

# 两种鮰科鱼类鳃部寄生的普氏趋鮰虫 形态描述及系统发育分析

张文润 喀迪尔丁·艾尔肯 容梦婕 岳城 郝翠兰\*

新疆农业大学动物医学学院 乌鲁木齐 830052

**摘要:** 2018年9月至2019年10月,对新疆乌鲁木齐市区及巴楚县的鱼类进行寄生虫病原调查过程中,在斑点叉尾鮰(*Ictalurus punctatus*)和云斑鮰(*I. nebulosus*)鳃部发现有单殖吸虫寄生,两种鱼所寄生的虫种形态基本一致,仅连接片形态稍有差异,通过形态学鉴定为锚首虫科(Ancyrocephalidae)趋鮰虫属(*Ligictaluridus*)的普氏趋鮰虫(*L. pricei*)。为验证形态鉴定的准确性,扩增了寄生虫的28S rDNA序列,并进行了系统发育分析。结果显示,两种鱼所寄生的单殖吸虫与普氏趋鮰虫的相似度均达98%以上,在系统进化树中紧密聚为一支,置信度均为100;同时,两种虫与普氏趋鮰虫间的遗传距离数值接近于零,表现出了很高的相似度和亲缘关系。因此根据形态特征和系统发育分析,确定这两种鱼感染的是同一种寄生虫。研究结果可为新疆人工养殖鮰科鱼类的病害防治提供依据。

**关键词:** 斑点叉尾鮰; 云斑鮰; 普氏趋鮰虫; 形态鉴定; 系统发育

中图分类号: Q954 文献标识码: A 文章编号: 0250-3263 (2021) 01-088-12

## Morphological Description and Phylogeny of the Monogenean *Ligictaluridus pricei* Parasitizing Gills in Two Species of Catfish Family

ZHANG Wen-Run Kadierding·Aierken RONG Meng-Jie YUE Cheng HAO Cui-Lan\*

College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China

**Abstract:** During the investigation into parasitic pathogens of fishes in urban areas of Urumqi and Bachu County, Xinjiang, from September 2018 to October 2019, monogenean parasites were found in the gills of both *Ictalurus punctatus* and *I. nebulosus*. The morphology of the parasitic species was basically the same between the two fish species, except for the bar morphology. The parasites were tentatively identified as *Ligictaluridus pricei* of Ancyrocephalidae, *Ligictaluridus* (Fig. 1, 2). To verify the species identified by morphology, molecular identification was performed with the construction of a phylogenetic tree. The 28S rDNA sequences of parasites from the two fish species were amplified, and the phylogenetic tree and genetic distance matrix were constructed after sequence comparison. The similarity between the parasites from the two species and *L. pricei* was above 98%, and the phylogenetic tree showed that they closely clustered into a

**基金项目** 国家自然科学基金项目(No. 31860738, 31960737);

\* 通讯作者, E-mail: haocuilan@126.com;

**第一作者介绍** 张文润,女,硕士研究生;研究方向:水生动物保护学;E-mail: 1661688060@qq.com。

收稿日期: 2020-04-13, 修回日期: 2020-10-22 DOI: 10.13859/j.cjz.202101011

same branch with a confidence of 100 (Fig. 4, 5). The same genetic distance between the parasite from the two species and *L. pricei* was close to zero, showing a high degree of similarity and kinship (Table 3). Therefore, according to the morphological characteristics and phylogenetic analysis, it was determined that these two fishes were infected with the same parasite. The findings of the study can provide a basis for the disease control of artificially cultured catfish in Xinjiang region.

**Key words:** *Ictalurus punctatus*; *I. nebulosus*; *Ligictaluridus pricei*; Morphology; Phylogenetic

斑点叉尾鮰(*Ictalurus punctatus*)和云斑鮰(*I. nebulosus*)同属于鲇形目(Siluriformes)鮰科(Ictaluridae)。分布于美国中部流域、加拿大南部和大西洋沿岸部分地区,后广泛迁徙至大西洋沿岸(钟立强等 2018, 王加鹏 2019)。我国于 1984 年引进了斑点叉尾鮰和云斑鮰两种鮰科鱼类(王文斌等 2013)。云斑鮰的大小、体型与黄颡鱼(*Pelteobagrus fulvidraco*)非常相似,只是体色较灰,没有黄颡鱼黄亮,被很多人误认为黄颡鱼,现新疆水产市场交易的黄颡鱼都为云斑鮰。

普氏趋鮰虫(*Ligictaluridus pricei*)属于锚首虫科(Ancyrocephalidae)趋鮰虫属。1936 年 Mueller 记述了两种寄生于佛罗里达州的鮰科鱼类的单殖吸虫,被命名为 *Cleidodiscus pricei* 和 *C. floridanus*(原 *C. jloridanus*)。因这两个虫种交接器的形态和后吸器的硬化成分不同,以及对鮰科宿主的明显特异性, Beverley-Burton 1984 年将其移出锁盘虫属(*Cleidodiscus*),并提出了趋鮰虫属(*Ligictaluridus*)(Klassen et al. 1985),在该属中迄今为止有 7 个物种,另外 5 种分别为 *L. monticellii* (Cognetti et al. 1924)、*L. mirabilis* (Mueller 1937)、*L. bychowskyi* (Price et al. 1969)、*L. posthon* (Klassen et al. 1985) 和 *L. michaelalicea* (Leis et al. 2018)。

本研究记述了斑点叉尾鮰和云斑鮰鳃部寄生的趋鮰虫的形态学特征,并通过 28S rDNA 基因序列的扩增和分析对其进行分子分类鉴定,确定这两种鱼类感染同种趋鮰虫普氏趋鮰虫。为我国鮰科鱼类寄生单殖吸虫的种类及其分类鉴定补充了基础资料,也为新疆人工养殖

鮰科鱼类的病害防治提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 虫体采集

2018 年 6 月至 2019 年 11 月,在乌鲁木齐市北园春市场和巴楚县红海水库养殖场采集到斑点叉尾鮰23 尾、云斑鮰78 尾。将活鱼带回实验室后,对其进行拍照、测量、称重后,用常规解剖法将鱼处死。在解剖镜下检查鱼鳃,收集虫体统计数据,并计算其感染情况。感染率为感染寄生虫鱼的数量占所采集到鱼总数量的百分比。将收集到的虫体置于干净的 Eppendorf 管中,分别滴加 75% 和 95% 酒精,便于后续不同实验需求。

### 1.2 形态学鉴定

在解剖镜下挑取形态完整的新鲜虫体或将保存于 75% 酒精中的虫体洗净复水后,挑选形态完整的虫体置于载玻片上,滴加 4% 聚乙烯醇乳酸酚(伍惠生 1980)固定封片。使用光学显微镜对虫体玻片标本进行拍照研究,参照文献(Wheeler et al. 1989, Beverley-Burton et al. 1980, 吴宝华 2000)完成对寄生虫的鉴定。标本保存于新疆农业大学动物医学学院鱼类寄生虫实验室。

### 1.3 分子生物学研究

**1.3.1 DNA 提取、PCR 扩增及测序** 选取 95% 酒精固定的虫体,分别置于 1.5 ml 的灭菌 Eppendorf 管,去离子水冲洗并用 TE Buffer 缓冲液浸泡过夜,参照上海生工生物技术公司 DNA 提取试剂盒说明书,提取 DNA。选取 28S rDNA 部分序列,扩增引物序列分别为, C1: 5'-GCG AGT GAA CGG AGA TTA GC-3' 和

