

额尔齐斯河流域尖鳍鮡寄生鮡指环虫 形态重述及分子测定

张丽 石彩霞 刘彦君 王瑾璞 魏念文 杨圆圆
夏深圳 朱海林 吴冰倩 岳城 郝翠兰*

新疆农业大学动物医学学院 乌鲁木齐 830052

摘要: 为了解新疆额尔齐斯河流域尖鳍鮡 (*Gobio acutipinnatus*) 感染指环虫的种类情况, 于 2021 年 7 月至 2023 年 8 月, 在额尔齐斯河哈巴河河段共采集 510 尾尖鳍鮡。采用传统形态学和分子生物学鉴定方法, 对尖鳍鮡鳃部采集到的一种指环虫进行了形态描述、绘制及测量, 同时与国内外已记述 5 种鮡亚科鱼类寄生的指环虫进行形态比较。结果显示, 该虫背联结片呈“一”字型, 两端向后突出, 中间略宽; 腹联结片呈“一”字型, 两端较窄, 向前侧延伸, 中间略宽。交接管为粗型弯管, 起始部位最粗, 尾部渐细, 支持器为细管状, 由交接管顶部起始, 支持器尾端分叉, 在交接管两侧形成一长一短的片状分支。与哈萨克斯坦尖鳍鮡所寄生的鮡指环虫 (*Dactylogyrus gobii*) 在后吸器与交接器形态上均一致, 故依据形态特征将寄生于额尔齐斯河尖鳍鮡鳃部的指环虫鉴定为鮡指环虫。基于 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列鮡指环虫与隐藏指环虫 (*D. cryptomerus*) 相似度最高, 为 94.04%。鮡指环虫与 9 种指环虫遗传距离为 0.039 ~ 0.268, 其中, 与寄生于鮡 (*G. gobio*) 的隐藏指环虫的遗传距离最近, 为 0.039。基于 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列使用最大似然法和贝叶斯法构建的系统发育树显示, 本研究测定的鮡指环虫与寄生于鮡亚科鱼类的鮡指环虫、隐藏指环虫、区域指环虫 (*D. finitimus*)、具鳞指环虫 (*D. squameu*) 和鮡鲫指环虫 (*D. gobiocypris*) 聚为一支。形态及分子数据共同表明, 寄生于尖鳍鮡鳃部的指环虫为鮡指环虫, 该指环虫是我国一分布新记录种。

关键词: 鮡指环虫; 尖鳍鮡; 18S-ITS1-5.8S rDNA; 新记录种

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2025) 04-570-14

Morphological Restatement and Molecular Determination of *Dactylogyrus gobii* From *Gobio acutipinnatus* in the Irtysh River

ZHANG Li SHI Cai-Xia LIU Yan-Jun WANG Jin-Pu
WEI Nian-Wen YANG Yuan-Yuan XIA Shen-Zhen
ZHU Hai-Lin WU Bing-Qian YUE Cheng HAO Cui-Lan*
College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China

基金项目 新疆维吾尔自治区重点研发任务专项 (No. 2023B02012), 国家自然科学基金项目 (No. 32403085);

* 通讯作者, E-mail: haocuilan@126.com;

第一作者介绍 张丽, 女, 硕士研究生; 研究方向: 预防兽医学; E-mail: 2536772827@qq.com.

收稿日期: 2024-10-17, 修回日期: 2025-03-02 DOI: 10.13859/j.cjz.202524235 CSTR: 32109.14.cjz.24235

Abstract: [Objectives] To understand the species of *Dactylogyrus* that infect *Gobio acutipinnatus* in the Irtysh River in Xinjiang, China, this study collected 510 ind of *G. acutipinnatus* from the Haba River (a tributary of the Irtysh River) between July 2021 and August 2023. **[Methods]** Morphological methods and molecular biological techniques were employed to identify the *Dactylogyrus* species collected from the gills of *G. acutipinnatus*. The morphological characteristics of this species were illustrated, measured, and compared with previously reported morphological data of *Dactylogyrus* parasitizing *G. acutipinnatus* from both domestic and international sources. The 18S-ITS1-5.8S rDNA sequences were amplified, and sequence alignment was performed by BLAST in the NCBI database. Based on the 18S-ITS1-5.8S rDNA sequences, the base composition was calculated by MEGA 7.0.20, and the Kimura-2-parameter (K2P) model was adopted to calculate the genetic distances between species. PhyloSuite was used for multiple sequence alignment, and the best-fit model was selected through Akaike Information Criterion (AIC) testing with ModelFinder. Based on the selected model, phylogenetic trees were constructed by both Bayesian inference (BI) and maximum likelihood (ML) methods to validate the phylogenetic relationships of parasitic *Dactylogyrus*. **[Results]** The collected *Dactylogyrus* species had a straight line-shaped dorsal bar, with two ends protruding backward and slightly wider in the middle. The ventral bar is straight line-shaped, with narrow ends, extending to the front and slightly wider in the middle. The copulatory tube is a thick bend, with the thickest starting part and a thin tail. The accessory piece is thin tubular, starting from the top of the copulatory tube and bifurcating at the tail end, forming long and short sheet branches at both sides of the copulatory tube (Figs. 1, 2). Consistent with the *D. gobii* parasitizing *G. acutipinnatus* of Kazakhstan in the copulatory organ and opisthaptor, the *D. gobii* parasitizing gills of the *G. acutipinnatus* inhabiting the Irtysh River, China was identified as *D. gobii* according to morphological characteristics (Table 3). The characteristic structure of this parasite differed from those of other *Dactylogyrus* species parasitizing *Gobio*. The opisthaptor shape of *D. gobii* is most similar to that of *D. cryptomeres*, varying only in the ratio of inner root and outer root for anchor, which was 4:3 for *D. gobii* and 2:1 for *D. cryptomeres*. The copulatory organs of both species of *Dactylogyrus* are curved tubular structures. In *D. gobii*, the accessory piece is in the form of a thin tube, starting from the tip of the copulatory organ and bifurcating into two branches, one long and one short, in the middle and rear part of the copulatory tube. For *D. cryptomeres*, the copulatory tube was relatively thick, with an enlarged top, and the accessory piece is in the shape of a flake-like mass, with the terminal end forming a sickle shape. *D. gobii*, *D. cristatus*, *D. finitimus*, and *D. squameus* possessed the *D. extensus* type of anchor, while only the anchor of *D. gobiocypris* was of the *D. wunderi* type. In addition, there are differences in the copulatory organ between *D. gobii* and *D. gobiocypris*. The accessory piece of the latter consists of two parts: one is horseshoe-shaped and the other is semi-saccular (Table 3). The 18S-ITS1-5.8S rDNA sequence of *D. gobii* showed the highest similarity of 94.04% to that of *D. cryptomeres*. The genetic distances based on the 18S-ITS1-5.8S rDNA sequence between *D. gobii* and nine other species of *Dactylogyrus* varied within the range of 0.039 - 0.268, and *D. gobii* had the closest genetic distance (0.039) to the *D. cryptomeres* from *G. gobio* (Table 2). The phylogenetic trees indicated that the *D. gobii* determined in this study clustered into one clade with *D. cryptomeres*, *D. finitimus*, *D. squamous*, and *D. gobiocypris* parasitizing Gobioninae (Fig. 3). **[Conclusion]** The results showed that the *D. gobii* was a new record species of *Dactylogyrus* in China.

