

台灣地區矮化線蟲新記錄種 *Tylenchorhynchus zae* (Nematoda: Belonolaimidae) 之鑑定

陳殿義¹ 倪蕙芳² 蔡東纂^{3,4}

¹ 台中縣 行政院農業委員會農業試驗所 植物病理組

² 嘉義市 行政院農業委員會農業試驗所嘉義分所 植物保護系

³ 台中市 國立中興大學植物病理學系

⁴ 聯絡作者，電子郵件：ttsay@nchu.edu.tw，傳真：+886-4-22876712

接受日期：中華民國 96 年 5 月 8 日

摘要

陳殿義、倪蕙芳、蔡東纂. 2007. 台灣地區矮化線蟲新記錄種 *Tylenchorhynchus zae* (Nematoda: Belonolaimidae) 之鑑定. 植病會刊 16 : 79-86

自 2006 年 8 月起，從台灣 4 個鄉鎮地區的玉米、甘藍及白花椰菜等作物的根圈土壤中共分離鑑定 6 群 *Tylenchorhynchus zae* Sethi & Swarup, 1968，此一矮化線蟲為台灣地區的新記錄種。各群矮化線蟲之主要鑑定依據為外觀形態和形態測量值 (morphometrics)，並輔以核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段 (包括完整 5.8S 基因，內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2 及部分 18S 和 28S 基因) 鹼基序列的相似度比對分析。本研究提供較副模標本更多的形態測量值 (包括 b'、m、o、EP、P、tail 及 ABW 等共 7 項) 和 SEM 外觀形態資料，並首次在 GenBank 中登錄 *T. zae* 的 rDNA 片段代表性序列，大小為 1151 bp，其中 ITS-1、ITS-2 和 5.8S 的序列大小依序分別為 459 bp、225 bp 及 161 bp。

關鍵詞：矮化線蟲、鑑定、形態測量值、核糖體 DNA、內轉錄區間、*Tylenchorhynchus zae*

在早期 1963 至 1972 年代，台灣地區先後所記載之矮化線蟲種類有 *Tylenchorhynchus nudus* Allen, 1955、*T. annulatus* (Cassidy, 1930) Golden, 1971 (= *T. martini* Fielding, 1956) 及 *T. cylindricus* Cobb, 1913 等共 3 種^(14, 17, 21)，其寄主植物分別為甘蔗、水稻及棉等作物，其中關於 *T. nudus* 的鑑定資料僅有雌蟲全隻及頭端的圖片，以及形態的簡略描述，未記錄相關形態特徵的測量資料，而 *T. cylindricus* 的鑑定依據也僅是一隻雌蟲的部份測量數據。西元 1970 年 3 月至 1971 年底，黃氏等⁽¹⁵⁾ 進行全台各地的糧食、雜糧、特用、蔬菜、果樹及花卉等作物的線蟲調查，在總共 71 個植物種類上可發現到矮化線蟲 (*Tylenchorhynchus* spp.)，然該調查研究工作後續並未進行種類鑑定，而線蟲標本也不可復得。依據 Fortuner 和 Luc 二氏⁽¹²⁾ 的分類方法，現今全世界正式發表的矮化線蟲種類至少已達 177 種⁽¹⁾ 以上。近年來，陳氏等⁽¹⁰⁾ 從台灣地區的水稻、食