D2: 5'-CCA TTA TTG ACC GTG ATG TAT G-3' (Nasser et al. 1984)。PCR 扩增反应体系为 50 μl。反应条件为, 95 °C 预变性 4 min, 95 °C 变性 1 min, 55 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 90 s, 35 个循环; 72 °C 再延伸 10 min, 4 °C 保存。将扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳分析, 切取目的条带, 用全氏金胶回收试剂盒进行纯化, 回收的目的片段连接到 pEASY-T1 载体进行 TA 克隆, 再转化到大肠杆菌 (*Escherichia coli*) DH5α 中, LB 平板培养。PCR 检测后每个样品选取 2

个阳性克隆菌, 送上海生工生物工程服务有限公司测序。

**1.3.2 序列比对及系统发育分析** 基于所测得 28S rDNA 序列, 与 NCBI 公布的已知序列进行比对, 并下载相关序列 (表 1), 以小林三代虫 (*Gyrodactylus kobayashii*) 相应序列为外类群, 构建系统发育树。将所测得的序列经 SeqMan 生物软件 (Jin et al. 2018) 进行检查拼接。用 MEGA 6.0 软件 (Koichiro et al. 2013) 中最大似然法 (maximum likelihood, ML) 构

表 1 用于建树的锚首虫种类及其 28S rDNA 序列的 GenBank 登录号

Table 1 The Ancyrocephalidae species used for building trees and the GenBank accession number of the 28S rDNA sequence

属 Genus	种 Species	宿主 Host species	GenBank 登录 号 Accession number	采集地 Locality
具带虫属/鲻鱼虫属 <i>Ligophorus</i>	<i>L. uruguensis</i>	梭状鲻 <i>Mugil liza</i>	KF442630	巴西 Brazil
	<i>L. pilengas</i>	梭鱼 <i>Liza haematocheilus</i>	JN996824	乌克兰 Ukraine
	<i>L. kaohsianghsieni</i>	梭鱼 <i>L. haematocheila</i>	KY979154	俄罗斯 Russia
嗜丽鱼虫属 <i>Cichlidogyrus</i>	<i>C. amieti</i>	喀麦隆旗鱲 <i>Aphyosemion cameronense</i>	KT945076	喀麦隆 Cameroon
	<i>C. tilapia</i>	副非鲫 <i>Paratilapia polleni</i>	MH767412	马达加斯加 Madagascar
宽海盘虫属 <i>Euryhaliotrema</i>	约氏宽海盘虫 <i>E. johnii</i>	金带笛鲷 <i>Lutjanus vaigiensis</i>	EU836193	中国 China
	<i>E. fastigatum</i>	灰笛鲷 <i>L. griseus</i>	MG586859	墨西哥 Mexico
	<i>E. tubocirrus</i>	巴哈马笛鲷 <i>L. synagris</i>	MG586846	墨西哥 Mexico
海盘虫属 <i>Haliotrema</i>	驼背鲈海盘虫 <i>H. cromileptis</i>	驼背鲈 <i>Cromileptes altivelis</i>	EU523146	越南 Vietnam
	<i>H. susanae</i>	白边锯鱗鱼 <i>Myripristis murdjan</i>	MG518632	马来西亚 Malaysia
嗜石鲈虫属 <i>Bravohollisia</i>	小钩嗜石鲈虫 <i>B. parvianchoratus</i>	大斑石鲈 <i>Pomadasys maculatus</i>	KJ571009	中国 China
	古氏嗜石鲈虫 <i>B. gussevi</i>	断斑石鲈 <i>P. hasta</i>	KJ571007	中国 China
	被覆嗜石鲈虫 <i>B. tecta</i>	大斑石鲈 <i>P. maculatus</i>	KJ571012	中国 China
锚首虫属 <i>Ancyrocephalus</i>	平片嗜石鲈虫 <i>B. rosetta</i>	大斑石鲈 <i>P. maculatus</i>	DQ537364	中国 China
	奇异锚首虫 <i>A. paradoxus</i>	梭鲈 <i>Stizostedion lucioperca</i>	AJ969952	斯洛伐克 Slovakia
	河鲈锚首虫 <i>A. percae</i>	河鲈 <i>Perca fluviatilis</i>	KF499080	德国 Germany
趋鮰虫属 <i>Ligictaluridus</i>	普氏趋鮰虫 <i>L. pricei</i>	云斑鮰 <i>Ictalurus nebulosus</i>	AJ969939	捷克共和国 Czech Republic
血梗虫属 <i>Hamatopeduncularia</i>	海鮎血梗虫 <i>H. arii</i>	鮎鱼 <i>Silurus asotus</i>	KF676629	印度 India
	旗鱼血梗虫 <i>H. thalassini</i>	鮎鱼 <i>S. asotus</i>	KF676631	印度 India
	<i>H. bagre</i>	海鲿 <i>Bagre marinus</i>	MG586873	墨西哥 Mexico
鮎盘虫属 <i>Silurodiscoides</i>	螺茎鮎盘虫 <i>S. campylopteroocirrus</i>	低眼巨鮎 <i>Pangasius hypophthalmus</i>	AY841872	中国 China
四锚虫属 <i>Bychowskyella</i>	黄颡四锚虫 <i>B. pseudobagri</i>	黄颡鱼 <i>Pseudobagrus fulvidraco</i>	EF100541	中国 China
伪锚盘虫属 <i>Pseudancylodiscoides</i>	黄颡伪锚盘虫 <i>P. gigi</i>	黄颡鱼 <i>P. fulvidraco</i>	KX812456	中国 China
撒氏虫属 <i>Thaparocleidus</i>	奇异撒氏虫 <i>T. varicus</i>	鮎鱼 <i>Silurus astus</i>	MH094192	中国 China
	大茎撒氏虫 <i>T. magnicirrus</i>	鮎鱼 <i>S. astus</i>	MH213065	中国 China
	凶恶撒氏虫 <i>T. asoti</i>	鮎鱼 <i>S. astus</i>	MG601547	中国 China
外类群 Outgroup	小林三代虫 <i>Gyrodactylus kobayashii</i>	金鱼 <i>Carassius auratus</i>	KJ524572	中国 China

建系统进化树及遗传矩阵。用 MAFFT 软件 (Nakamura et al. 2018) 对序列进行多重比对分析。序列保守区的选择采用 Gblocks 0.91b。构建系统发育树之前采用 Modeltest 软件 (Posada et al. 1998) 对联合数据进行最佳模型筛选。采用贝叶斯法 (Bayesian inferences, BI) 对数据进行系统进化分析。用 MrBayes v3.2.6 软件 (Ronquist et al. 2012) 构建系统发育树。根据 Modeltest 软件 (Posada et al. 1998) 对分析结果以 GTR + I + G 为最佳模型, 设置代替模型为 6 (nst = 6)、位点间变异模型为 invgamma (rates = invgamma), 同时建立 4 条马可夫链, 其中 3 条热链, 1 条冷链, 共运算 1 000 000 代, 每 100 代进行 1 次抽样, 节点的可信性以后验概率来表示 (Ronquist et al. 2003)。