Key words: *Dactylogyrus gobii*; *Gobio acutipinnatus*; 18S-ITS1-5.8S rDNA; New record species

额尔齐斯河是我国唯一一条流向北冰洋的国际河流,发源于阿尔泰山的西南坡,哈巴河等多条同样源于阿尔泰山的支流汇入后,自东南向西北奔流出中国。额尔齐斯河流域辽阔,自然条件复杂,河流所处的地区纬度较高,冬季气温较低,冬季河流有结冰期。该流域水源补给主要包括大气降水、高山冰川融化水、季节性积雪融化水和地下水,良好的地理环境与水源环境孕育了一批特殊的冷水鱼类。额尔齐斯河流域生物多样性丰富且独特性高,是我国和全球生物多样性优先保护区域。尖鳍鮡 (*Gobio acutipinnatus*),小型冷水性鱼类,隶属于鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae)鮡亚科(Gobioninae)鮡属,是新疆土著鱼类之一(郭焱等 2012),模式产地为斋桑泊。尖鳍鮡在中国额尔齐斯河流域分布广泛(任慕莲等 2002),是该流域优势种(金晓峰等 2018,刘春池等 2021)。其生态适应能力强,既能够栖息在水流较急、水温较冷的上游或支流中,也可以在下游及汇合口等水温较高的河道中正常栖息(金晓峰等 2018)。尖鳍鮡多被作为白斑狗鱼(*Esox lucius*)等肉食性鱼类的饵料,在保护生态环境及维护物种多样性方面具有重要意义。

指环虫(*Dactylogyrus*)是单殖吸虫纲物种最丰富的寄生虫种群之一,在全球有超过 1 000 种,指环虫多以鲤科鱼类为宿主,且具有一定宿主特异性(Gibson et al. 1996,容梦婕等 2020)。指环虫通过后吸器附着于宿主鳃部,引起严重的鳃丝上皮增生,产生大量黏液,使鳃片与鳃丝之间相互黏附,最终影响宿主呼吸系统功能(Jalali et al. 2005, Rahanandeh et al. 2014),严重感染指环虫的鱼类也容易受到细菌感染(Dove et al. 1998, Tu et al. 2015),从而导致大批量死亡。指环虫的分类主要依据几丁质结构的形态学特征(Benovics et al. 2021a),但随着指环虫的大量发现,仅依靠形态学鉴定存在明显不足(Ling et al. 2016)。分子技术的发展促进了形态学与分子生物学的结合,为指环虫分类鉴定提供了更精确的标准。目前,全

球鮡亚科鱼类中记录了 49 种指环虫(吴宝华等 2000, Galli et al. 2010, Cheng et al. 2023)。相较于形态学数据,鮡亚科指环虫分子数据更加匮乏,目前在 NCBI 数据库中仅有 5 条 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列,分别寄生于鮡属、鮡鲫属(*Gobiocypris*)以及麦穗鱼属(*Pseudorasbora*)鱼类,依次为寄生于鮡鱼(*Gobio gobio*)的隐藏指环虫(*D. cryptomeres*, GenBank 序列号 AJ564123)、寄生于白鳍鮡(*G. albipinnatus*)的区域指环虫(*D. finitimus*, GenBank 序列号 AJ564133)、寄生于稀有鮡鲫(*Gobiocypris rarus*)的鮡鲫指环虫(*D. gobiocypris*, GenBank 序列号 OP441417)和寄生于麦穗鱼(*P. parva*)的具鳞指环虫(*D. squameus*, GenBank 序列号 AJ564156 和 OQ598693)。本研究通过形态学特征,并提供分子分类数据,对尖鳍鮡寄生的指环虫进行详细鉴定和描述,旨在为指环虫物种鉴定及系统发育研究积累基础数据,以期丰富我国指环虫物种记录,并为后续研究提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 样品采集

2021 年 7 月至 2023 年 8 月,在额尔齐斯河流域共捕获尖鳍鮡 510 尾。对新鲜的鱼类标本进行拍照、编号,测量和记录体高、体长并称量。鱼类的解剖依据《鱼病调查手册》(中国科学院水生生物研究所鱼病学研究室 1981),取下完整鳃部,置于玻璃板上滴加生理盐水,将鳃片逐一置于解剖镜下进行镜检,发现寄生虫后将其吸取到加有生理盐水的小型培养皿中,冲洗干净后保存于 1.5 ml 的 EP 管中,分别滴加 75%或 95%的乙醇进行固定, - 20 °C 保存,用于形态鉴定及 DNA 提取。本实验符合实验动物伦理和野生动物采样许可,所有程序均符合有关法律。该研究由新疆农业大学实验动物伦理委员会审批(许可证编号 2019021)。

1.2 样本鉴定与测量

将保存在 75%乙醇溶液中的完整虫体取

出, 经复水处理后, 放置在干净的载玻片上。随后, 滴加 4% 的聚乙烯醇-乳酸酚染液, 进行染色封片 (伍惠生 1980)。通过尼康 Eclipse E200 生物显微镜 [尼康精机 (上海) 有限公司] 观察虫体的形态, 使用 OPLENIC Pro 软件进行拍照, 测量并记录虫体形态数据及其特征性结构。将样品虫体特征性结构与文献中相关虫种相比较, 进行形态学鉴定 (吴宝华等 2000, Galli et al. 2010, Cheng et al. 2023)。所制虫体标本保存于新疆农业大学动物医学学院寄生虫学教研室 (标本号为 XJDG240701 ~ XJDG240715)。

1.3 DNA 提取及测定

取保存于 95% 乙醇中的虫体样品, 多次冲洗后, 置于装有 TE 缓冲液 (pH 8.0) 的小型培养皿中浸泡过夜, 彻底去除样品中残留的乙醇。吸去 TE 缓冲液后, 将虫体分别装入 1.5 ml 的 EP 管中, 使用微量样品基因组 DNA 提取试剂盒 [天根生化科技 (北京) 有限公司] 提取虫体总 DNA, 具体操作方法依照试剂盒说明书进行。选取核糖体 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列作为目的片段, 由生工生物工程 (上海) 股份有限公司合成上游引物 S1 (5'-ATT CCG ATA ACG AAC GAG ACT-3') 和下游引物 IR8 (5'-GCT AGC TGC GTT CTT CAT CGA-3') (Šimková et al. 2003)。PCR 反应体系为 25 μ l: 2 \times EasyTaq PCR 超级混合液 12.5 μ l, DNA 模板 2 μ l (10 mg/L), 上下游引物各 1 μ l (1 μ mol/L), ddH₂O 8.5 μ l。PCR 反应条件为: 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 95 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 50 $^{\circ}$ C 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 40 次循环; 75 $^{\circ}$ C 延伸 5 min, 终止于 4 $^{\circ}$ C。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳, 将带有清晰目标条带的 PCR 产物送于生工生物工程 (上海) 股份有限公司测序。测序结果经 BLAST 和 DNAMAN 比对后, 所得序列上传至 GenBank。