用紅甘蔗和白甘蔗、製糖甘蔗、食用玉米、香蕉 (北蕉和芭蕉) 及麻竹的根圈土壤中，總計分離到 19 群的矮化線蟲，經由光學和低溫場放射掃描式電子顯微鏡 (cryo-field emission scanning electron microscope) 的線蟲內外部構造觀察、雌蟲和雄蟲的形態測量值 (morphometrics) 比對及核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段的鹼基序列相似度值分析後，鑑定出 10 群的 *T. annulatus* 和 9 群的 *T. leviterminalis* Siddiqi, Mukherjee & Dasgupta, 1982。自 2006 年 8 月起，本文作者陸續在花蓮縣新城、雲林縣虎尾和褒忠及彰化縣溪湖等 4 個地區，從食用玉米 (corn, *Zea mays* L.)、甘藍 (高麗菜) (cabbage, *Brassica oleracea* var. *capitata* DC.) 及白花椰菜 (cauliflower, *Brassica oleracea* var. *botrytis* L.) 等六個田區中，總共分離到六群矮化線蟲，利用上述陳氏等⁽¹⁰⁾ 相同之鑑定方法，判定該 6 個矮化線蟲族群為同一種類，而且與前述四個已知的矮化線蟲種類在形態上有顯著的不同，經文獻資料比對確定

為 *T. zae* Sethi & Swarup, 1968^(1,20)，而該種矮化線蟲為台灣地區的新記錄種，茲將鑑定方法及結果報告詳述如後。

六個矮化線蟲供試群 (表一，代碼編號分別為 Tzeal-6) 的來源是於每一田區選取相鄰 2-3 植株，以小鐵鏟挖取根圈土壤，放入塑膠封口袋中，重量大約 1-2 公斤。線蟲分離方法是每包土樣先經攪拌混合後，稱取 100 克為單位，以改良式柏門氏漏斗分離法進行，靜置 24 小時後，於放大倍率 20-80 倍的解剖顯微鏡下，以玻璃吸管吸取鏡檢皿中的矮化線蟲族群，移入 2% 福馬林溶液殺死且固定後，置於室溫下備用或 6°C 冷藏櫃中長期保存。關於線蟲之體長、尾長或口針長度等的測量方法，以及種內各群間或與已知矮化線蟲種間 rDNA 片段 (包含完整 5.8S 基因和內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2，以及部分 18S 和 28S 基因) 鹼基序列的相似度值比較，其所採用之分析軟體和參數設定值皆和陳氏等⁽²⁾之報告相同。線蟲總量 DNA 抽取、rDNA 片段鹼基序列之選殖和解序等則依陳氏等⁽⁷⁾之改良方法。

線蟲體表構造以低溫場放射掃描式電子顯微鏡觀察，先將保存在 2% 福馬林溶液中的線蟲樣本，以細玻璃吸管吸取至清水中漂洗後，再將蟲體以吸管吸取至邊長約 0.5 公分的正方形拭鏡紙 (Kimwipes® EX-L) 中間位置。待適當乾燥後，以鑷子挾取拭鏡紙，將其黏附至圓形金屬基座的上方表面，蓋上另一金屬蓋子，放入液態氮中冷凍固定後，迅速移入低溫零下 130°C 真空室中觀察 (JSM-6330F, Jeol, Tokyo, Japan)。

至於 *Tylenchorhynchus zae* 的 rDNA 片段代表性序列 (一致性序列, consensus sequence) 的產生方式是從 Tzeal、Pzea2、Pzea4 及 Pzea5 等 4 群中，由 Pzea1 挑取 3 個選殖體，其餘 3 群各取 1 個選殖體進行定序，共獲得 6 條 rDNA 片段原始序列，而由前 5 條序列以 Pretty program (GCG, SeqWeb 3.1 版) 進行同時多條序列比對 (multiple sequences alignment)，由此方法產生的一致性序列再經由人為檢視修正後為 *T. zae* 之 rDNA 片段代表性序列 (1151 bp, GenBank, Accession No. EF519711)。

關於 *Tylenchorhynchus zae* 的 rDNA 片段之代表性序列中的 5.8S 基因、ITS-1 及 ITS-2 的各別序列區間的推測範圍，其方法是經由和 GenBank 中所登錄之二種矮化線蟲 *T. annulatus*, *T. leviterminalis* (Accession No. EF030983; EF030984)⁽¹⁰⁾、稻穿根線蟲 *Hirschmanniella oryzae* (Accession No. DQ309588)⁽⁹⁾、矛 (冠) 線蟲 *Hoplolaimus columbus* (Accession No. DQ309584)⁽⁷⁾、螺旋線蟲 *Helicotylenchus dihystra* (Accession No.