## 2 结果与分析

本研究共采集斑点叉尾鮰 23 尾, 感染趋鮰虫 67 只; 云斑鮰 78 尾, 感染趋鮰虫 235 只。斑点叉尾鮰寄生趋鮰虫的感染率为 43%, 云斑鮰寄生趋鮰虫的感染率为 22%。

### 2.1 寄生虫形态学结果

宿主: 斑点叉尾鮰

寄生部位: 鳃部

采集地点及时间: 乌鲁木齐市北园春市场; 2018 年 11 月至 2019 年 10 月。

形态描述(图 1): 虫体全长  $(653 \pm 23.3) \mu\text{m}$  ( $623 \sim 679 \mu\text{m}$ ), 宽  $(29.1 \pm 20.1) \mu\text{m}$  ( $96.0 \sim 138.5 \mu\text{m}$ ) ( $n = 23$ )。眼点 2 对, 后对略大于前对。咽近似球形,  $(53 \pm 12.7) \mu\text{m} \times (57 \pm 14.7) \mu\text{m}$  [ $(37 \sim 62 \mu\text{m}) \times (41 \sim 97 \mu\text{m})$ ,  $n = 16$ ]。虫体的后吸器与体前段区分明显。后吸器长  $(98.0 \pm 18.6) \mu\text{m}$  ( $73.4 \sim 121.1 \mu\text{m}$ ), 宽  $(120.5 \pm 14.3) \mu\text{m}$  ( $79 \sim 136 \mu\text{m}$ ) ( $n = 22$ )。背中央大钩内外突分化不明显, 钩全长  $(49.5 \pm 3.4) \mu\text{m}$  ( $46.0 \sim 53.6 \mu\text{m}$ ), 钩基部长  $(47.8 \pm 2.6) \mu\text{m}$  ( $43.3 \sim 51.9 \mu\text{m}$ ), 钩尖长  $(18.7 \pm 2.3) \mu\text{m}$  ( $15.9 \sim 21.3 \mu\text{m}$ ) ( $n = 23$ )。背连接片两端膨大, 中间部位具有腮瓣状的凸缘, 大小为  $(21.5 \pm 4.7) \mu\text{m} \times (71.6 \pm 6.4) \mu\text{m}$  [ $(14.6 \sim 26.4 \mu\text{m}) \times (60.0 \sim 80.5 \mu\text{m})$ ,

$n = 17$ ]。腹中央大钩较背中央大钩大, 钩全长  $(50.0 \pm 3.5) \mu\text{m}$  ( $45.4 \sim 55.9 \mu\text{m}$ ), 钩基部长  $(48.4 \pm 2.1) \mu\text{m}$  ( $42.4 \sim 51.8 \mu\text{m}$ ), 钩尖长  $(19.6 \pm 0.9) \mu\text{m}$  ( $17.1 \sim 22.5 \mu\text{m}$ ) ( $n = 23$ )。腹连接片呈倒“V”字形, 两端膨大, 中间部位向前突出, 大小为  $(15.0 \pm 2.7) \mu\text{m} \times (60.1 \pm 7.6) \mu\text{m}$  [ $(11.0 \sim 17.5 \mu\text{m}) \times (56.6 \sim 75.6 \mu\text{m})$ ,  $n = 17$ ]。边缘小钩为锥形钩, 只见 6 对具明显的柄、钩尖及基突, 大小不一致, 长  $9 \sim 16 \mu\text{m}$  ( $n = 11$ )。交接器由交接管与支持器两部分组成。交接管稍弯曲, 全长  $(40.2 \pm 2.1) \mu\text{m}$  ( $36.5 \sim 43.0 \mu\text{m}$ ), 支持器近端与交接管基部相连, 远端稍弯折并有指状的突起, 支持器大小为  $(38.5 \pm 2.6) \mu\text{m}$  ( $34.6 \sim 42.1 \mu\text{m}$ ) ( $n = 21$ )。

宿主: 云斑鮰

寄生部位: 鳃部

采集地点及时间: 新疆巴楚县红海水库养殖场、乌鲁木齐市北园春市场; 2018 年 6 月至 2019 年 11 月。

形态描述(图 2): 虫体长  $(539.7 \pm 65.7) \mu\text{m}$  ( $403.8 \sim 644.8 \mu\text{m}$ ), 宽  $(127.9 \pm 29.6) \mu\text{m}$  ( $101.7 \sim 207.7 \mu\text{m}$ ) ( $n = 19$ )。眼点 2 对, 后对略大于前对。咽近似球形,  $(36.5 \pm 4.6) \mu\text{m} \times (39.5 \pm 4.4) \mu\text{m}$  [ $(30.2 \sim 47.2) \mu\text{m} \times (28.4 \sim 48.3) \mu\text{m}$ ,  $n = 11$ ]。虫体的后吸器与体前段区分明显, 后吸器长  $(80.1 \pm 13.9) \mu\text{m}$  ( $60.9 \sim 100.6 \mu\text{m}$ ), 宽  $(118.9 \pm 10.3) \mu\text{m}$  ( $98.7 \sim 140.8 \mu\text{m}$ ) ( $n = 14$ )。背中央大钩内外突分化不明显, 钩全长  $(44.1 \pm 4.6) \mu\text{m}$  ( $30.2 \sim 53.9 \mu\text{m}$ ), 勾基部长  $(40.1 \pm 4.0) \mu\text{m}$  ( $29.7 \sim 46.7 \mu\text{m}$ ), 勾尖长  $(13.8 \pm 1.1) \mu\text{m}$  ( $11.7 \sim 15.6 \mu\text{m}$ ) ( $n = 27$ )。背连接片略平直, 中间部位具有腮瓣状的凸缘, 大小为  $(14.1 \pm 2.3) \mu\text{m} \times (64.5 \pm 7.9) \mu\text{m}$  [ $(9.6 \sim 17.5) \mu\text{m} \times (42.2 \sim 76.8) \mu\text{m}$ ,  $n = 29$ ]。腹中央大钩较背中央大钩大, 钩全长  $(45.2 \pm 3.2) \mu\text{m}$  ( $37.9 \sim 52.1 \mu\text{m}$ ), 钩基部长  $(40.1 \pm 3.0) \mu\text{m}$  ( $34.4 \sim 43.3 \mu\text{m}$ ), 钩尖长  $(14.1 \pm 1.2) \mu\text{m}$  ( $11.3 \sim 16.8 \mu\text{m}$ ) ( $n = 27$ )。腹连接片呈倒“V”字形, 两端平直, 中间部位向前突出, 大小为  $(15.3 \pm 2.0) \mu\text{m} \times (56.3 \pm 5.0) \mu\text{m}$

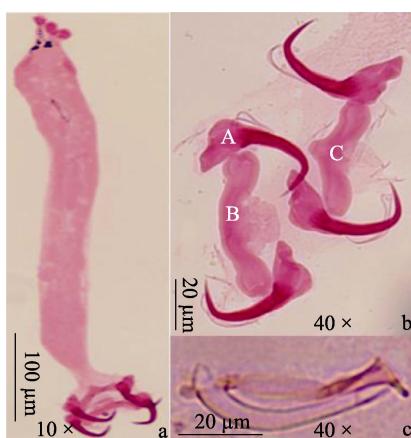


图 1 斑点叉尾鮰寄生普氏趋鮰虫形态

Fig. 1 Morphology of *Ictalurus punctatus* parasitic *Ligictaluridus pricei*

- a. 整体腹面观; b. 中央大钩 (A)、背连接片 (B)、腹联结片 (C);  
c. 交接器。  
a. Ventral view of the holotype; b. Anchor (A), dorsal bar (B), ventral bar (C); c. Copulatory organ.

