

截获泰国两种滑刃属线虫的记述

李旻^① 周绍芳^① 周剑^② 雷屈文^① 杨艳^① 张晔^③ 杜宇^{①*}

① 昆明海关技术中心 昆明 650228; ② 思茅海关 普洱 665099; ③ 昆明长水机场海关 昆明 650211

摘要: 本文描述了从泰国进境的束花凤梨 (*Tillandsia fasciculata*) 植株和万代兰 (*Vanda subconcolor*) 根系中检疫截获的两种滑刃属 (*Aphelenchoides*) 线虫。为明确其分类地位, 本研究从形态学和分子生物学两个方面对其进行了系统鉴定。形态观察结果表明, 泰国束花凤梨滑刃线虫种群的形态特征与原始描述的假古氏滑刃线虫 (*A. pseudogoodeyi*) 美国佛罗里达草莓 (*Fragaria × ananassa*) 种群高度相似, 仅体长与虫体最前端至食道-肠交接处长度的比值 (*b* 值) 存在差异, 其余测计值均重叠。泰国万代兰滑刃线虫种群的形态特征与原始描述的苜蓿滑刃线虫 (*A. medicagus*) 美国苜蓿 (*Medicago sativa*) 种群高度相似, 仅雌虫体长与尾长的比值 (*c* 值) 存在差异, 其余测计值均相互重叠。基于近全长的 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区序列构建了贝叶斯系统发育树。分析显示, 在 18S rDNA 贝叶斯系统发育树中, 泰国束花凤梨滑刃线虫种群与其他已报道的假古氏滑刃线虫几个种群聚在很高置信度的独立分支上 (后验概率值为 1.00), 而在 28S rDNA 贝叶斯系统发育树中, 所有假古氏滑刃线虫种群聚在较高置信度的独立分支上 (后验概率值为 0.98)。泰国万代兰滑刃线虫种群与苜蓿滑刃线虫种群在 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区贝叶斯系统发育树中, 均聚为高置信度的独立分支 (后验概率值均为 1.00)。综合形态学和分子生物学证据, 确定泰国束花凤梨滑刃线虫种群为假古氏滑刃线虫, 而万代兰滑刃线虫种群为苜蓿滑刃线虫。这两种线虫均为泰国地理分布新记录种, 同时束花凤梨和万代兰也分别是这两种线虫的新寄主记录种。本研究丰富了我们对于滑刃属线虫生态、地理以及寄主范围等方面的认识, 同时也为针对从泰国进境植物制定有效的植物保护和植物检疫措施提供了科学依据。

关键词: 假古氏滑刃线虫; 苜蓿滑刃线虫; 形态特征; 分子生物学特征; 地理和寄主新记录

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2025) 03-399-15

Morphological and Molecular Characteristics of Two Intercepted *Aphelenchoides* Species From Thailand

LI Min^① ZHOU Shao-Fang^① ZHOU Jian^② LEI Qu-Wen^①
YANG Yan^① ZHANG Ye^③ DU Yu^{①*}

① Technology Center of Kunming Customs, Kunming 650228; ② Simao Customs, Puer 665099;

③ Kunming Changshui Airport Customs, Kunming 650211, China

Abstract: [Objectives] Two species of foliar nematodes were extracted from the leaves of *Tillandsia*

基金项目 中国海关总署应急科研项目 (No. 2018IK055), 昆明海关科研项目 (No. 2023KM005);

* 通讯作者, E-mail: dyciq1@163.com;

第一作者介绍 李旻, 女, 高级农艺师; 研究方向: 植物检疫; E-mail: beetfish@126.com.

收稿日期: 2024-07-08, 修回日期: 2025-01-23 DOI: 10.13859/j.cjz.202524159 CSTR: 32109.14.cjz.24159

fasciculata and the root rhizosphere of *Vanda subconcolor*, both of which were imported from Thailand, using a modified Baermann funnel technique. The taxonomic status of the two intercepted *Aphelenchoides* populations was determined through comprehensive morphological and molecular analyses. **[Methods]** For morphological analyses, nematode specimens were extracted, fixed, dehydrated and permanently mounted in anhydrous glycerin on glass slides. Specimens were photographed, measured and illustrated using a Leica DMi8 microscope. Morphometric measurements were carried out and analyzed in accordance with the de Man formula. For molecular analyses, genomic DNA was extracted from individual fresh nematodes. Two sets of universal primer pairs were employed for PCR amplification targeting both the 18S ribosomal DNA (rDNA) and the D2-D3 expansion segment of 28S rDNA. The resulting PCR products were subjected to separation, purification and sequencing. The newly obtained rDNA sequences were edited using DANMAN software package, compared against the NCBI database via BLAST, and subsequently deposited in the NCBI GenBank database. Phylogenetic analyses were conducted using a suite of bioinformatics tools: PhyloSuite v1.2.3 for extracting related species sequences and identifying the best-fit evolutionary model, MAFFT v7.313 for sequence alignment, MrBayes 3.2.7 for constructing Bayesian inference (BI) phylogenetic trees, and iTOL v6 for tree visualization. **[Results]** The population densities recovered from *T. fasciculata* and *V. subconcolor* were approximately 10 ind per 100 g leaves or roots, respectively. Both populations exhibited morphological similarities to *A. besseyi*, an economically significant plant-parasitic nematode characterized by a star-shaped tail tip and classified within the *Aphelenchoides* Group 3 as defined by Shahina (1996). Comparative morphological and morphometric analyses revealed that the nematode population from *T. fasciculata* closely resembled the *Fragaria* × *ananassa*-associated population of *A. pseudogoodeyi* from Florida, USA, exhibiting overlapping ranges for all morphometric data except the *b* ratio. Similarly, the nematode population from *V. subconcolor* demonstrated morphological characteristics consistent with the *Medicago sativa*-associated population of *A. medicagus* from the United States, with overlapping measurements for all parameters except the *c* ratios in females. Phylogenetic analyses based on 18S rDNA and the 28S D2-D3 rDNA sequences further demonstrated the distinct evolutionary relationships among the two *Aphelenchoides* populations. In the 18S BI tree, the population from *T. fasciculata* formed a well-supported independent subclade (posterior probability, PP = 1.00) with *A. pseudogoodeyi*, while in the 28S BI tree, it formed a moderately supported independent subclade (PP = 0.98). Concurrently, the population associated with *V. subconcolor* clustered robustly with *A. medicagus* in both the 18S and 28S BI trees, resulting in well supported independent subclades (PP = 1.00). **[Conclusion]** Based on an integrated analysis of morphological and molecular evidence, the nematode population derived from *T. fasciculata* was identified as *A. pseudogoodeyi*, whereas the population from *V. subconcolor* was identified as *A. medicagus*. Both of these nematode species represent new geographical records for Thailand, while *T. fasciculata* and *V. subconcolor* also serve as new host record species for the two nematodes, respectively. This study significantly enhances our understanding of the ecological characteristics, geographical distribution, and host range of *Aphelenchoides* nematodes. Furthermore, it offers a scientific foundation for formulating effective plant protection strategies and phytosanitary measures, aimed at mitigating risks associated with importation of plants from Thailand.

Key words: *Aphelenchoides pseudogoodeyi*; *A. medicagus*; Morphological characteristics; Molecular characteristics; New geographical and host records

近年来,随着我国园艺产业的蓬勃发展,人们对束花凤梨(*Tillandsia fasciculata*)、万代兰(*Vanda subconcolor*)和石斛(*Dentrobium hybrids*)等热带植物的需求明显增加,这些植物主要来源于泰国和印度尼西亚等国家,尽管这些进境植物通常不携带栽培介质,但仍存在传带危险性有害生物的风险。

近期,在对泰国进境的束花凤梨和万代兰送检样品进行实验室检测时,从束花凤梨植株和万代兰根系中分离出两种滑刃属(*Aphelenchoides*)线虫,在光学显微镜下观察,发现这两种线虫与重要植物寄生线虫贝西滑刃线虫(*A. besseyi*)相似,均具有星状尾尖突,属于 Shahina (1996) 定义的滑刃线虫属分组 3 (*Aphelenchoides* Group 3)。目前,该组线虫包含 29 种滑刃线虫(Oliveira et al. 2019, Subbotin et al. 2020)。进一步的形态学和分子生物学鉴定表明,泰国束花凤梨滑刃线虫种群为假古氏滑刃线虫(*A. pseudogoodeyi*),而万代兰滑刃线虫种群为苜蓿滑刃线虫(*A. medicagus*)。这两种线虫在输出国——泰国尚无相关文献报道,且假古氏滑刃线虫在束花凤梨上以及苜蓿滑刃线虫在万代兰上的发生均属首次报道。此外,这两种线虫均为昆明口岸在进境检疫中首次截获,其中,假古氏滑刃线虫更是我国全国进境检疫中的首次截获。