DQ309585)⁽⁸⁾ 及螺旋線蟲 *Rotylenchus brevicaudatus* (Accession No. DQ309587)⁽⁸⁾ 等共 6 個 rDNA 片段序列，以 BestFit program (GCG, SeqWeb 3.1 版) 進行成對比對後所推估得來。各群線蟲間之形態測量值差異分析是以 SAS 統計分析軟體 GLM 程序 (1999, V8.2) 進行變方分析。

截至目前，由台灣地區的三个食用玉米田、一個甘藍園及二個白花椰菜園的根圈中分離鑑定出六個 *Tylenchorhynchus zae* 矮化線蟲族群，各群雌蟲的主要形態測量平均值 (表一)，除 Tzeal 的 L 項 (0.66 mm) 和 Tzeal6 的 stylet 項 (18.9 μm) 分別和其他 5 群的平均值間有顯著差異外 ($P=0.01$)，該二群的其餘各項平均值和其他各群間並無顯著差異情形，另外 6 群間的 V、m 及 DOG 等共 3 項的平均值皆無顯著差異。至於其中 4 群雄蟲的形態測量平均值 (表二)，除 Tzeal 的 Spicule 項 (23.1 mm) 和 Tzeal5 的 stylet 項 (18.1 μm) 分別和其他 3 群的平均值間有顯著差異外 ($P=0.01$)，該二群的其餘各項平均值和其他各群間並無顯著差異情形，另外 4 群間的 a、c'、m、DOG、O、EP、P 及 ABW 等共 8 項的平均值間皆無顯著差異。

Tylenchorhynchus zae 雌蟲於靜止或殺死固定後，蟲體大多呈現 'c' 字型，蟲體最大寬度約 19.3 μm (17-24 μm)，陰門 (vulva) 位於蟲體中央稍後 (V=56.1-57.4%)，卵巢前後對生，為雙卵巢型 (didelphic)，其貯精囊 (spermatheca) 為圓形，充滿精子。(圖一, A)。唇部上具有 4 個體環 (annules) 其高度約 3.3 μm (2.7-4.0 μm)，與蟲體銜接處有明顯縮窄 (圖一, B；圖二, A)。口針結球 (stylet knob) 呈現方形，其橫寬度約 3.8 μm (3.2-4.5 μm)；背部食道腺體開口的位置接近口針結球基部，二者間距離的平均值約 2.7 μm (1.9-3.6 μm)；中部食道球 (median bulb) 卵圓形，其橫寬度約 10.8 μm (9.3-12.7 μm)，食道球瓣明顯；狹細部 (isthmus) 細長，基部食道球 (post-esophageal bulb) 為長梨型，明顯地正面貼近於腸 (intestine) 前端；排泄孔 (excretory pore) 位於基部食道球前緣，和頭端間約有 56-59 (n=5) 個體環，與頭端距離的平均值約為 86.2 μm (67-101 μm) (圖一, B)。尾部為棍棒狀，尾端平滑，肛門 (anus) 至尾端間的體環，於光學顯微鏡下檢視大多不明顯 (圖一, C 和 D)，但於 SEM 下觀察，體環較清晰，數目分別為 19 和 18 個，而側尾腺孔 (phasmids) 至尾末端間則有 12 和 11 個體環 (圖二, B 和 C)，其至尾端間的距離約為 24.9 μm (18.3-33.0 μm)。蟲體兩側之側帶 (lateral field)，寬度平均值約 6.0 μm (4.7-7.7 μm)，約佔體寬的 1/3，具有 4 條側帶溝 (incisures)，不具側帶橫條溝 (aerolations) (圖二, B 和 C)。雄蟲之整體外觀和雌蟲相