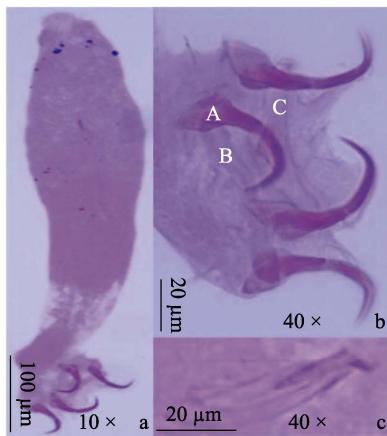


图 2 云斑鮰寄生普氏趋鮰虫形态

Fig. 2 Morphology of the parasitic *Ligictaluridus pricei* of *Ictalurus nebulosus*

- a. 整体腹面观; b. 中央大钩 (A)、背连接片 (B)、腹联结片 (C);  
c. 交接器。  
a. Ventral view of the holotype; b. Anchor (A), dorsal bar (B), ventral bar (C); c. Copulatory organ.

[ $(12.6 \sim 21.3) \mu\text{m} \times (54.3 \sim 59.6) \mu\text{m}$ ,  $n = 27$ ]。边缘小钩为锥形钩, 只见 7 对具明显的柄、钩尖及基突, 大小不一致, 长  $7 \sim 15 \mu\text{m}$ , 第 7 对

较小 ( $n = 16$ )。交接器由交接管与支持器两部分组成。交接管呈稍弯曲, 全长  $(32.8 \pm 3.2) \mu\text{m}$  ( $26.9 \sim 37.2 \mu\text{m}$ ), 支持器近端与交接基部相连, 远端稍弯折并有指状的突起, 支持器大小为  $(33.4 \pm 3.5) \mu\text{m}$  ( $27.7 \sim 40.3 \mu\text{m}$ ) ( $n = 22$ )。

本描述与国内外已记载的鮰科鱼类的普氏趋鮰虫进行比较 (Klassen et al. 1985, Mezelle et al. 1943, Prost 1973, Beverley-Burton 1984, 王文彬 2013) 其形态描述基本一致 (图 3), 但在量度上稍有差异, 具体量度比较结果见表 2。

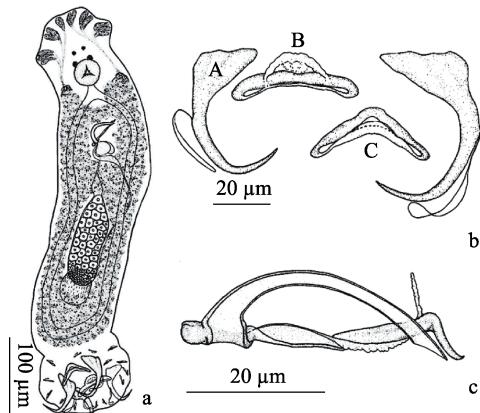


图 3 普氏趋鮰虫形态特征图

(引自 Klassen et al. 1985)

Fig. 3 Original morphology of *Ligictaluridus pricei* (form Klassen et al. 1985)

- a. 整体腹面观; b. 中央大钩 (A)、背连接片 (B)、腹联结片 (C);  
c. 交接器。  
a. Ventral view of the holotype; b. Anchor (A), dorsal bar (B), ventral bar (C); c. Copulatory organ.

## 2.2 序列测定与系统发育分析

将虫种序列分别命名为 *L. pricei* 1 (寄生斑点叉尾鮰虫种)、*L. pricei* 2 和 *L. pricei* 3 (寄生云斑鮰虫种), 所扩增的 28S rDNA 序列长度为 832/826/840 bp。Blast 比对 *L. pricei* 1 与 *L. pricei* 相似性为 98.61%, *L. pricei* 2、*L. pricei* 3 与 *L. pricei* 相似性均为 99.80%。

基于 28S rDNA 基因序列的遗传距离分析表明 (表 3), *L. pricei* 1 与 *L. pricei* 的遗传距离为 0.011, *L. pricei* 2、*L. pricei* 3 与 *L. pricei*

表 2 已报道的普氏趋鮰虫形态测量结果比较

Table 2 Comparisons of reported *Ligialituridus pricei* morphological measurements