本文详细描述了这两种线虫的形态特征,并对其 18S rDNA 近全长序列和 28S rDNA D2-D3 区序列进行了分子分析。最后,从分类鉴定、地理分布和寄主范围等方面对这两种滑刃线虫进行了梳理。本研究丰富了对滑刃属线虫生态、地理以及寄主范围等方面的认识,同时也为针对从泰国进口植物制定有效的植物保护和植物检疫措施提供了科学依据。

1 材料与方法

送检进境的泰国束花凤梨和万代兰样品。

1.1 线虫的分离

采用改良贝尔曼漏斗法(谢辉 2005)分离

线虫。将整株几乎无根系的束花凤梨和万代兰气生根分别剪成小段,置于分离袋中。随后,将分离袋放入线虫分离器中,静置 24 h 以上。取约 10 ml 悬浮液于凹面皿中,在徕卡 M165 体视镜[徕卡显微系统(瑞士)有限公司,瑞士]下进行镜检。挑取形态近似的滑刃属线虫,转移至凹玻片上的无菌水中,洗涤 2 或 3 次。首先挑取出 4 条线虫用于单条线虫总 DNA 提取。随后,将凹玻片置于 80 °C 的水浴加热板上,静置 2~3 min,以温热方式杀死线虫。

1.2 线虫的形态鉴定

将温热杀死的数条线虫标本制作临时玻片,剩余标本用福尔马林甘油固定液(福尔马林、甘油与蒸馏水以体积 10:1:89 比例混合)固定 24 h 后,采用 Seinhorst (1959) 方法对线虫脱水处理,制作永久玻片。在徕卡 DMi8 光学显微镜[徕卡显微系统(瑞士)有限公司,瑞士]下分别进行形态观察、测计和拍照。形态测计采用 de Man 公式(de Man 1880)。对所获得的信息与相关文献(Wang et al. 2019, Oliveira et al. 2022)进行比较分析,初步确定线虫的分类地位。

1.3 线虫的分子生物学鉴定

单条线虫 DNA 提取方法参照方奎等(2024)。

基因片段的 PCR 扩增、产物检测和测序:线虫 DNA 进行 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区的 PCR 扩增反应。18S rDNA 扩增采用 2 对通用引物:分别是正向引物 988F 和反向引物 1912R (Medlin et al. 1988) 以及正向引物 1813F 和反向引物 2646R (White et al. 1990),反应条件和方法参照 Holterman 等(2006)。28S rDNA D2-D3 区扩增采用正向引物 D2A 和反向引物 D3B (Nunn 1992),反应条件和方法参照 de Ley 等(1999)。取 4 μ l 的 PCR 扩增产物,经花青素染色后,通过 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳进行分离,30 min 后观察结果,获得有目标条带的 PCR 产物(18S rDNA 长度为 1 000 bp, 28S rDNA D2-D3 区长度为 800 bp)后,将其送至昆明生

工生物工程技术有限公司进行纯化、克隆和测序, 以获得基因序列。

使用 DNAMAN 软件对测序获得的双向序列进行拼接, 剔除测序结果两端的多余碱基后, 获得用于后续比对和系统进化分析的高质量序列。随后, 登陆 NCBI 网站中的 BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) 页面 (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 进行序列比对, 并将新获得的序列上传至 GenBank 数据库, 获得对应的序列登录号。

从 GenBank 下载相关滑刃线虫种群及其近似种的 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区序列, 将所选序列与本研究获得的序列导入 MEGA11 (Tamura et al. 2021), 采用 MUSCLE 算法 (默认设置) 进行多序列比对。基于 *p*-distance 模型计算所得序列及其近似类群之间的两两遗传距离 (pairwise distance)。在 PhyloSuite v1.2.3 (Zhang et al. 2020, Xiang et al. 2023) 中, 利用 ModelFinder V2.2.0 确定最适合的进化模型为 GTR + F + I + G4。

基于 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区序列, 引入广义时间可逆模型 (the general time-reversible model, GTR), 并结合考虑不变位点 (invariable sites, I) 的修正和伽马分布 (a gamma-shaped distribution, G) (即 GTR + I + G 模型), 使用 MrBayes 3.2.7a 软件 (Ronquist et al. 2012) 构建贝叶斯推断 (Bayesian inference, BI) 进化树。每个贝叶斯推断分析均针对各自的数据集, 在 4 条马尔科夫链 (Markov chain) 下独立运行, 其中包含 3 条热链和 1 条冷链, 总运行代数为 2×10^6 代。马尔科夫链每 1 000 代取样一次, 剔除前 25% 可能未达到稳态的样本, 保留剩余样本用于后续分析。基于多数一致 (50%) 原则, 对进化树中的相关类群赋予后验概率值 (posterior probabilities, PP)。最后, 利用 iTOLv6 (<http://itol.embl.de>) 对生成的进化树进行可视化查看和编辑。

2 结果

2.1 泰国两种滑刃线虫的形态鉴定

从剪碎的 300 g 束花凤梨植株和万代兰根系中, 分别分离出形态一致的滑刃线虫雌虫和幼虫, 在万代兰中还分离到雄虫, 共计约 30 条。经观察, 泰国两种滑刃线虫与贝西滑刃线虫相似, 具有星状尾尖突, 属于滑刃线虫属 3 组 (Shahina 1996)。经进一步的形态特征观察、拍照和测计后, 发现束花凤梨滑刃线虫种群与假古氏滑刃线虫 (Oliveira et al. 2019) 在形态特征上高度相似, 而万代兰滑刃线虫种群与苜蓿滑刃线虫 (Wang et al. 2019) 在形态特征上高度相似。

2.1.1 束花凤梨滑刃线虫种群的形态特征鉴定

(1) 测计值 将泰国束花凤梨滑刃线虫种群与原始文献描述的假古氏滑刃线虫美国佛罗里达草莓 (*Fragaria × ananassa*) 种群 (Oliveira et al. 2019) 进行测计值比较 (附录 1), 仅前者的体长与虫体最前端至食道-肠交接处长度的比值 (*b* 值, 6.1 ~ 7.9) 与后者的 *b* 值 (9.6 ~ 10.8) 差异较大, 其余各项测计值均呈现较高度度的相互重叠。基于此, 初步将泰国束花凤梨种群鉴定为假古氏滑刃线虫。

(2) 形态鉴别特征描述 雌虫 (图 1): 虫体细长, 温热杀死后通常向腹部微弯曲 (图 1a), 有时体直; 体环弱但清晰, 体中部宽约 1.2 μm , 侧区具侧线 4 条 (图 1e, i), 体中部侧区宽 3.2 ~ 4.5 μm ; 唇区半球形, 缢缩; 唇架骨化弱; 口针纤细, 针锥约占口针总长度的 41% 左右, 基部略膨大 (图 1d); 食道为典型的滑刃型, 中食道球卵圆形到圆形, 瓣门明显, 位于中食道球中间, 峡部窄, 神经环环绕峡部, 食道与肠交接处位于峡部之后, 距体前端 86.1 ~ 105.9 μm 处 (图 1d), 后食道腺叶形, 从背侧覆盖肠前端 (图 1b); 排泄孔位于神经环之后或同一水平处, 距体前端 76.8 ~ 95.4 μm (图 1c); 半月体和半月小体未见。单卵巢前伸, 不伸达食道腺, 卵母细胞呈不规则单行排