1.4 分子系统发育分析

从 NCBI 数据库中选取 28 种与所得序列关系较近鱼类鳃部寄生的指环虫进行系统发育

分析 (表 1), 以撒氏虫属 (*Thaparocleidus*) 的大茎撒氏虫 (*T. magnicirrus*) 和锚首虫属 (*Ancyrocephalus*) 的鲈锚钩吸虫 (*A. percae*) 为外类群。使用 MEGA 7.0.20 (Kumar et al. 2016) 软件计算序列中碱基含量, 选用双参数模型 (Kimura 2-parameter model, K2P) 计算各物种间遗传距离。利用贝叶斯法 (Bayesian inference, BI) 和最大似然法 (maximum likelihood, ML) 构建系统发育树, 将数据导入 PhyloSuite v1.2.3 (Zhang et al. 2020) 软件中, 用 MAFFT (Katoh et al. 2013) 进行多重序列比对后, 将比对结果导入 PhyloSuite 中的 Gblocks (Talavera et al. 2007) 进行修剪, 使用 ModelFinder (Kalyaanamoorthy et al. 2017) 进行最小化信息量准则 (Akaike information criterion, AIC) 检验, 分别选择 GTR + F + I + I + R4 和 SYM + I + G4 作为最大似然法和贝叶斯法分析核苷酸进化的最佳拟合分区模型。通过 PhyloSuite 中的 MrBayes 3.2.7a (Ronquist et al. 2012) 构建贝叶斯树, 位点间变异模型为 gamma (rates = gamma), 运行 1 000 000 代蒙特卡罗模拟 (Markov chain Monte Carlo, MCMC), 每 1 000 代取样 1 次, 各分支的置信度使用后验概率 (posterior probability) 来表示。使用 PhyloSuite v1.2.3 中的 IQ tree v2.2.0 (Minh et al. 2020) 构建最大似然树, 用自展值 (bootstrap) 进行检验, 10 000 次重复取样。在 iTOL 网站 (<https://itol.embl.de/>) 以及 Adobe Illustrator 2018 中对系统进化树结果进行美化修饰。

2 结果

对 510 尾尖鳍鲌进行剖检, 其中 128 尾尖鳍鲌受指环虫感染。共采集指环虫 233 只, 感染率为 25.1%, 感染强度为 (1.8 \pm 0.13) 只 (1 ~ 8 只)。

2.1 虫体形态特征

基于 15 个虫体形态标本进行形态描述和

表 1 用于系统发育分析的指环虫 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列 GenBank 登录号

Table 1 GenBank accession number of the 18S-ITS1-5.8S rDNA sequences of *Dactylogyrus* used for phylogenetic analysis

寄生虫 Parasite	宿主 Host	18S-ITS1-5.8S rDNA GenBank 登录号 GenBank accession number	采集地 Sampling location
瑞典指环虫 <i>Dactylogyrus suecicus</i>	湖拟鲤 <i>Rutilus rutilus lacustris</i>	MG792901	希腊 Greece
维氏指环虫 <i>D. vistulae</i>	欧鳊 <i>Chondrostoma nasus</i>	AJ564160	捷克 Czech Republic
十字花指环虫 <i>D. crucifer</i>	圆腹雅罗鱼 <i>Leuciscus idus</i>	AJ564122	捷克 Czech Republic
双髻鲨指环虫 <i>D. sphyrna</i>	拟鲤 <i>R. rutilus</i>	AJ564154	捷克 Czech Republic
鲟指环虫 <i>D. gobii</i> *	尖鳍鲟 <i>Gobio acutipinnatus</i>	PP862693/PP862694	中国 China
隐藏指环虫 <i>D. cryptomerus</i>	鲟鱼 <i>G. gobio</i>	AJ564123	捷克 Czech Republic
区域指环虫 <i>D. finitimus</i>	白鳍鲟 <i>G. albipinatus</i>	AJ564133	捷克 Czech Republic
具鳞指环虫 <i>D. squameus</i>	麦穗鱼 <i>Pseudorasbora parva</i>	OQ598693	捷克 Czech Republic
鲟鲟指环虫 <i>D. gobiocypris</i>	稀有鲟鲟 <i>Gobiocypris rarus</i>	OP441417	中国 China
页形指环虫 <i>D. lamellatus</i>	草鱼 <i>Ctenopharyngodon idella</i>	AJ564141	捷克 Czech Republic
温氏指环虫 <i>D. wunder</i>	东方欧鳊 <i>Abramis brama orientalis</i>	OP595732	中国 China
赞特氏指环虫 <i>D. zandti</i>	东方欧鳊 <i>A. b. orientalis</i>	OP595734	中国 China
坏鳃指环虫 <i>D. vastator</i>	鲫 <i>Carassius auratus</i>	KM487695	中国 China
中间指环虫 <i>D. intermedius</i>	鲫 <i>C. auratus</i>	KJ854364	中国 China
望外指环虫 <i>D. inexpectatus</i>	鲫 <i>C. auratus</i>	AJ564138	捷克 Czech Republic
大翼指环虫 <i>D. alatus</i>	欧白鱼 <i>Alburnus alburnus</i>	AJ564109	捷克 Czech Republic
矮小指环虫 <i>D. nanus</i>	拟鲤 <i>R. rutilus</i>	AJ564145	捷克 Czech Republic
美丽指环虫 <i>D. formosus</i>	鲫 <i>C. auratus</i>	KC876018	中国 China
叉茎指环虫 <i>D. dulkeiti</i>	鲫 <i>C. auratus</i>	KC876020	中国 China
弧形指环虫 <i>D. arcuatus</i>	鲫 <i>C. auratus</i>	KC876019	中国 China
鲢指环虫 <i>D. hypophthalmichthys</i>	鲢 <i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	KX369219	中国 China
拟鲤指环虫 <i>D. rutili</i>	拟鲤 <i>R. rutilus</i>	AJ564152	捷克 Czech Republic
<i>D. cornoides</i>	<i>Abramis bioerkna</i>	AJ564118	捷克 Czech Republic
<i>D. cornu</i>	粗鳞鳊 <i>Blicca bjoerkna</i>	AJ564119	捷克 Czech Republic
镰型指环虫 <i>D. falsiphallus</i>	<i>Luciobarbus maghrebensis</i>	KX578024	摩洛哥 Morocco
<i>D. atlasensis</i>	<i>L. pallaryi</i>	KY629337	摩洛哥 Morocco
埃氏指环虫 <i>D. erhardovae</i>	威拟鲤 <i>R. aula</i>	MG792893	克罗地亚 The Republic of Croatia
列普蒂斯指环虫 <i>D. leptus</i>	<i>Chondrostoma knerii</i>	MG792871	波黑 Bosnia and Herzegovina
定着指环虫 <i>D. nanoides</i>	圆鳍雅罗鱼 <i>Leuciscus cephalus</i>	AJ564144	捷克 Czech Republic
大茎撒氏虫 <i>Thaparocleidus magnicirrus</i>	—	MH213066	中国 China
鲈锚钩吸虫 <i>Ancyrocephalus perca</i>	河鲈 <i>Perca fluviatilis</i>	AJ490166	芬兰 Finland

* 表示本研究的物种。“—”表示无数据。* indicates the species in this study. “—” represents no data.