宿主 Host	长鳍真鮰 <i>I. furcaetus</i>			云斑鮰 <i>I. nebulosus</i>			云斑鮰 <i>I. nebulosus</i>			新疆 <i>Xinjiang</i>			中国 China			
	美国 USA Klassen et al. 1985	美国 USA Mezelle 1943	波兰 Poland Prost 1973	加拿大 Canada Beverley-Burton 1984	怀化 Huaihua 王文彬等 2013	本研究 The research	云斑鮰 <i>I. punctatus</i>	云斑鮰 <i>I. punctatus</i>								
体长 Body length (μm)	620	520 (386 - 928)	380 - 780	510 (280 - 810)	793 (620 - 940)	539.7 ± 65.7 (403.8 - 644.8)	653 ± 23.3 (623 - 679)	620	520 (386 - 928)	380 - 780	510 (280 - 810)	793 (620 - 940)	539.7 ± 65.7 (403.8 - 644.8)	653 ± 23.3 (623 - 679)		
体宽 Greatest width (μm)	140	80 (57 - 114)	45 - 155	158 (70 - 405)	134 (110 - 160)	127.9 ± 29.6 (101.7 - 207.7)	129.1 ± 20.1 (96 - 138.5)	140	80 (57 - 114)	45 - 155	158 (70 - 405)	134 (110 - 160)	127.9 ± 29.6 (101.7 - 207.7)	129.1 ± 20.1 (96 - 138.5)		
咽直径 Pharynx width (μm)	40	30 (24 - 41)	17 - 37	36 (21 - 60)	36 (30 - 45)	36.5 ± 4.6 (28.4 - 43.8)	53.0 ± 12.7 (37 - 62)	40	30 (24 - 41)	17 - 37	36 (21 - 60)	36 (30 - 45)	36.5 ± 4.6 (28.4 - 43.8)	53.0 ± 12.7 (37 - 62)		
后吸器长 Opisthaptor length (μm)	—	76 (50 - 107)	68 - 107	88 (69 - 126)	84 (75 - 100)	80.1 ± 13.9 (60.9 - 100.6)	98.0 ± 18.6 (73.4 - 121.1)	—	76 (50 - 107)	68 - 107	88 (69 - 126)	84 (75 - 100)	80.1 ± 13.9 (60.9 - 100.6)	98.0 ± 18.6 (73.4 - 121.1)		
后吸器宽 Opisthaptor width (μm)	—	69 (43 - 100)	58 - 130	113 (88 - 161)	108 (90 - 150)	118.9 ± 10.3 (98.7 - 140.8)	120.5 ± 14.3 (79 - 136)	—	69 (43 - 100)	58 - 130	113 (88 - 161)	108 (90 - 150)	118.9 ± 10.3 (98.7 - 140.8)	120.5 ± 14.3 (79 - 136)		
背中央大钩 Dorsal bar																
全长 Total length (μm)	48	48 (35 - 74)	37 - 46	41 (38 - 45)	46 (45 - 48)	44.1 ± 4.6 (30.2 - 53.9)	49.5 ± 3.4 (46 - 53.6)	—	48 (35 - 74)	37 - 46	41 (38 - 45)	46 (45 - 48)	44.1 ± 4.6 (30.2 - 53.9)	49.5 ± 3.4 (46 - 53.6)		
基部长 Shaft length (μm)	—	—	—	40 (34 - 43)	42 (39 - 43)	40.1 ± 4.0 (29.7 - 46.7)	47.8 ± 2.6 (43.3 - 51.9)	—	—	—	40 (34 - 43)	42 (39 - 43)	40.1 ± 4.0 (29.7 - 46.7)	47.8 ± 2.6 (43.3 - 51.9)		
内突长 Inner root length (μm)	—	—	—	11 (9 - 13)	13 (10 - 15)	—	—	—	—	—	11 (9 - 13)	13 (10 - 15)	—	—		
外突长 Outer root length (μm)	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—		
钩尖长 Point length (μm)	—	—	—	14 (13 - 17)	16 (14 - 19)	13.8 ± 1.1 (11.7 - 15.6)	18.7 ± 2.3 (15.9 - 21.3)	—	—	—	14 (13 - 17)	16 (14 - 19)	13.8 ± 1.1 (11.7 - 15.6)	18.7 ± 2.3 (15.9 - 21.3)		
腹中央大钩 Ventral bar																
全长 Total length (μm)	48	44 (34 - 54)	42 - 49	44 (41 - 48)	49 (47 - 51)	45.2 ± 3.2 (37.9 - 52.1)	50 ± 3.5 (45.4 - 55.9)	—	44 (34 - 54)	42 - 49	44 (41 - 48)	49 (47 - 51)	45.2 ± 3.2 (37.9 - 52.1)	50 ± 3.5 (45.4 - 55.9)		
基部长 Shaft length (μm)	—	—	—	43 (38 - 47)	46 (44 - 48)	40.1 ± 3.0 (34.4 - 43.3)	48.4 ± 2.1 (42.4 - 51.8)	—	—	—	43 (38 - 47)	46 (44 - 48)	40.1 ± 3.0 (34.4 - 43.3)	48.4 ± 2.1 (42.4 - 51.8)		
内突长 Inner root length (μm)	—	—	—	11 (10 - 16)	13 (9 - 15)	—	—	—	—	—	11 (10 - 16)	13 (9 - 15)	—	—		
外突长 Outer root length (μm)	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	14 (10 - 16)	16 (15 - 18)	14.1 ± 1.2 (11.3 - 16.8)	19.6 ± 0.9 (17.1 - 22.5)		
钩尖长 Point length (μm)	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	13 - 18	13 - 19	14 - 16	10 - 17		
边缘小钩 Marginal hook (μm)	16	13 - 18	15 - 18	9 (7 - 17)	13 (12 - 17)	14.1 ± 2.3 (9.6 - 17.5)	21.5 ± 4.7 (14.6 - 26.4)	—	13 - 18	15 - 18	9 (7 - 17)	13 (12 - 17)	14.1 ± 2.3 (9.6 - 17.5)	21.5 ± 4.7 (14.6 - 26.4)		
背联结片长 Dorsal bar length (μm)	—	—	—	4 - 5	5 (43 - 56)	51 (43 - 56)	64.5 ± 7.9 (42.2 - 76.8)	71.6 ± 6.4 (60.0 - 80.5)	—	—	—	5 (43 - 56)	51 (43 - 56)	64.5 ± 7.9 (42.2 - 76.8)	71.6 ± 6.4 (60.0 - 80.5)	
背联结片宽 Dorsal bar width (μm)	58	45 (29 - 52)	41 - 58	8 - 9	12 (7 - 23)	9 (7 - 13)	15.3 ± 2.0 (12.6 - 21.3)	15.0 ± 2.7 (11.0 - 17.5)	—	45 (29 - 52)	41 - 58	8 - 9	12 (7 - 23)	9 (7 - 13)	15.3 ± 2.0 (12.6 - 21.3)	15.0 ± 2.7 (11.0 - 17.5)
腹联结片长 Ventral bar length (μm)	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	52 (47 - 55)	56.3 ± 5.0 (49.7 - 59.6)	60.1 ± 7.6 (56.6 - 75.6)	60.1 ± 7.6 (56.6 - 75.6)		
腹联结片宽 Ventral bar width (μm)	50	42 (28 - 47)	38 - 48	47 (40 - 52)	30 (23 - 37)	40 (37.5 - 43)	33.4 ± 3.5 (27.7 - 40.3)	38.5 ± 2.6 (34.6 - 42.1)	—	42 (28 - 47)	38 - 48	47 (40 - 52)	30 (23 - 37)	33.4 ± 3.5 (27.7 - 40.3)	38.5 ± 2.6 (34.6 - 42.1)	
支持器 Accessory piece (μm)	—	32 (22 - 55)	—	—	—	—	—	—	—	32 (22 - 55)	34 (25 - 54)	30 - 33	33 (24 - 41)	34 (30 - 38)	32.8 ± 3.2 (26.9 - 37.2)	40.2 ± 2.1 (36.5 - 43.0)
交接管 Copulatory tube (μm)	37	34 (25 - 54)	30 - 33	33 (24 - 41)	34 (30 - 38)	—	—	—	—	34 (25 - 54)	30 - 33	33 (24 - 41)	34 (30 - 38)	32.8 ± 3.2 (26.9 - 37.2)	40.2 ± 2.1 (36.5 - 43.0)	

统计模式: 平均值 ± 标准差 (最小值 - 最大值); —, 无描述或无数据。Statistic mode: Mean ± SD (Min - Max); —, No description or data.