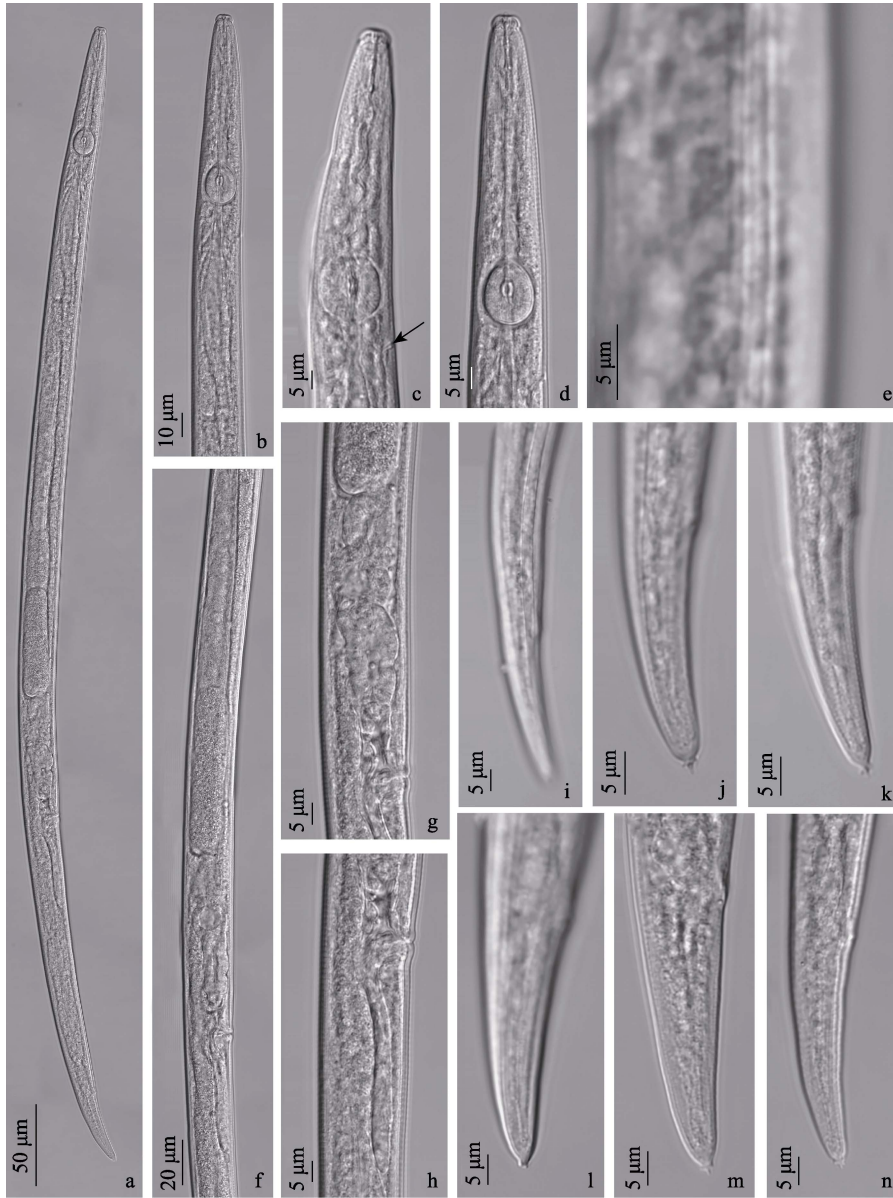


图 1 假古氏滑刃线虫泰国种群雌虫形态特征

Fig. 1 Morphological characteristics of female from Thailand population of *Aphelenchoides pseudogoodeyi*

a. 雌虫虫体; b. 食道区; c, d. 体前部, 排泄孔如箭头所示; e. 体中部侧区; f. 生殖腺; g. 子宫和受精囊; h. 阴门和后阴子宫囊; i. 体尾部侧区; j~n. 尾部。

a. Entire body; b. Pharyngeal region; c, d. Anterior body part, excretory pore indicated by arrow; e. Lateral field on mid-body; f. Gonad region; g. Uterine and spermatheca; h. Vulval region; i. Lateral field on tail region; j - n. Tail.

列 (图 1f); 卵巢连接输卵管, 输卵管与退化的受精囊连接, 有缢缩, 受精囊退化, 圆形到近圆形, 空无精子, 子宫发育良好 (图 1g); 阴门唇轻微突出, 阴门盖缺如; 后阴子宫囊细

长, 占肛阴距的 21.4%~45.4% (图 1h); 尾圆锥形, 端部具尾尖突, 3 或 4 个小刺突呈星状分布 (图 1j~n)。

雄虫: 未见。

2.1.2 万代兰滑刃线虫种群的形态特征鉴定

(1) 测计值 将泰国万代兰滑刃线虫种群与原始文献描述的首蓐滑刃线虫美国首蓐种群 (Wang et al. 2019) 进行测计值比较 (附录 2), 仅前者雌虫的体长与尾长的比值 (c 值, 14.4~16.3) 较后者的 c 值 (16.4~19.9) 小, 其余各项测计值均呈现较高度的相互重叠。基于此, 初步将泰国万代兰种群鉴定为首蓐滑刃线虫。

(2) 形态特征描述: 雌、雄和幼虫共 30 条, 雌雄比为 4:1。雌虫 (图 2a~i): 虫体细长, 温热杀死后通常向腹部微弯曲 (图 2a), 有时体直。体环弱, 侧区具侧线 4 条 (图 2e), 体中部侧区宽约 3.2 μm , 唇区半球形, 缢缩; 唇架骨化弱; 口针纤细, 针锥占口针总长度的 40% 左右, 基部略膨大 (图 2c)。食道为典型的滑刃型, 中食道球形到椭圆形, 瓣门明显, 位于中食道球中间位置; 峡部窄, 神经环环绕峡部; 食道与肠的交接处位于中食道球后与神经环之间, 或神经环之后 (图 2d), 距体前端 75.7~101.0 μm 。后食道腺叶形, 从背侧覆盖肠前端 (图 2b); 排泄孔通常位于神经环基部同一水平处或稍靠后 (图 2d)。单卵巢前伸, 不伸达食道腺, 卵母细胞在卵巢中部呈双行排列, 其余呈单行排列; 卵巢与输卵管相连, 输卵管与受精囊相连, 受精囊与子宫相连 (图 2g); 受精囊大, 长椭圆形, 充满圆形的精子 (图 2f); 子宫发育良好 (图 2f); 阴道有骨化结构, 阴门唇微凸出 (图 2f), 阴门盖缺如; 后阴子宫囊短, 占肛阴距的 11.8%~14.7%, 通常有精子 (图 2g); 直肠和肛门可见 (图 2i); 尾圆锥形, 向腹部微弯曲, 或直, 端部宽圆, 具尾尖突, 3 或 4 个小刺突呈星状 (图 2h, i)。

雄虫 (图 2j~n) 虫体前半部与雌虫近似, 圆柱形, 相较于雌虫, 雄虫虫体较小, 经温热杀死后, 虫体呈“J”型 (图 2j), 口针较短。精巢单个, 前伸, 约占体长的 40%~57%, 发育中的精母细胞呈多行排列 (图 2j); 交合刺光滑, 微腹弯, 典型的玫瑰刺型, 喙突和端突钝圆 (图 2l); 引带缺如。尾圆锥形, 具尾尖

突, 2 或 3 个小刺突呈星状 (图 2m, n)。泄殖腔区有 5 个乳突, 1 个泄殖腔口前腹中乳突 (图 2l), 位于泄殖腔口前 2~3 μm 处, 1 对亚腹侧乳突, 位于泄殖腔口前 1~2 μm 处; 1 对亚腹侧乳突位于尾中部 (图 2m)。交合伞缺如。

2.2 泰国两种滑刃线虫的分子鉴定

2.2.1 滑刃线虫束花凤梨种群 对该种群进行 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区片段的扩增和测序, 获得了 2 条 18S rDNA 序列, 长度分别为 1 635 bp (GenBank 登录号 PP159010) 和 1 619 bp (PP159011), 以及 3 条 28S rDNA D2-D3 区序列, 长度分别为 692 bp、656 bp 和 733 bp (PP171559~PP171561)。泰国束花凤梨滑刃线虫种群的 2 条 18S rDNA 序列, 在种内个体之间的差异为 0.19% (3/1 558), 与其他国家和地区报道的假古氏滑刃线虫种群之间的差异最小为 0.06% (泰国种群 PP159010 与巴西种群 KT692674, 1/1 558), 最大为 0.39% (泰国种群 PP159011 与巴西水稻上的种群 KT692681, 6/1 549); 与近似种福建滑刃线虫 (*A. fujianensis*, FJ520227) 的种间差异为 1.38% (PP159011 与 FJ520227, 22/1 558) 至 1.45% (PP159010 与 FJ520227, 23/1 558)。束花凤梨滑刃线虫种群内 28S rDNA D2-D3 区序列, 个体间的差异为 0%~1.38% (0/518~7/518); 与其他国家和地区报道的拟古氏滑刃线虫种群之间的差异最小为 0.19% (泰国种群 PP171560 与美国佛罗里达州种群 MK294343, 1/631), 最大为 3.02% (泰国种群 PP171560 和 PP171561 与巴西种群 KY123693, 19/631)。与近似种首蓐滑刃线虫 (美国种群 MH844701) 之间差异为 14.57% (泰国种群 PP171560 与 MH844701, 92/631)~15.45% (泰国种群 PP171559 与 MH844701, 97/631)。