数据测量 (图 1, 2, 附录 1)。成虫形态: 虫体呈梭形, 后吸器与虫体分界明显, 总体长 (579.62 ± 175.68) μm、宽 (135.07 ± 56.73) μm (n = 14)。眼点两对, 距离相等。交接器位于

虫体中上部, 由交接管和支持器组成, 总直线长度 (12.56 ± 1.55) μm (n = 12), 交接管为粗型弯管, 支持器半包裹在交接管外侧。后吸器位于虫体末端, 由一对中央大钩、一个背联



图 1 鮡指环虫的显微照片

Fig. 1 Morphological micrographs of *Dactylogyra gobi*

a. 整虫; b. 交接器; c. 后吸器。a. Whole worm; b. Copulatory organ; c. Opisthaptor.

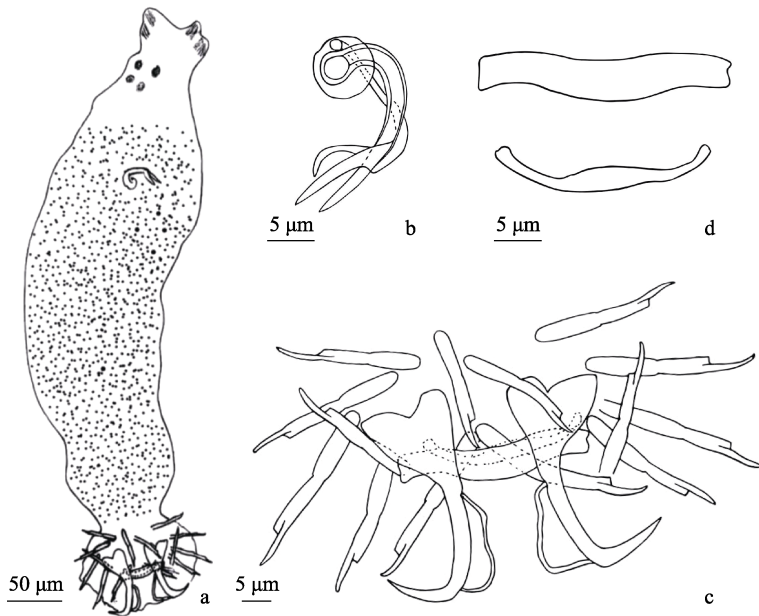


图 2 鮡指环虫的整体及几丁质结构图

Fig. 2 *Dactylogyra gobi* and its sclerotized structures

a. 整虫; b. 交接器; c. 后吸器; d. 联结片。a. Whole worm; b. Copulatory organ; c. Opisthaptor; d. Bar.

结片、一个腹联结片和 7 对边缘小钩组成。中央大钩全长 $(19.39 \pm 1.22) \mu\text{m}$ ，其基部粗壮较短，长 $(18.68 \pm 0.82) \mu\text{m}$ ($n = 12$)。内突略长于外突，内突长 $(4.03 \pm 0.69) \mu\text{m}$ ，外突长 $(2.6 \pm 0.32) \mu\text{m}$ ($n = 12$)；钩尖长 $(6.32 \pm 0.85) \mu\text{m}$ ($n = 12$)。背联结片呈“一”字型，两端向后侧突出，中间略宽，长 $(18.40 \pm 1.35) \mu\text{m}$ 、宽 $(2.93 \pm 0.44) \mu\text{m}$ ($n = 12$)。腹联结片呈“一”字型，两端较窄，向前侧延伸，中间略宽，长 $(16.21 \pm 1.35) \mu\text{m}$ 、宽 $(1.65 \pm 0.27) \mu\text{m}$ ($n = 10$)。边缘小钩发育完全，具有明显的柄、柄轴及钩尖，长 (I~VII) $(15.06 \pm 2.16) \mu\text{m}$ ($n = 10$)。

基于形态学数据，本研究虫体与已报道寄生鮡属鱼类的指环虫进行比较 (附录 1)，本研究采集的标本几丁质结构的形态与鮡指环虫 (*D. gobii*) 基本一致，背联结片均为“一”字型，两端和中间微微向后侧突出，交接器均为粗型弯管状，且支持器位于交接管外侧，顶部为细管，尾部形成两个分支半包围交接管两侧，初步鉴定为鮡指环虫。

本研究采集的鮡指环虫分别与隐藏指环虫、鸡冠指环虫、鮡指环虫、区域指环虫和具鳞指环虫进行比较 (附录 1)。鮡指环虫的后吸器形状与隐藏指环虫最相似，仅在中央大钩的内突和外突的比例上存在差异，鮡指环虫约为 4:3，隐藏指环虫约为 2:1。两种指环虫交接器均为弯管状，其中鮡指环虫支持器为细管状，由交接管顶端起始，于交接管中后部分叉形成一长一短两个分支，隐藏指环虫交接管体较粗，顶部膨大，支持器为片块状，末端形成镰刀状。

本研究中鮡指环虫与鸡冠指环虫、区域指环虫和具鳞指环虫均具有 *D. extensus* 型中央大钩，但交接器存在明显差异，其中鸡冠指环虫，交接管起始部分有冠状突起，弯管状；支持器突起的脊部顶端有一个柱状突起。区域指环虫，起始部分有冠状突起，管体轻微弯曲，近圆柱型；支持器由交接管起始部位开始，中部环绕

半圈，尾部包裹交接管。具鳞指环虫交接管呈弓形，基部膨大，末端斜截；支持器呈片状，宽大，延伸与交接管成对应的弓形，分支小突横穿交接管。鮡指环虫中央大钩为 *D. wunderi* 型，除此之外，鮡指环虫与鮡指环虫在交接器上也存在差异，后者支持器由两部分组成，一部分为马蹄形，一部分为半囊形。

2.2 分子序列测定

扩增获得的鮡指环虫 18S-ITS1-5.8S rDNA 片段经校正后，最终长度为 1 036 bp，A、T、G、C 碱基的平均含量分别为 22.01%、24.13%、27.32% 和 26.54%，G + C 含量高于 A + T 含量。选择 2 个虫体的 18S-ITS1-5.8S rDNA，上传至 GenBank 数据库，登录号分别为 PP862693 和 PP862694，两序列的一致性为 100%。

BLAST 比对未发现与本研究所测序列相一致的序列，但与隐藏指环虫相似度最高 (94.04%)，其次为区域指环虫 (91.19%) 及具鳞指环虫 (88.88%)。基于 K2P 模型遗传距离矩阵显示 (表 2)，鮡指环虫与 9 种指环虫遗传距离为 0.039 ~ 0.268，与同属宿主寄生的指环虫种间遗传距离分别为，隐藏指环虫 0.039、区域指环虫 0.055、鮡指环虫 0.143、具鳞指环虫 0.122。

分子序列和遗传距离结果显示，鮡指环虫与其同属的宿主所寄生指环虫相似度较低，遗传距离较远。

2.3 系统发育分析

以指环虫科撒氏虫属的大茎撒氏虫和锚首虫科锚首虫属的鲈锚钩吸虫为外类群，基于 29 个鲤科鱼类所寄生指环虫的 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列构建的最大似然法 (ML) 和贝叶斯法 (BI) 系统发育树拓扑结构基本一致 (图 3)，主要分为两大分支，寄生于鲫 (*Carassius auratus*) 的坏鳃指环虫 (*D. vastator*)、中间指环虫 (*D. intermedius*)、美丽指环虫 (*D. formosus*)、叉茎指环虫 (*D. dulkeiti*) 和弧形指环虫 (*D. arcuatus*) 聚为第一分支。在第二分支中，本研究测定的鮡指环虫首先与隐藏指环