表 3 28S rDNA 序列的遗传距离

Table 3 The pairwise genetic distance in 28SrDNA sequence

续表3

GenBank 虫种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29					
18 KF676629 海鲇血腮 虫 <i>H. ari</i>	0.465	0.502	0.525	0.555	0.571	0.575	0.666	0.653	0.655	0.725	0.562	0.582	0.655	0.655	0.630	0.511	0.521																	
19 MG586873 <i>H. bagre</i> 虫 <i>H. thalassini</i>	0.558	0.575	0.563	0.602	0.641	0.643	0.673	0.643	0.646	0.762	0.620	0.654	0.696	0.696	0.695	0.572	0.583	0.150																
20 KF676631 旗鱼血腮 虫 <i>H. thalassini</i>	0.520	0.483	0.526	0.550	0.630	0.621	0.674	0.660	0.671	0.713	0.523	0.598	0.669	0.669	0.645	0.501	0.511	0.083	0.166															
21 EF100541 黄颡四端 虫 <i>B. pseudobagrei</i>	0.404	0.571	0.511	0.557	0.578	0.574	0.524	0.547	0.536	0.600	0.533	0.581	0.702	0.702	0.600	0.578	0.586	0.450	0.496	0.453														
22 KX812436 黄颡伪锚 盖虫 <i>P. gggi</i>	0.411	0.558	0.532	0.549	0.630	0.597	0.650	0.644	0.657	0.672	0.622	0.744	0.750	0.750	0.792	0.542	0.531	0.456	0.528	0.455	0.430													
23 MH094192 奇异撒氏 虫 <i>T. varicus</i>	0.439	0.586	0.534	0.637	0.614	0.626	0.632	0.641	0.665	0.658	0.568	0.721	0.738	0.738	0.703	0.657	0.651	0.464	0.557	0.514	0.417	0.381												
24 MH213065 大茎撒氏 虫 <i>T. magnicirrus</i>	0.435	0.539	0.525	0.593	0.664	0.655	0.601	0.599	0.621	0.652	0.586	0.748	0.740	0.740	0.710	0.611	0.613	0.500	0.569	0.512	0.419	0.336	0.097											
25 MG601547 凶恶撒氏 虫 <i>T. varicus</i>	0.413	0.571	0.536	0.605	0.700	0.706	0.620	0.604	0.619	0.678	0.576	0.743	0.693	0.693	0.713	0.609	0.610	0.474	0.537	0.503	0.421	0.361	0.099	0.043										
26 A1969939 普氏趋鮰虫 <i>L. pricei</i>	0.557	0.445	0.494	0.482	0.543	0.532	0.495	0.498	0.495	0.544	0.567	0.610	0.578	0.578	0.628	0.081	0.078	0.622	0.684	0.620	0.575	0.624	0.727	0.669	0.651									
27 普氏趋鮰虫 <i>L. pricei</i> 2	0.547	0.437	0.485	0.474	0.533	0.523	0.487	0.489	0.486	0.534	0.557	0.600	0.568	0.568	0.617	0.083	0.080	0.625	0.687	0.623	0.564	0.612	0.713	0.657	0.639	0.002								
28 普氏趋鮰虫 <i>L. pricei</i> 3	0.547	0.437	0.485	0.474	0.533	0.523	0.487	0.489	0.486	0.534	0.557	0.600	0.568	0.568	0.617	0.083	0.080	0.625	0.687	0.623	0.564	0.612	0.713	0.657	0.639	0.002	0.000							
29 普氏趋鮰虫 <i>L. pricei</i> 1	0.541	0.447	0.485	0.474	0.546	0.516	0.498	0.489	0.486	0.547	0.557	0.586	0.568	0.568	0.604	0.090	0.087	0.604	0.664	0.609	0.551	0.620	0.722	0.665	0.646	0.011	0.009	0.009						
30 KJ524572 小林三代虫 <i>G. kohayashii</i>	4.225	2.948	3.001	3.554	3.647	3.416	3.722	4.230	4.357	4.099	5.027	5.588	5.497	5.497	4.411	3.412	3.502	4.404	4.054	4.264	3.889	4.947	4.388	3.494	3.688	3.518	3.633	3.633	3.731					

的遗传距离都为 0.002, *L. pricei* 1 与 *L. pricei* 2、*L. pricei* 3 的遗传距离都为 0.009。*L. pricei* 2 与 *L. pricei* 3 的遗传距离小于 0.001, 不同样本间的遗传距离非常小。各属间的遗传距离为 0.043 ~ 0.727, 本研究描述的趋鮰虫属与锚首虫属间遗传距离最近, 为 0.078; 与撒氏虫属遗传距离

最远, 为 0.727。

根据 28S rDNA 序列用最大似然法建树显示(图 4), 进化树分为 4 大支。其中具带虫属 (*Ligophorus*)、嗜丽鱼虫属 (*Cichlidogyrus*)、宽海盘虫属 (*Euryhaliotrema*)、海盘虫属 (*Haliotrema*)、嗜石鲈虫属 (*Bravohollisia*)

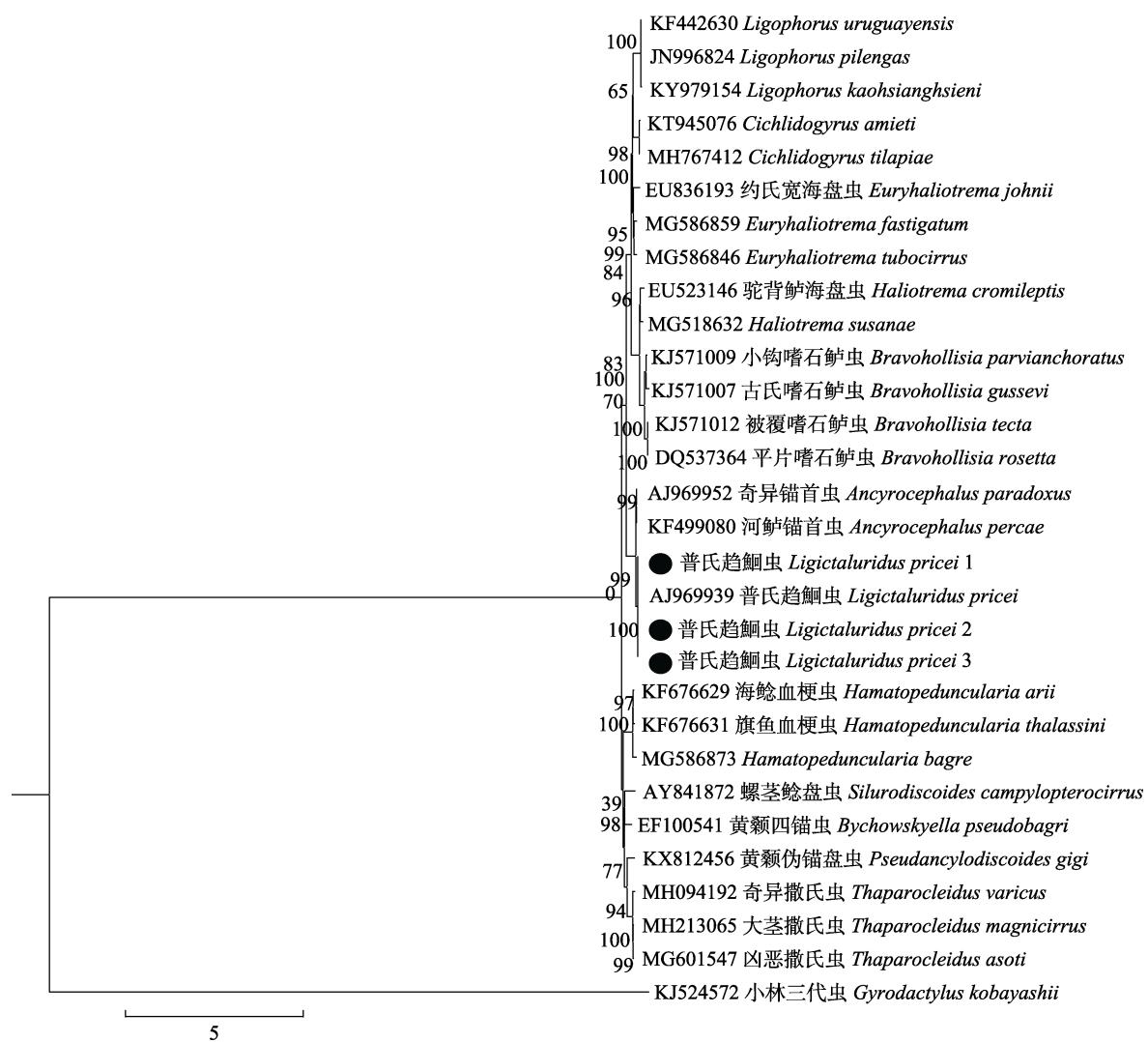


图 4 基于最大似然法构建的 28S rDNA 系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree based on 28S rDNA sequences by Maximum likelihood

分支上的数字为 1 000 次重复抽样的自检值。图中标尺表示序列之间差异。图中标注的●*Ligictaluridus pricei* 1 指寄生斑点叉尾鮰虫种; ●*Ligictaluridus pricei* 2、●*Ligictaluridus pricei* 3 指寄生云斑鮰虫种。

Numbers at the nodes indicate bootstrap values with 1 000 replicates. The scale in the figure indicates the difference between the sequence. Marked in the figure ●*Ligictaluridus pricei* 1 (parasitic *I. punctatus* species), ●*Ligictaluridus pricei* 2, ●*Ligictaluridus pricei* 3 (parasitic *I. nebulosus* species).