2.2.2 滑刃线虫万代兰种群 对该种群进行 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区片段的扩增测序, 获得了 1 条长 1 639 bp 的 18S rDNA 序列 (PP159012) 和 1 条长 672 bp 的 28S rDNA D2-D3 区序列 (PP171562)。泰国万代兰种群的 18S

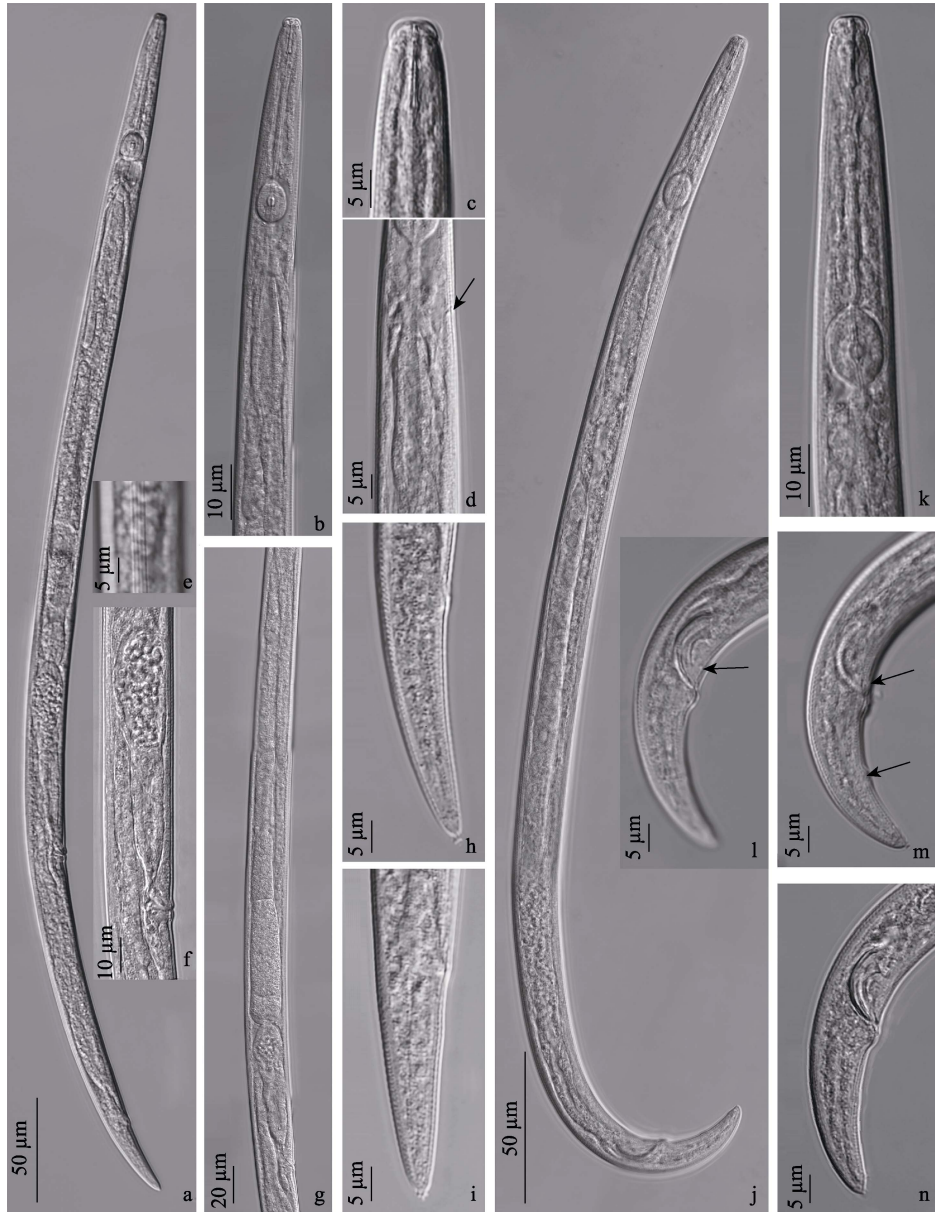


图 2 苜蓿滑刃线虫泰国种群形态特征

Fig. 2 Morphological characteristics of Thailand population of *Aphelenchoides medicagus*

a - i. 雌虫: a. 雌虫虫体; b. 食道区; c. 头区; d. 食道腺, 箭头示排泄孔; e. 侧区; f, g. 生殖腺; h, i. 尾部; j - n. 雄虫: j. 雄虫虫体; k. 前体部; l - n. 尾部, 箭头示尾乳突。

a - i. Female: a. Entire female body; b. Pharyngeal region; c. Head region; d. Pharyngeal glands, excretory pore indicated by arrow; e. Lateral field; f, g. Gonad region; h, i. Tail; j - n. Male: j. Entire male body; k. Anterior body region; l - n. Tail, caudal papillae indicated by arrows.

rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区序列分别与苜蓿滑刃线虫美国种群的 18S rDNA (MH844707) 和 28S rDNA D2-D3 区 (MH844701) 序列均完全相同, 种群间序列没有差异。

2.2.3 泰国两个滑刃线虫种群的系统发育分析 基于 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区序列, 采用贝叶斯方法分别构建了系统发育树。在 18S rDNA 系统发育树 (图 3) 中, 包

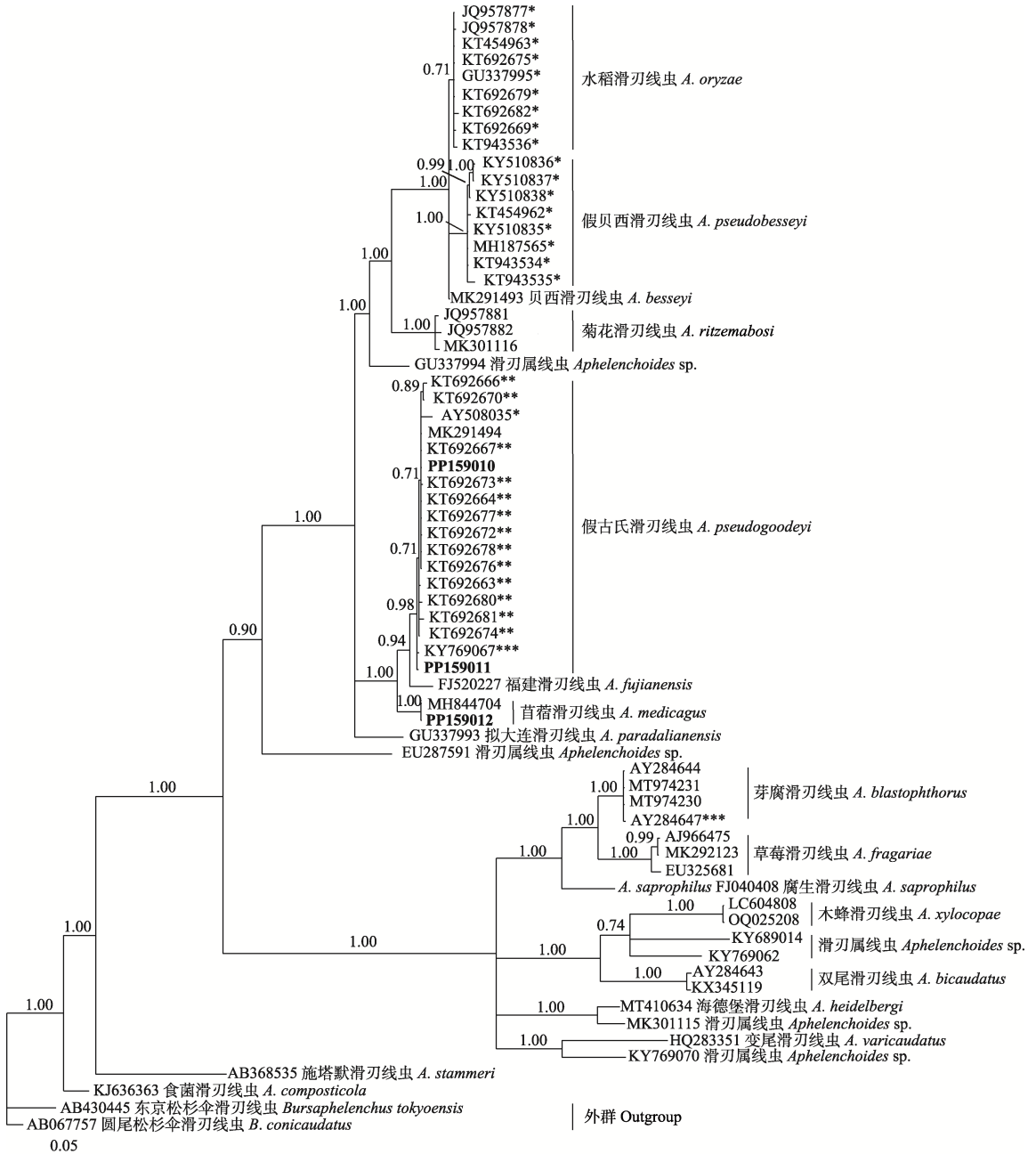


图 3 基于 18S rDNA 序列的滑刃属线虫贝叶斯系统发育树

Fig. 3 A Bayesian phylogenetic tree of *Aphelenchoides* species based on 18S rDNA sequences