表 2 基于 K2P 模型的鲤科鱼类部分指环虫 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列的遗传距离矩阵

Table 2 Genetic distance matrix based on the K2P model of the partial 18S-ITS1-5.8S rDNA sequences of *Dactylogyrus* from Cyprinidae

物种 Species (GenBank 登录号 GenBank accession no.)	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 鲈指环虫 <i>Dactylogyrus gobii</i> (PP862693)									
2 隐藏指环虫 <i>D. cryptomeris</i> (AJ564123)	0.039								
3 区域指环虫 <i>D. finitimus</i> (AJ5641333)	0.055	0.051							
4 鲈指环虫 <i>D. gobiocypris</i> (OP4414171)	0.143	0.141	0.147						
5 具鳞指环虫 <i>D. squameus</i> (OQ598693)	0.122	0.122	0.126	0.184					
6 页形指环虫 <i>D. lamellatus</i> (AJ564141)	0.165	0.157	0.170	0.195	0.157				
7 中间指环虫 <i>D. intermedius</i> (KJ854364)	0.251	0.247	0.260	0.290	0.258	0.256			
8 微小指环虫 <i>D. nanoides</i> (AJ564144)	0.223	0.220	0.227	0.237	0.236	0.210	0.256		
9 伪茎指环虫 <i>D. falsiphallus</i> (KX578024)	0.225	0.222	0.237	0.246	0.235	0.221	0.261	0.076	
10 弧形指环虫 <i>D. arcuatus</i> (KC876019)	0.268	0.271	0.270	0.292	0.270	0.266	0.199	0.234	0.237

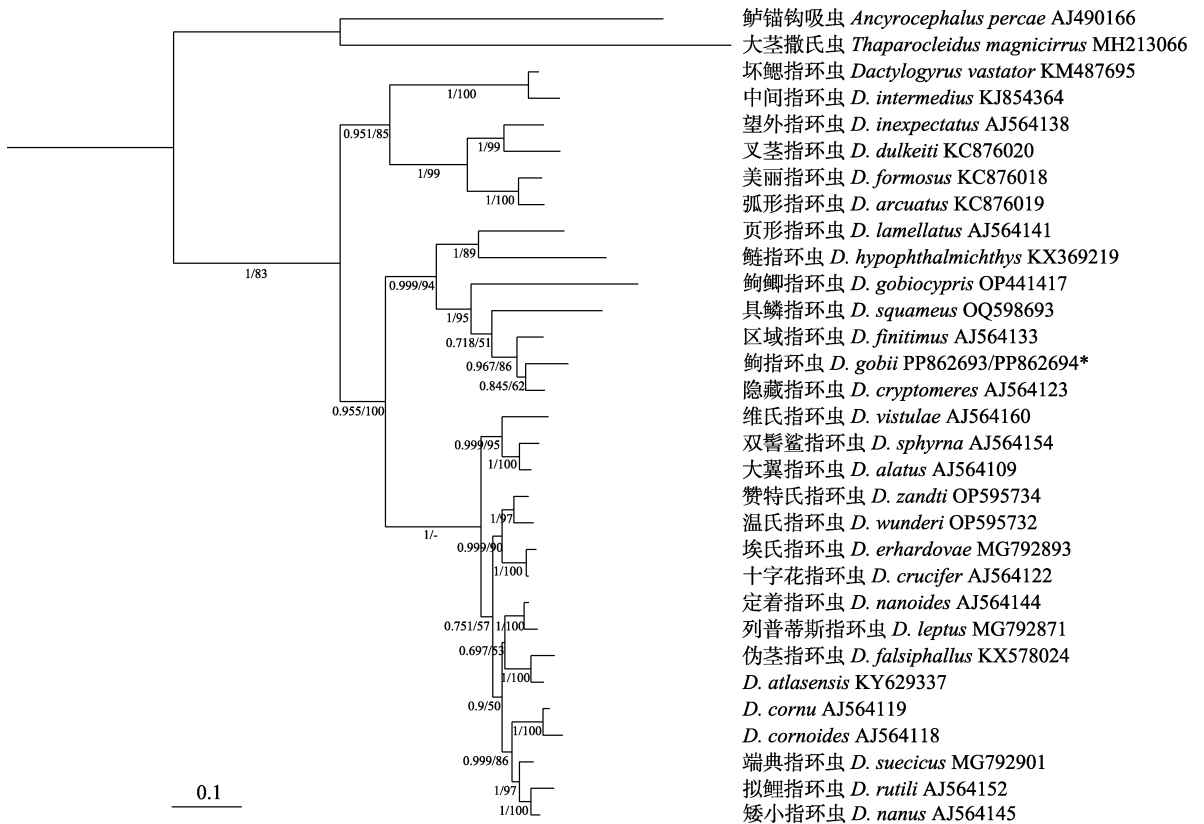


图 3 基于 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列构建的指环虫属贝叶斯系统发育树

Fig. 3 Bayesian phylogenetic trees based on *Dactylogyrus* 18S-ITS1-5.8S rDNA sequences

节点数值表示贝叶斯后验概率/自展值；标尺表示序列间遗传变异度；* 表示本研究物种。

Values on nodes indicate Bayesian posterior probabilities/bootstraps values. Scale bar indicates differences between sequences. * indicates the species collected in this study.

虫聚为一支, 再与区域指环虫、具鳞指环虫和鮡指环虫聚为一支, 随后与页形指环虫 (*D. lamellatus*)、鲢指环虫 (*D. hypophthalmichthys*) 聚为一支, 最后再与其他指环虫聚为一支。系统进化树结果表明, 鮡指环虫与隐藏指环虫亲缘关系最近, 同属宿主寄生的指环虫亲缘关系较近。

3 讨论

指环虫通过附着器官对宿主鳃丝造成机械性损伤, 严重时, 可使宿主鳃丝显著肿胀, 并产生点状的淤血。寄生虫的感染也会造成宿主鱼类运动及捕食能力下降, 加剧宿主鱼类发生细菌、病毒等继发性感染现象。本研究对额尔齐斯河尖鳍鮡寄生的指环虫进行了采样调查, 通过对该指环虫的形态测量比对, 鉴定为鮡指环虫, 为我国的指环虫新记录种, 同时补充了其吸器几丁质结构形态数据。目前, 鮡亚科鱼类中记录了 49 种指环虫 (吴宝华等 2000, Galli et al. 2010, Cheng et al. 2023), 中国报道 47 种, 相较于形态学数据, 鮡亚科寄生指环虫的分子数据更加匮乏, 目前在 NCBI 数据库中, 仅有 5 条 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列, 均寄生于鮡亚科鱼类, 本研究测定补充了鮡指环虫 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列。

