫害监测等^[10-12]。近年,MaxEnt生态位模型已被广泛应用于入侵蚂蚁类、实蝇类、粉蚧类等多种昆虫的潜在适生分布区预测^[13-14],预测结果均能较好地吻合物种的实际分布。在蜚种研究方面,Torina等^[15]在2018年应用GIS技术对意大利南部蒙特佩莱格里诺自然保护区周边的蜚种进行时空分布研究。莱姆病是美国法定蜚传疾病之一,每年新发蜚咬病人病例约2万人。Esra Ozdenerol^[16]应用GIS和MaxEnt系统对美国已往媒介蜚种、气候、贮存宿主和易感人群数量等信息叠加进行时空分析,预测美国莱姆病高、中、低发生区域。

哈萨克斯坦地区的蜚种分布特殊,而目前关于哈萨克斯坦区域蜚种遗传演化规律和区系分布的研究很少,本次研究将相关基因与其它蜚 mtDNA 序列进行比较,研究蜚的系统发生关系,这可填补研究少的这一空白。另外,预测哈萨克斯坦的图兰扇头蜚未来分布有助于预测蜚传疾病可能传播的区域。以后需要加大对蜚的调查与防控力度,提高区域公共卫生安全和动物健康水平。因此,加强对蜚种鉴定及蜚种分布预测的研究,和蜚种未来分布模型的制作,这是哈萨克斯坦及其邻国都需要重视的事情。

第1章 哈萨克斯坦蜱种鉴定与遗传演化规律研究

摘要：目的：清楚哈萨克斯坦南部和东部边界三个州（克孜勒奥尔达州、图尔克斯坦州、杰特苏州，这三个州与中国新疆地理距离较近）的蜱种构成，并确定这些地区的优势蜱。分析哈萨克斯坦蜱的遗传状况，探讨哈萨克斯坦蜱与中亚对应蜱的进化关系。方法：采样点蜱的采集在哈萨克斯坦东部和南部三个州进行，结合蜱的形态学特征及蜱线粒体 *16S rDNA* 和 *COI* 基因，对所采集的蜱进行蜱种的形态学及分子生物学鉴定，ML 进行系统发生学分析，并与形态学结果相互验证。结果：（1）采集到 5713 只蜱，隶属于 3 属 7 种，分别为璃眼蜱属（亚洲璃眼蜱、小亚璃眼蜱、盾糙璃眼蜱）、扇头蜱属（图兰扇头蜱、血红扇头蜱）、革蜱属（网纹革蜱、边缘革蜱）。非饱血蜱中边缘革蜱 1 只、网纹革蜱 1 只、亚洲璃眼蜱 267 只、盾糙璃眼蜱 3605 只、小亚璃眼蜱 466 只、图兰扇头蜱 106 只、血红扇头蜱 34 只。（2）系统发育分析表明来自哈萨克斯坦东南部的杰特苏州和中国西北部甘肃省的小亚璃眼蜱构成了一个新的分支；来自图尔克斯坦州的网纹革蜱更接近罗马尼亚和土耳其的蜱。（3）单倍型网络图显示：(i)杰特苏州和阿拉木图州边缘革蜱的 H-1 和 H-2 单倍型均为新进化；(ii)来自阿拉木图州和新疆维吾尔自治区（中国西北部）的短垫血蜱的 H-3 单倍型是由来自意大利的 H-1 单倍型进化而来的。结论：（1）本研究表明，该地区的优势蜱种为盾糙璃眼蜱，稀有的蜱种类是网纹革蜱和边缘革蜱；与其他州相比，图尔克斯坦州有更多丰富的蜱物种，采集到 6 种蜱，包括网纹革蜱、小亚璃眼蜱、盾糙璃眼蜱、亚洲璃眼蜱、图兰扇头蜱、血红扇头蜱。（2）各蜱种 *COI* 序列与 GenBank 数据库中已对应蜱种 *COI* 序列聚类，与形态学鉴定结果一致。

关键词：蜱；哈萨克斯坦；形态学；分子生物学

蜱属于寄螨目，蜱总科，包括硬蜱科、软蜱科和纳蜱科。全世界已知有 900 多种蜱。蜱是寄生在脊椎动物表面的吸血节肢动物，在幼虫、若虫和成虫发育阶段需要不同的宿主。候鸟的季节性迁徙和国际牲畜贸易等宿主活动在蜱的传播中发挥着重要作用。硬蜱能够传播致病性原生动植物、病毒和细菌^[1]。迄今为止，在哈萨克斯坦，已报道了隶属于硬蜱属、璃眼蜱属、革蜱属、扇头蜱属、血蜱属、锐缘蜱属以及钝缘蜱属的 45 种蜱。它们的基因多样性和进化关系，特别是与邻国相比，仍然不清楚。