基于近全长的 18S rDNA 序列比对，引入序列进化的广义可逆时间模型，并结合不变位点的修正和伽马分布（即 GTR + I + G 模型），推断了一个贝叶斯 50%多数规则共识树。树中相关分支的后验概率值（posterior probabilities, PP）大于 0.70。本文中新增获得的序列用粗体突出显示。比例尺表示每个位点的预期变异数。在 GenBank 中，*为假贝西滑刃线虫 *A. besseyi*，**为福建滑刃线虫 *A. fujianensis*，***为滑刃属线虫 *Aphelenchoides* sp.。

A Bayesian 50% majority-rule consensus tree was inferred from nearly full-length 18S rDNA sequences alignment using the general time-reversible model of the sequence evolution with a correction for invariable sites and a gamma-shaped distribution (GTR + I + G). Posterior probabilities greater than 0.70 are provided for relevant clades. Newly obtained sequences in this study are highlighted in bold. Scale bar indicates expected changes per site. * *A. besseyi*, ** *A. fujianensis*, *** *Aphelenchoides* sp. in GenBank.

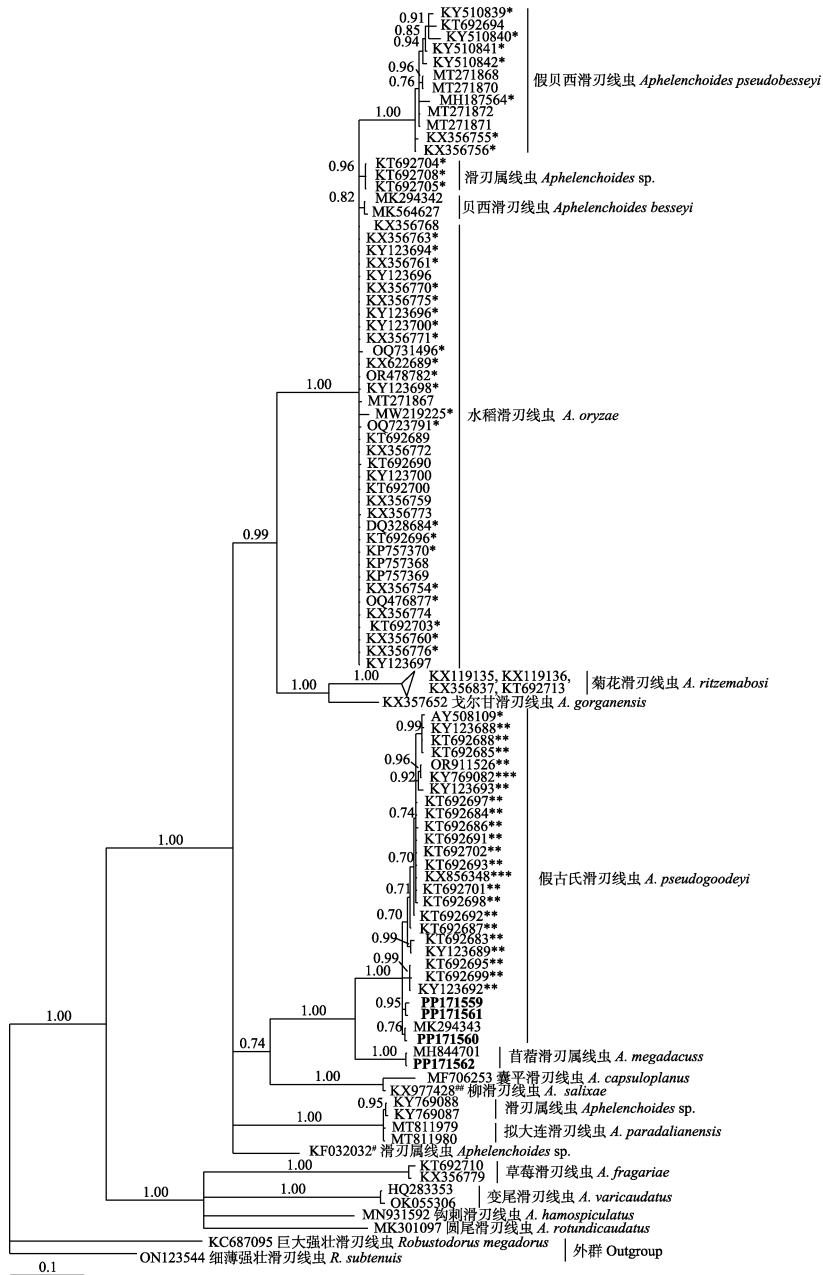


图 4 基于 28S rDNA D2-D3 区序列的滑刃属线虫贝叶斯系统发育树

Fig. 4 A Bayesian phylogenetic tree of *Aphelenchoides* species based on the D2-D3 expansion segment of the 28S rDNA sequences

基于近全长的 28S rDNA D2-D3 区序列比对引入序列进化的广义可逆时间模型，并结合不变位点的修正和伽马分布（即 GTR + I + G 模型），推断了一个贝叶斯 50%多数规则共识树。树中相关分支的后验概率值（posterior probabilities, PP）大于 0.70。本文中新增获得的序列以粗体突出显示。比例尺表示每个位点的预期变异数。在 GenBank 中，*为贝西滑刃线虫 *A. besseyi*，**为福建滑刃线虫 *A. fujianensis*，***为滑刃属线虫 *Aphelenchoides* sp.，#为真滑刃属线虫 *Aphelenchus* sp.，##为钝头滑刃线虫 *Aphelenchoides obtusus*。

A Bayesian 50% majority-rule consensus tree was inferred from the D2-D3 expansion segment of the 28S rDNA sequences alignment using the general time-reversible model of the sequence evolution with a correction for invariable sites and a gamma-shaped distribution (GTR + I + G). Posterior probabilities greater than 0.70 are provided for relevant clades. Newly obtained sequences in this study are highlighted in bold. Scale bar indicates expected changes per site. * *A. besseyi*, ** *A. fujianensis*, *** *Aphelenchoides* sp., # *Aphelenchus* sp., ## *A. obtusus* in GenBank.

含了 65 条滑刃属线虫的 18S rDNA 序列, 以及作为外群的东京松杉伞滑刃线虫 (*Bursaphelenchus tokyoensis*) 和圆尾松杉伞滑刃线虫 (*B. conicaudatus*) 的 2 条序列。每条序列长度均为 1 603 bp, 其中包括 442 个有效信息位点 (parsimony-informative sites), 118 个单列位点 (singleton sites) 和 1 043 个常量位点 (constant sites)。在 28S rDNA D2-D3 区系统发育树 (图 4) 中, 共包含 100 条滑刃属线虫的 28S rDNA D2-D3 区序列, 以及作为外群的细薄强壮滑刃线虫 (*Robustodorus subtenuis*) 和巨大强壮滑刃线虫 (*R. megadorus*) 的 2 条序列。每条序列的长度为 631 bp, 其中包括 328 个有效信息位点, 62 个单列位点和 241 个常量位点。基于两个基因序列分别构建的系统发育树显示, 泰国束花凤梨种群与所有已报道的假古氏滑刃线虫种群在 18S rDNA 贝叶斯树中以最高置信度 (后验概率值为 1.00) 聚在一个独立分支上, 而在 28S rDNA D2-D3 区 BI 树中以较高置信度 (后验概率值为 0.98) 聚在一个独立分支上。泰国万代兰种群与苜蓿滑刃线虫种群在 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区贝叶斯树中均以最高置信度 (后验概率值为 1.00) 分别聚在同一独立分支上。这些结果表明, 泰国束花凤梨滑刃线虫种群为假古氏滑刃线虫, 而泰国万代兰滑刃线虫种群为苜蓿滑刃线虫。