3.1 形态特征

指环虫的分类依据交接器和后吸器几丁质结构的大小和形状 (Sharma et al. 2011, 喀迪尔丁·艾尔肯等 2020)。本研究采集的鮡指环虫形态具有“一字型”背联结片和腹联结片, 且交接器均为粗型弯管状, 支持器半包围交接管后, 在尾部上方形成一长一短两个分支, 与 Gussev (1985) 对鮡指环虫描述基本一致。形态测量结果显示, 本研究鮡指环虫的虫体大小是哈萨克斯坦已报道鮡指环虫 (Gussev 1985) 的 1.4~3.0 倍, 而交接器、中央大钩长度约为其 0.5 倍。以上现象与 Cheng 等 (2023) 的发现一致, 其指出, 在湖北省武汉市稀有鮡上采集的鮡指环虫形态数据是 Yao 等 (1995) 在四川省汉

源县稀有鮡上采集的鮡指环虫的 2 倍, 而后吸器、交接器却均相对较小。有关几丁质结构大小的变化, Mo (1991, 1993) 曾对单殖吸虫的鲑鱼三代虫 (*Gyrodactylus salaris*) 边缘小钩、锚钩和腹联结片在 3 种不同水温下 (0.8、10.0、18.0 °C) 的尺寸大小进行了对比, 发现上述 3 种结构的尺寸随水温变化呈现显著的季节性波动, 但形状变化不明显。春夏季水温升高时, 几丁质结构的尺寸迅速减小; 而秋冬季水温下降时, 尺寸则缓慢增大。Appleby (1996) 对 *G. callariatis* 几丁质结构变化的研究也指出, 随着水温的增加几丁质结构的尺寸减小, 反之亦然。本次鮡指环虫采集季节为夏季, 此时额尔齐斯河哈巴河河段的水温最高可达 21.4 °C (谢从新等 2021), 由此可知鮡指环虫几丁质结构小于 Gussev (1985) 对鮡指环虫描述的原因可能与季节的温度相关。

目前, 主要是通过指环虫后吸器上的锚钩、联结片以及雄性交接器等几丁质结构对其进行物种的形态鉴定。根据指环虫腹联结片的形态, 大多可以分为 17 个类型 (Galli et al. 2010, Benovics et al. 2021b), 常见的腹联结片类型有 *D. varicohini*、*D. wunder*、*D. cornu*、*D. rutili* 和 *D. magnihamatus* 型。Benovics 等 (2020, 2021b) 的研究表明, 在地中海沿岸被调查的寄生鱼类的指环虫中, 最常见的腹联结片类型是 *D. cornu* 型, 寄生于西北非洲和巴尔干半岛的亮鲃属 (*Luciobarbus*) 鱼类的所有指环虫均拥有 *D. cornu* 型腹联结片, 此外欧洲鲃属 (*Barbus*)、中东鲃属及亮鲃属鱼类寄生指环虫物种也拥有该类型腹联结片。*D. cornu* 型腹联结片是亮鲃属鱼类所寄生指环虫的典型特征。*D. lenkorani*、*D. carassobabbi* 等共 10 种指环虫拥有 *D. varicohini* 型腹联结片, 并主要分布于西北非洲、中东以及伊比利亚半岛。*D. goktschaicus*、*D. gracilis* 和 *D. andalouinsis* 的腹联结片是 *D. rutili* 型, 其中, *D. goktschaicus* 和 *D. gracilis* 分布在中东, *D. andalouinsis* 分布在伊比利亚半岛。*D. marocanus* 和 *D. pulcher*

拥有 *D. magnihamatus* 型腹联结片, 分布于西北非洲和中东地区。在本研究中, 以鮡亚科为宿主的指环虫腹联结片大多为“一”字形, 为 *D. magnihamatus* 型或 *D. varicohini* 型, 本研究通过对腹联结片的比较还发现, 以雅罗鱼亚科为宿主的指环虫腹联结片大多为 *D. wunder* 或 *D. cornu* 型, 另外, 捷克、中国鲤亚科鱼类所寄生的指环虫普遍存在腹联结片缺失的情况。以上现象与 Benovics 等 (2021b) 研究结果相似, 其发现伊比利亚半岛鲫鱼 (*C. auratus*) 和鲤鱼 (*Cyprinus carpio*) 所寄生的指环虫也出现腹联结片缺失的情况。

3.2 分子系统发育分析

本研究对鮡指环虫的 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列进行了测定, 经对比未发现一致序列, 为该虫的首次测定, 且是鮡亚科公开的第 6 条指环虫序列。经 18S-ITS1-5.8S rDNA 序列遗传距离计算, 鮡指环虫与鮡亚科鮡属寄生的隐藏指环虫、区域指环虫、具鳞指环虫和鮡鲫指环虫的遗传距离最近, 且其间的遗传距离均明显高于鲤科其他亚科同属鱼类的指环虫之间的遗传距离, Ling 等 (2016) 研究鲤亚科鲫属宿主所寄生指环虫的 18S-ITS1 rDNA 序列, 其成对遗传距离为 0.001 ~ 0.225。在其他序列的研究中, 刘彦君等 (2023) 的研究指出, 雅罗鱼亚科同属寄生指环虫的 28S rDNA 遗传距离为 0.003 ~ 0.045, 常静 (2023) 研究野鲮亚科寄生指环虫的 28S rDNA 种内遗传距离为 0.000 ~ 0.031, 属内遗传距离为 0.000 ~ 0.258。上述研究结果体现了指环虫较近的种内遗传距离和较为丰富的属内遗传距离。这种现象与 Ling 等 (2016) 对鲤亚科鲫属宿主寄生的指环虫 18S-ITS1 rDNA 序列成对遗传距离的结果接近, 支持同属宿主寄生的指环虫遗传关系更近。

系统发育树结果显示, 鮡指环虫与寄生于鮡亚科鱼类的指环虫关系最近, 其次与寄生于雅罗亚科、鲢亚科鱼类的指环虫关系较近, 此外, 寄生于鲫鱼等宿主的指环虫也聚为一支。以上结果与 Cheng 等 (2023) 对稀有鮡鲫寄生鮡

鲫指环虫的 18S-ITS1 rDNA 序列系统发育结果一致, 如寄生于鲤鱼和鲫鱼的指环虫关系更近, 且鮡鲫指环虫与鮡亚科指环虫具有相对密切的亲缘关系。综上所述可以看出, 分子系统发育显示了指环虫物种之间的关系模式, 亲缘关系较近的宿主鱼类所寄生的指环虫关系也较近 (Šimková et al. 2008, Ling et al. 2016, 魏念文等 2023), 因此, 鮡指环虫与鮡亚科鱼类所寄生的指环虫拥有更近的亲缘关系, 且鮡亚科鱼类可能是鮡指环虫的优势宿主。