聚为一大支; 血梗虫属 (*Hamatopeduncularia*)、鮈盘虫属 (*Silurodiscoides*) 和四锚虫属 (*Bychowskyella*) 聚为一支; 伪锚盘虫属 (*Pseudancylodiscoides*) 和撒氏虫属

(*Thaparocleidus*) 聚为一支; 普氏趋鮈虫属 (*Ligictaluridus*) 与锚首虫属 (*Ancyrocephalus*) 聚为一支。而基于 28S rDNA 序列用贝叶斯法建树显示(图 5), 进化树同样分为 4 大支。但

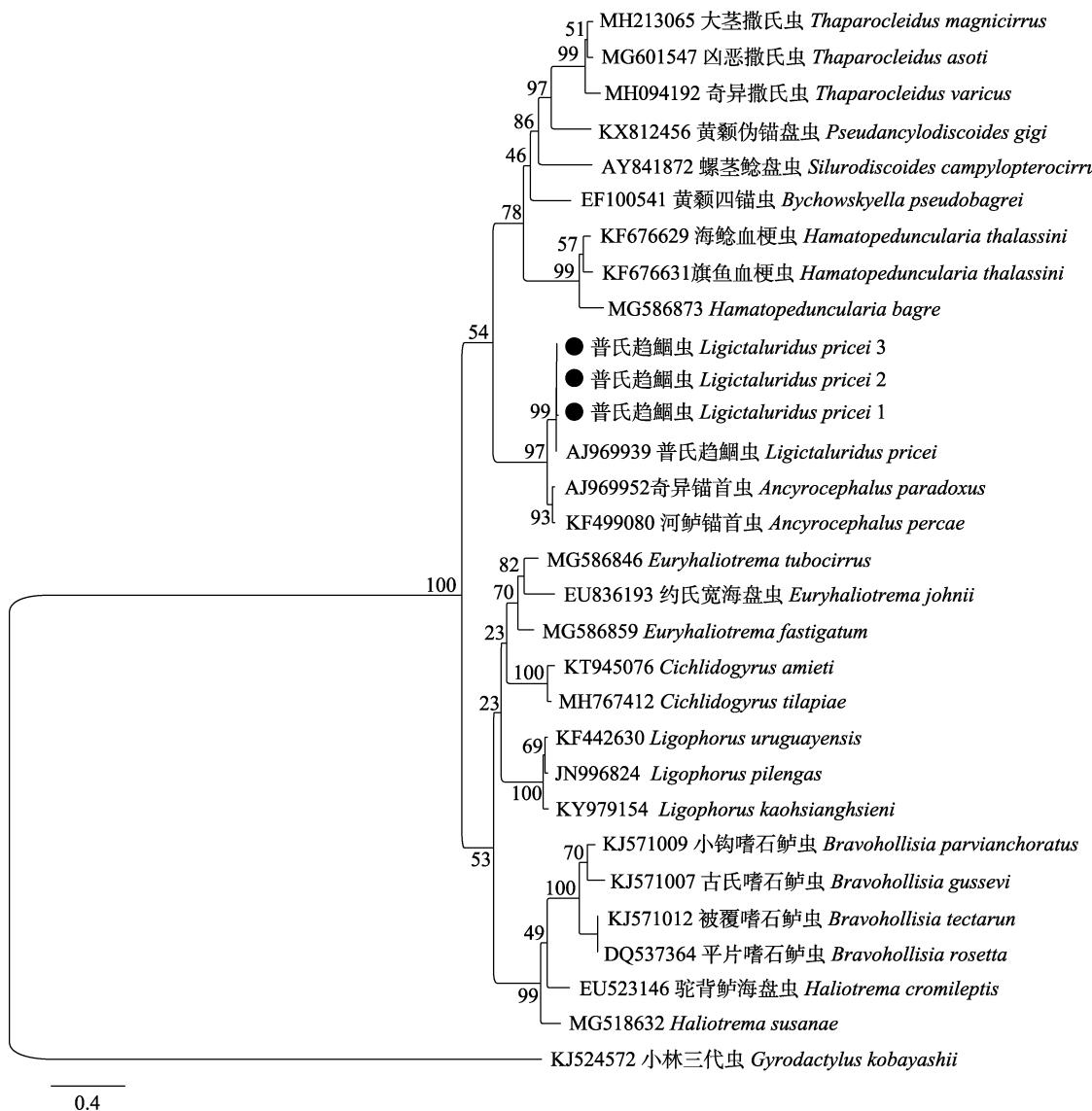


图 5 基于贝叶斯法构建的 28S rDNA 系统发育树

Fig. 5 Phylogenetic tree based on 28S rDNA sequences by Bayesian inference (b) analysis

分支上的数字为 1 000 次重复抽样的自检值。图中尺表示序列之间差异。图中标注的● *Ligictaluridus pricei* 1 指寄生斑点叉尾鮈虫种; ● *Ligictaluridus pricei* 2、● *Ligictaluridus pricei* 3 指寄生云斑鮈虫种。

Numbers at the nodes indicate bootstrap values with 1 000 replicates. The scale in the figure indicates the difference between the sequence. Marked in the figure ● *Ligictaluridus pricei* 1 (parasitic *I. punctatus* species), ● *Ligictaluridus pricei* 2, ● *Ligictaluridus pricei* 3 (parasitic *I. nebulosus* species).

撒氏虫属、伪锚盘虫属、鮀盘虫属、四锚虫属、血梗虫属聚为一支；宽海盘虫属、嗜丽鱼虫属、具带虫属聚为一支；嗜石鲈虫属、海盘虫属聚为一支；普氏趋鮀虫属与锚首虫属聚为一支。两种进化树中 *L. pricei* 1 (寄生斑点叉尾鮀虫种) 和 *L. pricei* 2、*L. pricei* 3 (寄生云斑鮀虫种) 都与普氏趋鮀虫属聚为一支，置信度为 99，拓扑结构较为稳定，再与锚首虫属的虫种聚为一小分支，说明与锚首虫属的属间亲缘关系最近。与遗传距离分析结果一致。

### 3 讨论

本研究发现的寄生于斑点叉尾鮀与云斑鮀的虫体与国内外已记载的普氏趋鮀虫形态基本一致。形态学研究结果显示，斑点叉尾鮀寄生的普氏趋鮀虫虫体较大，背连接片两端稍有内弯且膨大外翻，中间部位具有腮瓣状的凸缘，腹连接片肥大呈倒“V”字形，两端膨大，中间部位向前突出；云斑鮀寄生的普氏趋鮀虫虫体较小，背连接片较为平直，中间部位具有鳃瓣状的凸缘，腹连接片呈平直的倒“V”字形，中间部位向前突出。Beverley-Burton (1984) 认为，普氏趋鮀虫的背腹连接片形态以及大小的变化是由于盖滑压力不同所致，但是，这种可变性的程度和原因以前没有进行过调查。本研究发现，普氏趋鮀虫连接片的不同可能跟其宿主不同有关，其次可能与采集地点及环境等差异有关。因此，趋鮀虫属的背腹连接片数据，不适合作为物种分类的重要标准。