3 讨论

本研究对从泰国束花凤梨和万代兰上分别截获的两种滑刃线虫种群进行了形态学特征鉴定, 并结合近全长的 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 区序列系统发育分析, 明确了分离自泰国束花凤梨的滑刃线虫种群为假古氏滑刃线虫, 而分离自万代兰的滑刃线虫种群为苜蓿滑刃线虫。

假古氏滑刃线虫和苜蓿滑刃线虫的泰国种群在形态特征和测计值方面均与原始文献描述的种群具有高度相似性。假古氏滑刃线虫泰国种群的测计值与原始描述的美国佛罗里达州草

莓种群 (Oliveira et al. 2019) 相比, 仅 b 值存在差异, 其余测计值均呈现出较高度度的相互重叠。同样, 苜蓿滑刃线虫泰国种群与原始描述的美国苜蓿种群 (Wang et al. 2019) 相比, 仅雌虫 c 值存在差异, 其余雌、雄虫测计值也均具有较高度度的相互重叠。基于近全长的 18S rDNA 和 28S rDNA D2-D3 序列的分析表明, 假古氏滑刃线虫和苜蓿滑刃线虫的泰国种群与其他种群之间的差异属于种内不同种群间的变异。在系统发育树分析中, 假古氏滑刃线虫和苜蓿滑刃线虫的所有种群分别聚类在高置信度的独立分支中。本研究在构建系统发育树时, 物种名称参考了 Oliveira 等 (2019) 和 Subbotin 等 (2020) 的研究结果, 所构建的系统发育树与 Oliveira 等 (2019)、Wang 等 (2019) 和 Subbotin 等 (2020) 的研究结果一致。上述两个泰国滑刃线虫种群与原始文献描述的种群在测计值上存在微小差异, 可能与测计的线虫个体数量、生态环境和寄主的差异有关。本研究在形态学研究的基础上, 进一步结合分子生物学分析, 最终确定了这两种滑刃线虫的分类地位。

de Jesus 等 (2016) 报道, 巴西从日本和哥斯达黎加进口的水稻 (*Oryza sativa*)、叶草种子 (forage grass seeds) 以及树皮上截获福建滑刃线虫 (*A. fujianensis*), 并发现该线虫在巴西的信号臂形草 (*Brachiaria brizantha*) 和水稻上发生。Oliveira 等 (2018) 在美国佛罗里达州发现福建滑刃线虫侵染草莓, 随后 Oliveira 等 (2019) 进一步研究发现, 该线虫在美国佛罗里达州与贝西滑刃线虫共同侵染草莓, 通过接种大豆种苗进行致病性观察, 发现该线虫能在大豆叶肉组织中活动, 但侵染范围未扩大。基于形态学和分子生物学特征分析, Oliveira 等 (2019) 将 2018 年发现的“福建滑刃线虫”重新命名为假古氏滑刃线虫, 并认为 de Jesus 等 (2016) 鉴定的巴西种群、美国草莓种群和多哥共和国生姜 (*Zingiber* sp.) 种群实际上均为假古氏滑刃线虫。假古氏滑刃线虫主要取食

真菌 (Oliveira et al. 2022), 但在逆境下能够侵染大豆 (Oliveira et al. 2019)、鸟巢蕨 (*Asplenium nidus*) 和美丽百合 (*Lilium speciosum*) (Santos et al. 2021) 等观赏植物。2024 年 1 月, 昆明海关技术中心从泰国进境的束花凤梨植株中截获假古氏滑刃线虫, 这一发现成为该线虫地理分布和寄主新记录。综上所述, 假古氏滑刃线虫与水稻、大黍 (*Panicum maximum*)、信号臂形草、俯生臂形草 (*B. decumbens*)、草莓、玉簪 (*Hosta* sp.)、生姜、鸟巢蕨、美丽百合、树皮、叶草种子 (forage grass seed)、大豆和束花凤梨等多种植物相关, 其地理分布范围涵盖日本、美国、巴西、多哥共和国、哥斯达黎加和泰国等。

Wang 等 (2019) 对宁波口岸于 2017 年从美国进境的苜蓿中截获的滑刃线虫进行了鉴定, 并定名为苜蓿滑刃线虫。苜蓿滑刃线虫经接种可侵染黑豆、黄豆和苜蓿, 导致黄豆和苜蓿植株干重显著下降, 但是其繁殖系数 (reproduction factor, Rf) 均低于 1, 表明其对上述几种作物的寄生性较弱 (王珍等 2021)。2023 年 11 月, 昆明海关技术中心从泰国进境的万代兰根系中截获该滑刃线虫, 属于地理分布和寄主新记录。由此可见, 苜蓿滑刃线虫与苜蓿、黑豆、黄豆和万代兰等植物相关, 其分布于美国和泰国。

在植物线虫鉴定领域, 同一种类不同种群的线虫测计值可能出现差异, 而不同种类的线虫测计值也有可能相互重叠。这些问题导致仅基于形态鉴定的物种中, 复合种和异名种类等现象时有发生。例如: 1948 年, 水稻干尖线虫病的病原在日本最初被定名为水稻滑刃线虫 (*A. oryzae* Yokoo, 1948) (Yokoo 1949), Allen (1952) 认为其形态特征和测计值无法与贝西滑刃线虫区分, 于是将水稻滑刃线虫归入贝西滑刃线虫的异名种类。根据 Oliveira 等 (2019) 和 Subbotin 等 (2020) 的研究, 结合形态学和分子生物学数据, 证明广义上的贝西滑刃线虫实际上是一个复合种群, 包括三个种: 侵染草

莓的种群为贝西滑刃线虫, 侵染水稻的种群为水稻滑刃线虫, 而侵染蕨类等多种植物的种群是假贝西滑刃线虫 (*Aphelenchoides pseudobesseyi*) (Subbotin et al. 2020)。在 1930 至 1950 年代, 贝西滑刃线虫严重侵染美国佛罗里达州的草莓, 曾被误定名为草莓滑刃线虫 (*A. fragariae*, Christie, 1932); Oliveira 等 (2019) 认为, 巴西的福建滑刃线虫种群 (de Jesus et al. 2016) 应为假古氏滑刃线虫, 而水稻上的贝西滑刃线虫实际是水稻滑刃线虫, 曾经在水稻产区普遍发生的“水稻干尖线虫病”的病原线虫也是水稻滑刃线虫, 而非贝西滑刃线虫。由此可见, 能够侵染草莓的滑刃属线虫除了草莓滑刃线虫和贝西滑刃线虫外, 还有假古氏滑刃线虫和假贝西滑刃线虫; 而侵染水稻的滑刃线虫除了水稻滑刃线虫外, 假古氏滑刃线虫也与之相关 (Oliveira et al. 2019, Subbotin et al. 2020)。此外, 已知报道的可侵染 200 多种植物的贝西滑刃线虫 (Duncan et al. 2013), 实际上是广义的贝西滑刃线虫, 即贝西滑刃线虫复合种群的统称。目前, 已知滑刃属线虫超过 180 种 (Wang et al. 2019), 其中具有星状尾尖突的滑刃属线虫均与贝西滑刃线虫同属一组, 即滑刃属线虫的分组 3 (Group 3) (Shahina 1996), 该组共有 29 种滑刃线虫 (Oliveira et al. 2019, Wang et al. 2019)。

滑刃线虫属作为一个庞大的类群, 其中仅有广义的贝西滑刃线虫、草莓滑刃线虫和菊花滑刃线虫 (*A. ritzemabosi*) 对农作物和观赏植物造成严重危害, 并导致经济损失 (de Jesus et al. 2016)。特别值得注意的是, 水稻滑刃线虫被视作亚洲水稻上的重要病原线虫, 导致水稻损失在 5.4% 至 71% 之间 (Nguyen et al. 2007, Khan et al. 2012, 裴艳艳等 2012, Tulek et al. 2023)。鉴于其危害性, 这些滑刃线虫已被多个国家 and 地区列入检疫性有害生物名录 (de Jesus et al. 2016, Xiang et al. 2016, CABI 2022)。由于滑刃线虫的适生范围极为广泛, 在进境植物检疫过程中, 该属线虫极易被截获。然而, 滑