参 考 文 献

- Appleby C. 1996. Variability of the opisthaptor hard parts of *Gyrodactylus callariatis* Malmberg, 1957 (Monogenea: Gyrodactylidae) from Atlantic cod *Gadus morhua* L. in the Oslo Fjord, Norway. *Systematic Parasitology*, 33(3): 199–207.
- Benovics M, Desdevises Y, Šanda R, et al. 2020. High diversity of fish ectoparasitic monogeneans (*Dactylogyrus*) in the Iberian Peninsula: a case of adaptive radiation? *Parasitology*, 147(4): 418–430.
- Benovics M, Francová K, Volta P, et al. 2021a. Helminth communities of endemic cyprinoids of the Apennine Peninsula, with remarks on ectoparasitic monogeneans, and a description of four new *Dactylogyrus* Diesing, 1850 species. *Parasitology*, 148(8): 1003–1018.
- Benovics M, Nejat F, Abdoli A, et al. 2021b. Molecular and morphological phylogeny of host-specific *Dactylogyrus* parasites (Monogenea) sheds new light on the puzzling Middle Eastern origin of European and African lineages. *Parasites & Vectors*, 14(1): 372.
- Cheng J W, Zou H, Li M, et al. 2023. Morphological and molecular identification of *Dactylogyrus gobiocypris* (Monogenea: Dactylogyridae) on gills of a model fish, *Gobiocypris rarus* (Cypriniformes: Gobiionidae). *Pathogens*, 12(2): 206.
- Dove A D M, Ernst I. 1998. Concurrent invaders—four exotic species of Monogenea now established on exotic freshwater fishes in Australia. *International Journal for Parasitology*, 28(11): 1755–1764.
- Galli P, Pugachev O N, Kritsky D C. 2010. Guide to Monogeneoidea

- of Freshwater Fish of Palaearctic and Amur Regions. Milan: Ledizioni-Ledipublishing; 1–562.
- Gibson D I, Timofeeva T A, Gerasev P I. 1996. A catalogue of the nominal species of the monogenean genus *Dactylogyrus* Diesing, 1850 and their host genera. *Systematic Parasitology*, 35(1): 3–48.
- Gussev A. 1985. Key to Parasites of Freshwater Fishes of the USSR. Leningrad: Science Publishing Company, 276–281.
- Jalali B, Barzegar M. 2005. Dactylogyrids (Dactylogyridae: Monogenea) on common carp (*Cyprinus carpio* L.) in freshwaters of Iran and description of the pathogenicity of *D. sahuensis*. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 7: 9–16.
- Kalyaanamoorthy S, Minh B Q, Wong T K F, et al. 2017. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature Methods*, 14(6): 587–589.
- Katoh K, Standley D M. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30(4): 772–780.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870–1874.
- Ling F, Tu X, Huang A G, et al. 2016. Morphometric and molecular characterization of *Dactylogyrus vastator* and *D. intermedius* in goldfish (*Carassius auratus*). *Parasitology Research*, 115(5): 1755–1765.
- Minh B Q, Schmidt H A, Chernomor O, et al. 2020. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology and Evolution*, 37(5): 1530–1534.
- Mo T A. 1991. Variations of opisthaptor hard parts of *Gyrodactylus salaris* Malmberg, 1957 (Monogenea: Gyrodactylidae) on parr of Atlantic Salmon *Salmo salar* L. in laboratory experiments. *Systematic Parasitology*, 20(1): 11–19.
- Mo T A. 1993. Seasonal variations of the opisthaptor hard parts of *Gyrodactylus derjavini* Mikailov, 1975 (Monogenea: Gyrodactylidae) on brown trout *Salmo trutta* L. parr and Atlantic salmon *S. salar* L. parr in the River Sandvikselva, Norway. *Systematic Parasitology*, 26(3): 225–231.
- Rahanandeh M, Jalali B, Sharifpour I, et al. 2014. Survey on *Dactylogyrosis* in Caspian Frisian roach (*Rutilus fisii ktum*) caused by *Dactylogyrus fisii*. *Global Veterinaria*, 4(11): 515–518.
- 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.
- Sharma P, Agarwal N, Kumar S. 2011. Ribosomal DNA and morphological analysis of *Dactylogyrus* species from freshwater fishes of India. *Journal of Parasitic Diseases*, 35(2): 210–214.
- Šimková A, Morand S. 2008. Co-evolutionary patterns in congeneric monogeneans: a review of *Dactylogyrus* species and their cyprinid hosts. *Journal of Fish Biology*, 73(9): 2210–2227.
- Šimková A, Plaisance L, Matějusová I, et al. 2003. Phylogenetic relationships of the Dactylogyridae Bychowsky, 1933 (Monogenea: Dactylogyridae): the need for the systematic revision of the Ancyrocephalinae Bychowsky, 1937. *Systematic Parasitology*, 54(1): 1–11.
- Talavera G, Castresana J. 2007. Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments. *Systematic Biology*, 56(4): 564–577.
- Tu X, Ling F, Huang A G, et al. 2015. The first report of *Dactylogyrus formosus* Kulwicz, 1927 (Monogenea: Dactylogyridae) from goldfish (*Carassius auratus*) in central China. *Parasitology Research*, 114(7): 2689–2696.
- 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.
- 常静. 2023. 基于 28S rDNA 和线粒体基因组野鲮亚科寄生指环虫属和似指环虫属的整合分类学研究. 昆明: 云南师范大学硕士学位论文, 47–78.
- 郭焱. 2012. 新疆鱼类志. 乌鲁木齐: 新疆科学技术出版社, 102–103.
- 郭焱, 张人铭, 蔡林钢. 2012. 新疆鱼类志. 乌鲁木齐: 新疆科学技术出版社, 102–103.
- 金晓峰, 牛建功. 2018. 别列孜克河水生生态初步调查. 黑龙江水

- 产, 37(6): 37-42.
- 喀迪尔丁·艾尔肯, 郭爱民, 郝翠兰, 等. 2020. 裂腹鱼指环虫 (*Monogenea: Dactylogyridae*) 一新记录种. 水生生物学报, 44(3): 663-669.
- 刘春池, 牛建功, 刘鸿, 等. 2021. 额尔齐斯河流域鱼类群落结构及外来鱼类分布. 水产学杂志, 34(1): 46-53.
- 刘彦君, 魏念文, 穆妮热·喀迪尔, 等. 2023. 额尔齐斯河流域湖拟鲤寄生指环虫——中国分布新记录种十字花指环虫. 动物学杂志, 58(4): 579-589.
- 任慕莲, 郭焱, 张人铭, 等. 2002. 中国额尔齐斯河鱼类资源及渔业. 乌鲁木齐: 新疆科技卫生出版社, 133-137.
- 容梦婕, 喀迪尔丁·艾尔肯, 张文润, 等. 2020. 新疆叶尔羌河流域斑重唇鱼寄生单式指环虫中国一新纪录. 淡水渔业, 50(6): 46-51.
- 魏念文, 刘彦君, 石彩霞, 等. 2023. 东方欧鳊寄生指环虫种类鉴定及系统发育分析. 中国畜牧兽医, 50(7): 2876-2887.
- 吴宝华, 朗所, 王伟俊. 2000. 中国动物志: 单殖吸虫纲. 北京: 科学出版社, 1-756.
- 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): 52-53.
- 谢从新, 郭焱, 李云峰, 等. 2021. 新疆跨境河流水生态环境与渔业资源调查: 额尔齐斯河. 北京: 科学出版社, 1-402.
- 中国科学院水生生物研究所鱼病学研究室. 1981. 鱼病调查手册. 2版. 上海: 上海科学技术出版社, 1-278.