对于所有单殖吸虫而言，其几丁质结构都被认为是形态学研究中最可靠的分类特征，锚首虫亦是如此。但在实际物种分类过程中，水温、宿主个体大小及宿主分布等因素都会影响虫体的形态特征。故有学者提出，因为形态学特征的可变异性，在锚首虫物种的分类鉴定中使用形态学和生物统计学特征不是非常可靠的 (Lambert 1977)。我们选用 28S rDNA 利用以 PCR 和序列分析为基础的分子分类学方法，从分子水平对普氏趋鮀虫进行亲缘关系探讨和系

统进化分析，可有效避免虫体形态改变和显微镜观察带来的误差。基于 28S rDNA 序列的系统发育分析结果显示，两种宿主的虫种都和普氏趋鮀虫聚为一支，其置信度都为 100。在遗传矩阵中两个虫种与普氏趋鮀虫的种间距离在 0.000 ~ 0.002 之间。说明两种鮀科鱼类感染同种虫体。

近年来，越来越多的鱼类被大量引入我国。此次在新疆首次发现趋鮀虫，斑点叉尾鮀和云斑鮀都为外来引进鱼类，寄生的单殖吸虫应当也是同时被引入，这些鱼种如果被投放到自然流域有可能会感染到我国其他鱼种，对其造成一定的威胁。根据研究结果显示，由于引进鱼类的单殖吸虫感染率较高 (Guilherme 2019)，建议所有进口的鱼类进行隔离检查和相应的对症治疗。进口的寄生单殖吸虫鱼类不仅会给养殖户造成成本损失，而且也能够改变和影响被引入地鱼类的寄生虫区系。

### 参 考 文 献

- Beverley-Burton M. 1984. Monogenea and Turbellaria // Margolis L, Kabota Z. Guide to the Parasites of Fishes of Canada. Charlottesville: Canadian Journal of Fisheries & Aquatic Sciences, 5–209.
- Beverley-Burton M, Suriano D M. 1980. *Haplocleidus dispar* (mueller, 1936) and *Pterocleidus acer* (mueller, 1936) (Monogenea: Ancyrocephalinae) from *Lepomis gibbosus* L. (Pisces: Centrarchidae) in Ontario, Canada: anatomy and systematic position. Canadian Journal of Zoology, 58(4): 661–669.
- Cognetti, Martiisi L. 1924. Nuovo Gyrodactylide parassita nella cavità olfattiva di *Amiurus catus* L. Bulletin Society Nature, 16(2): 76–81.
- Jin J Q, Sun Y B. 2018. AutoSeqMan: batch assembly of contigs for Sanger sequences. Zoological Research, 39(2): 123–126.
- Klassen G J, Beverley-Burton M. 1985. *Ligictaluridus* Beverley-Burton, 1984 (Monogenea: Ancyrocephalidae) from catfishes (Siluriformes: Ictaluridae) in North America with redescriptions of the type species, *ligictaluridus pricei* (Mueller, 1936), and three others. Canadian Journal of Zoology, 63(3): 715–727.
- Koichiro T, Glen S, Daniel P, et al. 2013. MEGA6: Molecular

- Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Molecular Biology and Evolution, 30(12): 12.
- Lambert A. 1977. The oncomiracidium of *Ancyrocephalus paradoxus* Creplin, 1839 (Monogenea, Monopisthocotylea), parasite of *Sander lucioperca* (Teleostei, Percidae). Annales de Parasitologie Humaine et Comparee, 52(5): 493–505.
- Leis E, Easy R, MacLean L, et al. 2018. *Ligictaluridus michaelalicea* n. sp. (Monogenea: Dactylogyridae) from flathead catfish (*Pylodictis olivaris*) in the upper Mississippi River, including remarks on taxonomy influencing monogenean treatment regulation in the United States. Parasitology Research, 117(30): 825–830.
- Mizelle J D, Cronin J P. 1943. Studies on monogenetic trematodes. X. Gill parasites from Reelfoot Lake fishes. American Midland Naturalist, 30(1): 196–222.
- Mueller J F. 1936. New Gyrodactyloid trematodes from North American fishes. Transactions of the American Microscopical Society, 55(4): 457–464.
- Mueller J F. 1937. Further Studies on North American Gyrodactyloidea. American Midland Naturalist, 18(2): 207.
- Nakamura T, Yamada K D, Tomii K, et al. 2018. Parallelization of MAFFT for large-scale multiple sequence alignments. Bioinformatics, 34(14): 14.
- Nasser H, Bernard M, Jean-Pierre B. 1984. The complete nucleotide sequence of mouse 28S rRNA gene. Implications for the process of size increase of the large subunit rRNA in higher eukaryotes. Nucleic Acids Research, 12(8): 3563.
- Posada D, Crandall K A. 1998. Model test: testing the model of DNA substitution. Bioinformatics 14(9), 817–818.
- Price C E, Mura A. 1969. The proposed synonymy of the monogenean genera *Cleidodiscus* Mueller, 1934 and *Urodeidus* Mueller, 1934, with the proposal of *Cleidodiscus bychowskyi* sp.n. Proceedings of the Helminthological Society of Washington, 36(1): 52–55.
- Prost M. 1973. Fish Monogenoidea of Poland. III. Parasites of *Ictalurus nebulosus* (Lesueur). Revision of genera *Cleidodiscus* Mueller, 1934 and *Urocleidus* Mueller, 1934. Acta Parasitologica Polonica, 21(3): 315–326.
- Ronquist F, Huelsenbeck J P. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics, 19(12): 1572–1574.
- Ronquist F, Teslenko M, Mark P, et al. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. Systematic Biology, 61(3):539–542.
- Wheeler T A, Beverley-Burton M. 1989. Systematics of *Onchocleidus* Mueller, 1936 (Monogenea: Ancyrocephalidae. Canadian Journal of Zoology, 67(3): 706–713.
- Guilherme G S. 2019. 利用本地和侵入胎生鱼类 (Poeciliidae, Teleostei) 进行城市河流污染的综合生物学评估. 杨凌: 西北农林科技大学硕士学位论文.
- 王加鹏. 2019. 斑点叉尾鮰养殖管理要点. 科学养鱼, (2): 37–38.
- 王文彬, 唐琳, 刘良国. 2013. 斑点叉尾鮰寄生单殖吸虫中国一新纪录属 (锚首虫科). 华南师范大学学报: 自然科学版, 45(2): 87–89.
- 吴宝华, 郎所, 王伟俊, 等. 2000. 中国动物志: 扁形动物门: 单殖吸虫纲. 北京: 科学出版社, 54–624.
- 伍惠生. 1980. 聚乙烯醇封固鱼类寄生虫和小型节肢动物的方法. 动物学杂志, 15(1): 54–55
- 钟立强, 王明华, 陈校辉, 等. 2018. 世界斑点叉尾鮰产业近况 II: 中国斑点叉尾鮰产业发展与展望. 水产养殖, 39(9): 7–11.