刃属线虫的分类和鉴定,尤其是基于形态特征的鉴定,具有相当大的难度。例如,本研究中发现的假古氏滑刃线虫和苜蓿滑刃线虫,在形态上与贝西滑刃线虫极为相似,与文献记载的相关种群相比,本研究中的种群在个别测计值上存在差异,同时还出现了地理分布和寄主新记录等现象,这表明这两种滑刃线虫可能有更为广泛的寄主和地理分布。上述发现不仅丰富了我们对于滑刃属线虫生态、地理以及寄主范围等方面的认识,也为植物保护和植物检疫工作带来了新的挑战。未来需要进一步加强对滑刃线虫的形态学以及分子生物学系统研究,以更准确地评估其潜在风险,并为制定有效的植物保护和植物检疫措施提供科学依据。

参 考 文 献

- Allen M. 1952. Taxonomic status of the bud and leaf nematodes related to *Aphelenchoides fragariae* (Ritzema Bos, 1891). *Proceedings of the Helminthological Society of Washington*, 19: 108–120.
- CABI. 2022. *Aphelenchoides fragariae* (strawberry crimp nematode). <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/10.1079/cabicompendium.6381>.
- Christie J R. 1932. Recent observations on the strawberry dwarf nematode in Massachusetts. *Plant Disease Reporter*, 16: 113–114.
- de Jesus D S, Oliveira C M G, Roberts D, et al. 2016. Morphological and molecular characterisation of *Aphelenchoides besseyi* and *A. fujianensis* (Nematoda: Aphelenchoididae) from rice and forage grass seeds in Brazil. *Nematology*, 18(3): 337–356.
- de Ley P, Felix M A, Frisse L, et al. 1999. Molecular and morphological characterisation of two reproductively isolated species with mirror-image anatomy (Nematoda: Cephalobidae). *Nematology*, 1(6): 591–612.
- de Man J G. 1880. Die frei in der reinen Erde und im süßen Wasser lebenden Nematoden, Vorläufiger Bericht und descriptiv-systematischer Tijdschrift der Nederlandsche Dierkundige Vereeniging. 5: 1–104.
- Duncan L W, Moens M. 2013. Migratory endoparasitic nematodes // Perry R N, Moens M. *Plant Nematology*. Wallingford, UK: CABI Publishing, 144–178.
- Holterman M, van der Wurff A, van den Elsen S, et al. 2006. Phylum-wide analysis of SSU rDNA reveals deep phylogenetic relationships among nematodes and accelerated evolution toward crown Clades. *Molecular Biology and Evolution*, 23(9): 1792–1800.
- Khan M R, Handoo Z A, Rao U, et al. 2012. Observations on the foliar nematode, *Aphelenchoides besseyi*, infecting tuberose and rice in India. *Journal of Nematology*, 44(4): 391–398.
- Medlin L, Elwood H J, Stickel S, et al. 1988. The characterization of enzymatically amplified eukaryotic 16S-like rRNA-coding regions. *Gene*, 71(2): 491–499.
- Nguyen T T C, Marc P. 2007. An *Aphelenchoides* sp. nematode parasitic of *Polianthes tuberosa* in the Mekong Delta. *Journal of Nematology*, 39(3): 248–257.
- Nunn G B. 1992. *Nematode Molecular Evolution*. Nottingham: University of Nottingham, PhD Thesis.
- Oliveira C J, Desaeger J, Watson T, et al. 2018. Identification of *Aphelenchoides* spp. associated with strawberries in Florida. *Nematropica*, 48: ABST.31.
- Oliveira C J, Schumacher L A, Peres N A, et al. 2022. Feeding selectivity of *Aphelenchoides besseyi* and *A. pseudogoodeyi* on fungi associated with Florida strawberry. *Plant Disease*, 106(7): 1929–1934.
- Oliveira C J, Subbotin S A, Álvarez-Ortega S, et al. 2019. Morphological and molecular identification of two Florida populations of foliar nematodes (*Aphelenchoides* spp.) isolated from strawberry with the description of *Aphelenchoides pseudogoodeyi* sp. n. (Nematoda: Aphelenchoididae) and notes on their bionomics. *Plant Disease*, 103(11): 2825–2842.
- Ronquist F, Teslenko M, van der 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.
- Santos E C, Da Silva I L, Rosa R O, et al. 2021. Pathogenicity of *Aphelenchoides pseudogoodeyi* on the ornamental plants *Asplenium nidus* and *Lilium speciosum* in Brazil. *Helminthologia*, 58(1): 74–84.
- Seinhorst J W. 1959. A rapid method for the transfer of nematodes

- from fixative to anhydrous glycerin. *Nematologica*, 4(1): 67–69.
- Shahina F. 1996. A diagnostic compendium of the genus *Aphelenchoides* Fischer, 1894 (Nematoda: Aphelenchida) with some new records of the group from Pakistan. *Pakistan Journal of Nematology*, 14: 1–32.
- Subbotin S A, Oliveira C J, Álvarez-Ortega S, et al. 2020. The taxonomic status of *Aphelenchoides besseyi* Christie, 1942 (Nematoda: Aphelenchoididae) populations from the southeastern USA, and description of *Aphelenchoides pseudobesseyi* sp. n. *Nematology*, 23(4): 381–413.
- Tamura K, Stecher G, Kumar S. 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7): 3022–3027.
- Tülek A, Ateş S, Akin K, et al. 2023. Determining yield losses in rice cultivars resulting from rice white tip nematode *Aphelenchoides besseyi* in field condition. *Pakistan Journal of Nematology*, 32: 149–154.
- Wang Z, Bert W, Gu J F, et al. 2019. *Aphelenchoides medicagus* n. sp. (Tylenchina: Aphelenchoididae) found in *Medicago sativa* imported into China from the USA. *Nematology*, 21(7): 709–723.
- White T J, Bruns T, Lee S, et al. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics // Innis M A, Gelfand D H, Sninsky J J, et al. PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. San Diego: Academic Press, 315–322.
- Xiang C Y, Gao F L, Jakovlić I, et al. 2023. Using PhyloSuite for molecular phylogeny and tree-based analyses. *iMeta*, 2(1): e87.
- Xiang Y, Wang D W, Li J Y, et al. 2016. Transcriptome analysis of the *Chrysanthemum* foliar nematode, *Aphelenchoides ritzemabosi* (Aphelenchida: Aphelenchoididae). *PLoS One*, 11(11): e0166877.
- Yokoo T. 1949. *Aphelenchoides oryzae* YOKOO n. sp., a nematode parasitic to rice plant. *Japanese Journal of Phytopathology*, 13(1/2): 40–43.
- Zhang D, Gao F L, Jakovlić I, et al. 2020. PhyloSuite: an integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies. *Molecular Ecology Resources*, 20(1): 348–355.
- 方奎, 方亦午, 李旻, 等. 2024. 截获纽带科2种线虫记述. *植物病理学报*, 54(2): 291–303.
- 裴艳艳, 程曦, 徐春玲, 等. 2012. 中国水稻干尖线虫部分群体对水稻的致病力测定. *中国水稻科学*, 26(2): 218–226.
- 王珍, 李冉, 李红梅, 等. 2021. 不同真菌和植物种类对苜蓿滑刃线虫繁殖的影响. *植物保护*, 47(1): 97–102.
- 谢辉. 2005. 植物线虫分类学. 2版. 北京: 高等教育出版社, 39.

附录 1 假古氏滑刃线虫泰国种群与原始文献描述的美国种群形态测计值比较 (单位: μm)

Appendix 1 Morphometrical comparison between *Aphelenchoides pseudogoodeyi* Thailand population and original described American population (Unit: μm)