附录 1 鲈指环虫和其他寄生鳗属鱼类的指环虫形态数据比较

Appendix 1 Comparison of the morphology data of *Dactylogytrus gobi* and other parasitic fish

	鲈指环虫 <i>D. gobi</i> 本研究 This study	鲈指环虫 <i>D. gobi</i> Gussev 1985	隐藏指环虫 <i>D. cryptomeres</i> 吴宝华等 2000	鸡冠指环虫 <i>D. cristatus</i> 吴宝华等 2000	胸侧指环虫 <i>D. gobiocypris</i> Cheng et al. 2023 <i>n</i> = 56	区域指环虫 <i>D. finitimus</i> Galli et al. 2010	具鳞指环虫 <i>D. squameus</i> 吴宝华等 2000
体长 (μm) Total body length	579.62 ± 175.68 (<i>n</i> = 14)	250	570	840	182.0 ± 34.6 (117.7 - 248.4)	600	240 - 330
体宽 (μm) Total body width	135.07 ± 56.74 (<i>n</i> = 14)	70	190	210	44.8 ± 9.6 (27.8 - 74.1)	150	50 - 80
中央大钩 Anchor (μm)	19.39 ± 1.22 (<i>n</i> = 12)	34 - 40	40 - 47	48 - 55	26.4 ± 1.6 (23.8 - 30.1)	40 - 46	36 - 39
基部长 Base length (μm)	18.68 ± 0.82 (<i>n</i> = 12)	29 - 35	-	39 - 49	21.1 ± 1.5 (18.2 - 24.3)	31 - 38	30 - 33
内突 Inner root (μm)	4.03 ± 0.69 (<i>n</i> = 12)	7	10 - 11	8 - 12	7.2 ± 0.7 (5.9 - 9.0)	10 - 16	8 - 9
外突 Outer root (μm)	2.60 ± 0.32 (<i>n</i> = 12)	4 - 5	5	3 - 5	1.0 ± 0.2 (0.6 - 1.9)	2 - 5	5 - 6
钩尖长 Point (μm)	6.32 ± 0.85 (<i>n</i> = 12)	10 - 12	9 - 10	9 - 11	11.5 ± 0.8 (9.5 - 13.4)	9 - 11	8 - 10
背联结片形状 Dorsal bar shape	“一”字型。两端钝 圆略向右侧突出，中 间略向左侧突出 Straight line-shaped, with two ends protruding backward and the middle part protruding slightly backward	“一”字型。两端钝 圆略向右侧突出，中 间略向左侧突出 Straight line shaped, with two ends protruding backward and the middle part protruding slightly backward	“一”字型。两端向 一侧突出 Straight line-shaped, protruding to one side at both ends backward	“一”字型。两端和 中间稍微向右侧突出 Straight line-shaped, with both ends and the middle part slightly protruding backward	“一”字型。两端钝 圆微向右侧弯曲的， 中间后侧突出 Straight line-shaped, with both ends blunt and slightly curving backward, and the middle part protruding backward	“一”字型。两端钝 圆，略向后突出，中 间向前侧突出 Straight line-shaped, with both ends blunt and slightly protruding backward, and the middle part protruding forward	联结片宽大，后缘有 波形起伏 Wide and big, with a wavy or undulating posterior margin
背联结片大小 Dorsal bar size (μm)	(2.93 ± 0.44) × (18.40 ± 1.35) (<i>n</i> = 12)	(3 - 4) × (22 - 28)	(4 - 8) × (27 - 37)	(5 - 8) × (30 - 41)	2.4 ± 0.4 (1.5 - 3.5)	(6 - 8) × (26 - 30)	(5 - 6) × (21 - 24)

续附录 1

	鮠指环虫 <i>D. gobii</i> 本研究 This study	鮠指环虫 <i>D. gobii</i> Gussev 1985	隐藏指环虫 <i>D. cryptomeres</i> 吴宝华等 2000	鸡冠指环虫 <i>D. cristatus</i> 吴宝华等 2000	鮠指环虫 <i>D. gobiocypris</i> Cheng et al. 2023 <i>n</i> = 56	区域指环虫 <i>D. finitimus</i> Galli et al. 2010	具鳞指环虫 <i>D. squameus</i> 吴宝华等 2000
腹联结片形状 Ventral bar shape	“一”字型。两端细, 向前延伸, 中间略微变宽 Straight line-shaped, with both ends being narrow and extending forward and the middle part being slightly wider	“一”字型。两端细, 向前延伸, 中间略微变宽 Straight line-shaped, with both ends being narrow and extending forward and the middle part being slightly wider	“一”字型。两端细, 中间呈波浪状且略粗于两端 Straight line-shaped, with both ends being narrow and the middle part being wavy and slightly thicker than both ends	“一”字型。两端细且平坦, 中间向后侧形成小的“v”型 Straight line-shaped, with both ends being thin and flat and the middle part protruding backward to form a small V shape	中部有不规则形状的手指状突起, 前小, 后大 Middle part has irregularly shaped finger-like protrusions, smaller anteriorly and larger posteriorly	细、宽 V 型 Narrow, wide V-shaped	
腹联结片大小 Ventral bar size (μm)	(1.65 ± 0.27) × (16.21 ± 1.35) (<i>n</i> = 10)	20 - 24	4 × (26 - 29)	(3 - 6) × (23 - 39)	3.6 ± 0.7 (2.4 - 5.7)	(10 - 15) × (20 - 27)	(1 - 2) × (21 - 24)
边缘小钩 Marginal hook (μm)	15.06 ± 2.16 (<i>n</i> = 10)	22 - 30	29 - 39	29 ~ 40	17.1 ± 1.5 (14.3 - 22.8)	22 - 36	17 - 30
交接器长 Copulatory organ length (μm)	12.56 ± 1.55 (<i>n</i> = 12)	22 - 26	40 - 50	90	11.9 ± 1.2 (10.3 - 14.4)	35 - 45	21 - 24
交接管 Copulatory tube	粗型弯管 Thick curved tube	粗型弯管 Thick curved tube	粗型弯管 Thick curved tube	起始部分有冠状突起, 弯管状 Initial part has a coronal protrusion, tubular and curved	交接管基部膨大, 顶端细窄 Base of the copulatory tube is swollen or expanded, while the tip is narrow or slender	起始部分有冠状突起, 管体轻微弯曲, 近圆柱型 Initial part features a coronal protrusion, and the tube body is slightly curved, nearly cylindrical	交接管呈弓形, 基部膨大, 末端斜截 Copulatory tube is arc-shaped, swollen at the base, obliquely truncated at the end
支持器 Accessory piece	半包围交接管后, 在尾部上方形成一长一短两个分支 Accessory piece encloses the copulatory tube, forming one long branch and one short branch above the tail	半包围交接管后, 在尾部上方形成一长一短两个分支 Accessory piece encloses the copulatory tube, forming one long branch and one short branch above the tail	片块状, 未端形成镰刀状 Block shaped, with ends in two sickle-shaped forks	突起的部分顶端有一个柱状突起 Crest of the protrusion has a columnar protrusion	由两部分组成, 一部分为马蹄形, 一部分为半囊形 One part is horseshoe-shaped and the other part is semi-sacculus	支持器由交接管起始部位开始, 中部环绕半圈, 尾部包裹交接管 Accessory piece originates from the base of the copulatory tube, encircles halfway around the midregion, and envelops the tube at the distal end.	呈片状, 宽大, 延伸与交接管成对应的弓形, 分支小突横穿交接管 Lamellar, broad, extending in an arc corresponding to the copulatory tube, with small branching protrusions crossing the tube