蜱种的鉴定主要包括形态学鉴定和分子生物学鉴定。形态学鉴定方法，对前期已

采集的蜚样本，按照蜚分布基底类型和蜚基本形态等选择代表性蜚样本，通过体式显微镜和扫描电镜按照蜚种鉴定检索程序进行。形态学鉴定应用较广泛因为其简单，迅速，经济等特点。但是不仅蜚标本得有很高的完整性和成熟度，而且鉴定人员得有很高的专业度。所以鉴定有困难和结果不可靠的缺点。随着分子生物学的发展，蜚的分子分类鉴定开始得到应用，在蜚的种类鉴定和系统发育研究中发挥着相当重要的作用。线粒体基因，如 *12SrDNA*、*16SrDNA*、*COI* 和 *COII*，是用于识别蜚物种的最常见的分子标记。线粒体 *COI* 作为 DNA 条形码的标准，在物种内/物种间鉴定和遗传多样性方面发挥着重要作用。

本研究在使用分子生物学方法 PCR 进一步鉴定前，先使用形态学方法显微镜对蜚进行鉴定，这使得鉴定结果具有较低的错误可能性。未来，应该在蜚 DNA 条形码领域使用更多来自不同蜚物种的 *COI* 数据，特别是来自哈萨克斯坦和邻国的 *COI*。哈萨克斯坦应更加重视蜚的分子生物学研究，防止外来物种的入侵。利用 *COI* 进行分子生物学鉴定和遗传多样性分析，确定该地区优势蜚种和“潜在入侵蜚种”的发生发展趋势。本研究采用 *16SrDNA* 和 *COI* 进行分子生物学鉴定和遗传多样性分析，用于确定该地区优势蜚种和“潜在入侵蜚种”的发生发展趋势。近年来遗传多样性研究受到越来越多的关注，然而，在哈萨克斯坦，使用 *COI* 基因鉴定蜚的研究并不多。蜚的分子生物学对不同地区蜚传疾病的流行特征起着决定性的作用，哈萨克斯坦使用 DNA 条形码分析蜚的遗传多样性和进化关系的研究有限，尤其是与邻国相比。本研究有助于了解哈萨克斯坦蜚的遗传特征和发展趋势，为人类共患病和人畜共患病的防治提供理论依据。

1.1 材料

1.1.1 蜚的采集

石河子大学与哈萨克国立农业大学续签了合作协议书（见附件）。采集人员 2023 年上半年，采集哈萨克斯坦南、东地区克孜勒奥尔达州、图尔克斯坦州和杰特苏州采集蜚，对所有采集的蜚按采集时间、地点、经纬度、宿主、数量分别标记，将蜚放于装有 75%酒精的管 -80℃ 的生物样本库保存。所采用的采集方法包括布旗法和宿主体表检查法。

1.1.2 主要仪器设备

本研究使用的主要仪器设备见表 1-1。

表 1-1 主要仪器设备信息

Tab. 1-1 Main instruments and equipment information

仪器设备	型号	生产厂商
Research plus 移液器	3111 000 807	德国艾本德公司
净化工作台	SW-CJ-1CU	苏州净化设备有限公司
生物安全柜	HR80-IIA2	青岛海尔特种电器有限公司
高压蒸汽灭菌器	YXQ-SG46	上海佳胜实验设备公司
台式高速冷冻离心机	Centrifuge 5427 R	德国艾本德公司
电热恒温水浴锅	DK-S28	上海精宏实验设备有限公司
分光光度计	NanoDrop 2000	赛默飞世尔科技公司
涡旋振荡器	XW-80A	上海精密科学仪器有限公司
稳压稳流电泳仪	DYY-6B	北京市六一仪器厂
PCR 仪	T-GRADIENT	美国 Bio-Rad 公司
凝胶成像系统	Universal Hood II	伯乐 Bio-Rad
电子分析天平	TP-213	德国赛多利斯公司
电子显微镜	Olympus BX40	日本奥林巴斯公司
体视显微镜	M165 C	德国 LEICA 公司
医用低温箱	DW-YW358A	中科美菱公司
超低温保存箱	DW-86L578J	Haier Biomedical
微波炉	HR-T8030	青岛海尔微波制品有限公司
尼康体式显微镜	NIS-SEM18	尼康生物影像公司
盒装灭菌吸头	BS-10-TRS	广州硕谱生物科技有限公司
台式电脑	HP Z230	惠普
显微镜	CX31	奥林巴斯
冰箱	BCD-241TMCN	青岛海尔股份有限公司
离心机	TG16-WS	长沙湘智离心机仪器有限公司

1.1.3 主要实验试剂

本研究使用的主要实验试剂见表 1-2。