特征 Characteristics	束花凤梨上的泰国种群 Thailand population on <i>Tillandsia fasciculata</i>	草莓上的佛罗里达州种群 Florida population on strawberry Oliveira et al. 2019
线虫数量 Number of nematodes	15♀♀	16♀♀
体长 Body length, <i>L</i>	658.8 ± 74.7 (571.0 - 782.6)	721.2 (663.8 - 776.0)
体长/最大体宽 <i>L</i> /maximum body diameter, <i>a</i>	27.8 ± 3.0 (21.5 - 32.5)	33.9 (29.1 - 37.8)
体长/体前端至食道-肠交接处的距离 <i>L</i> /anterior end to pharynx and intestine junction distance, <i>b</i>	6.9 ± 0.6 (6.1 - 7.9)	10.3 (9.6 - 10.8)
体长/体前端至食道腺末端的距离 <i>L</i> /anterior end to pharyngeal glands end, <i>b'</i>	4.8 ± 0.3 (3.9 - 5.1)	5.0 (4.5 - 5.3)
体长/尾长 <i>L</i> /tail length, <i>c</i>	15.6 ± 1.3 (12.3 - 16.8)	17.2 (15.3 - 18.6)
尾长/肛门处体宽 Tail length/body diameter at anus, <i>c'</i>	3.1 ± 0.2 (2.8 - 3.6)	3.4 (3.1 - 4.2)
体前端至阴门的距离/体长 Anterior end to vulva distance/ <i>L</i> , <i>V</i> (%)	69.6 ± 1.1 (66.5 - 70.5)	69.7 (68.5 - 71.6)
口针长度 Stylet length	12.8 ± 0.7 (11.0 - 13.4)	12.2 (12.0 - 12.7)
尾长 Tail length	42.2 ± 4.0 (36.1 - 48.9)	42.0 (40.0 - 44.5)
唇区直径 Lip diameter	7.7 ± 0.8 (6.4 - 9.2)	7.1 (7.0 - 7.5)
唇区高度 Lip height	3.0 ± 0.4 (2.4 - 3.8)	3.0 (2.8 - 3.1)
中食道球瓣门长度 Metacarpus valve length	5.2 ± 0.5 (4.8 - 5.6)	5.3 (4.9 - 6.0)
体前端至食道-肠交接处的距离 Anterior end to pharynx and intestine junction distance	95.6 ± 6.8 (86.1 - 105.9)	69.9 (64 - 74)
体前端至排泄孔的距离 Anterior end to excretory pore distance	87.1 ± 6.7 (76.8 - 95.4)	79.4 (75.0 - 86.1)
最大体宽 Maximum body diameter	24.0 ± 3.5 (18.3 - 28.7)	21.4 (18.0 - 26.3)
肛门处体宽 Body diameter at anus	13.7 ± 1.9 (11.1 - 16.4)	12.2 (10.4 - 12.9)
阴门处体宽 Body diameter at vulva	22.3 ± 3.5 (17.0 - 28.3)	19.4 (17.8 - 21.8)
前生殖腺长度 Anterior genital tract length	195.9 ± 44.9 (123.9 - 254.3)	175.2 (151.5 - 192.0)
阴门到肛门的距离 Vulva-anus distance (VA)	163.2 ± 26.8 (103.5 - 192.9)	175.5 (165.3 - 187.0)
后子宫囊长度 Post uterine sac length (PUS)	52.2 ± 7.2 (37.3 - 61.3)	38.3 (32.6 - 47.5)
PUS/VA (%)	32.7 ± 6.6 (21.4 - 45.4)	21.9 (17.6 - 28.7)
侧区宽度 Lateral field width	3.9 ± 0.4 (3.2 - 4.5)	4.1 (3.2 - 5.0)
最长尾尖突长度 Max mucron length	2.1 ± 0.5 (1.3 - 2.8)	2.9 (2.1 - 3.8)

数据以平均值 ± 标准差 (范围) 表示。Data are expressed as mean ± SD (range).

附录 2 苜蓿滑刃线虫泰国种群与原始文献描述的美国种群形态测计值比较 (单位: μm)

特征 Characteristics	Appendix 2 Morphometrical comparison between <i>Aphelenchoides medicagus</i> Thailand population and original described American population (Unit: μm)			
	15♀ Thailand population on <i>Yanda. subconcolor</i>	6♂♂ Thailand population on <i>Yanda. subconcolor</i>	20♀ American population on <i>Medicago sativa</i> Wang et al. 2019	20♂♂ American population on <i>Medicago sativa</i> Wang et al. 2019
线虫数量 Number of nematodes				
体长 Body length, <i>L</i>	554 ± 36 (511 - 639)	484 ± 38 (462 - 529)	650 (518 - 709)	484 (394 - 532)
体长/最大体宽 <i>L</i> /maximum body diameter, <i>a</i>	26.7 ± 1.6 (24.2 - 29.1)	27.3 ± 1.6 (25.7 - 28.9)	29.9 (27.2 - 33.7)	29.1 (27.0 - 32.0)
体长/体前端至食道-肠交接处的距离 <i>L</i> /anterior end to pharynx and intestine junction distance, <i>b</i>	8.9 ± 0.7 (7.4 - 9.3)	7.8 ± 0.4 (6.8 - 7.9)	9.1 (7.6 - 9.8)	7.6 (6.4 - 8.3)
体长/体前端至后食道腺末端的距离 <i>L</i> /anterior end to pharyngeal glands end, <i>b'</i>	4.3 ± 0.3 (3.9 - 4.8)	4.2 ± 0.3 (3.8 - 4.7)	4.4 (3.7 - 4.9)	4.3 (3.5 - 7.7)
体长/尾长 <i>L</i> /tail length, <i>c</i>	15.5 ± 0.7 (14.4 - 16.3)	14.0 ± 0.4 (13.7 - 14.5)	18.1 (16.4 - 19.9)	14.2 (12.5 - 15.7)
尾长/肛门处体宽 Tail length/body diameter at anus, <i>c'</i>	2.6 ± 0.8 (2.3 - 3.1)	2.5 ± 0.1 (2.4 - 2.6)	2.8 (2.5 - 3.4)	2.7 (2.4 - 3.0)
体前端至阴门的距离/体长 (♀) 或泄殖腔口至精巢末端的距离/体长 (♂) Anterior end to vulva distance/ <i>L</i> (♀) or cloacal pore to testis end distance/ <i>L</i> (♂) (%)	70.7 ± 1.0 (69.1 - 73.0)	57.4 ± 2.6 (55.0 - 60.0)	72.3 (69.0 - 76.0)	53.0 (46.0 - 66.0)
口针长度 Stylet length	11.6 ± 0.3 (11.2 - 12.5)	10.6 ± 0.5 (10.2 - 11.0)	11.2 (9.1 - 12.0)	10.2 (9.8 - 10.7)
尾长 Tail length	36.0 ± 2.1 (32.0 - 39.5)	34.5 ± 1.7 (33.7 - 36.6)	36.0 (32 - 38)	34.0 (30 - 38)
唇区直径 Lip diameter	7.1 ± 0.2 (6.9 - 7.4)	6.1 ± 0.3 (5.6 - 6.7)	7.2 (6.7 - 8.1)	6.1 (5.5 - 6.5)
唇区高度 Lip height	3.2 ± 0.2 (2.9 - 3.5)	2.9 ± 0.2 (2.5 - 3.3)	3.2 (3.0 - 4.0)	2.8 (2.3 - 3.1)
中食道球瓣门长度 Metacarpus valve length	11.0 ± 0.3 (9.3 - 12.0)	9.2 ± 0.3 (8.1 - 9.8)	11.4 (9.8 - 12.4)	9.1 (8.3 - 9.7)
体前端至食道-肠交接处的距离 Anterior end to pharynx and intestine junction distance	87.3 ± 8.1 (75.7 - 101.0)	86.0 ± 12.5 (76.8 - 100.2)		
体前端至排泄孔的距离 Anterior end to excretory pore distance	82.5 ± 5.3 (75.0 - 87.6)	80.1 ± 5.3 (73.2 - 84.1)	83.0 (58 - 91)	73.0 (64 - 78)
最大体宽 Maximum body diameter	21.2 ± 1.4 (19.1 - 23.9)	18.6 ± 1.4 (16.1 - 20.5)	21.8 (18.1 - 24.3)	16.6 (14.0 - 18.8)
肛门处体宽 Body diameter at anus	12.8 ± 0.7 (11.6 - 14.1)	12.0 ± 0.3 (11.5 - 12.7)	13.0 (11.1 - 14.3)	12.8 (10.5 - 13.7)
阴门处体宽 Body diameter at vulva	18.1 ± 1.1 (17.1 - 19.2)			19.9 (14.9 - 30.3)
前生殖腺长度 Anterior genital tract length	251 ± 46 (195 - 355)	263 ± 15 (230 - 295)	211 (135 - 265)	254 (180 - 311)
阴门到肛门的距离 Vulva-anus distance (VA)	132 ± 13.2 (118 - 158)		150 (115 - 178)	
后阴子宫囊长度 Post uterine sac length (PUS)	17.6 ± 1.0 (16.0 - 18.8)		14.5 (8.0 - 18.6)	
PUS/VA (%)	13.2 ± 1.1 (11.8 - 14.7)		9.8 (6.1 - 16.2)	
最长尾尖突长度 Max mucron length	1.3 ± 0.1 (1.2 - 1.5)			

数据以平均值 ± 标准差 (范围) 表示。Data are expressed as mean ± SD (range).