表一、台灣地區 *Tylenchorhynchus zae* 雌蟲之形態測量值與印度地區副模標本群之比較Table 1. Comparison between the morphometrics of *Tylenchorhynchus zae* female populations from Taiwan and paratypes recorded in India

Character ¹	Locality and host (code)						
	Sincheng corn (Tzea1)	Huwei corn (Tzea2)	Baojhong corn (Tzea3)	Baojhong cabbage (Tzea4)	Sihu cauliflower (Tzea5)	Sihu cauliflower (Tzea6)	Punjab, India ⁴ <i>Zea mays</i> (paratypes)
n	12	12	12	13	19	16	13
L (mm)	0.59 ± 0.03 ³ c ³ (0.53-0.64)	0.61 ± 0.04bc (0.53-0.68)	0.57 ± 0.03c (0.52-0.61)	0.66 ± 0.03a (0.61-0.71)	0.60 ± 0.04c (0.51-0.69)	0.60 ± 0.04c (0.53-0.66)	0.53-0.64
a	32.1 ± 1.9a (28.6-34.4)	32.5 ± 2.3a (29.5-36.5)	31.2 ± 1.6a (29.0-33.9)	31.3 ± 2.7a (26.5-35.5)	29.8 ± 3.7b (20.0-35.9)	30.9 ± 2.5ab (25.2-33.9)	26-34
b	5.3 ± 0.3a (4.9-5.7)	5.1 ± 0.3ab (4.7-5.7)	5.0 ± 0.2b (4.7-5.5)	5.5 ± 0.2a (5.2-6.1)	5.4 ± 0.6a (4.6-7.1)	5.3 ± 0.3a (4.5-5.8)	4.8-6.0
b'	10.5 ± 0.5ab (10.0-11.5)	10.2 ± 0.6b (9.3-10.9)	10.0 ± 0.5b (9.3-11.1)	11.5 ± 0.4a (11.0-12.5)	11.0 ± 1.5a (9.5-15.2)	10.6 ± 0.8a (9.0-12.1)	-
c	17.4 ± 1.3b (14.4-18.8)	16.8 ± 1.5b (14.0-18.8)	16.4 ± 0.6b (15.6-17.4)	18.3 ± 1.5ab (15.6-21.2)	19.4 ± 2.6a (16.9-25.7)	18.7 ± 2.3a (15.5-23.6)	14-20
c'	2.8 ± 0.3ab (2.3-3.1)	2.9 ± 0.2a (2.5-3.3)	2.8 ± 0.2ab (2.5-3.2)	2.6 ± 0.1bc (2.3-2.8)	2.3 ± 0.2c (2.0-2.7)	2.4 ± 0.3c (1.9-3.1)	2.6
V	57.4 ± 1.8a (55.5-61.1)	57.3 ± 1.8a (54.6-60.6)	56.8 ± 1.3a (54.8-59.2)	56.1 ± 0.9a (55.0-57.9)	57.0 ± 1.3a (53.8-58.6)	56.8 ± 1.3a (54.7-59.7)	57-61
Stylet (μm)	17.2 ± 0.7cd (16.3-18.7)	17.2 ± 1.2cd (16.1-20.7)	16.7 ± 0.8d (15.3-17.7)	17.6 ± 0.6c (17.0-18.8)	17.7 ± 0.6bc (16.7-18.7)	18.9 ± 1.0a (17.0-20.7)	17-20
m	49.6 ± 1.6a (47.1-52.1)	49.3 ± 1.9a (46.1-52.1)	50.0 ± 1.5a (47.7-52.1)	49.6 ± 0.7a (48.0-50.5)	49.5 ± 1.4a (45.4-51.1)	49.9 ± 1.0a (47.9-51.9)	-
DOG (μm)	2.6 ± 0.3a (2.1-3.2)	2.5 ± 0.3a (2.0-3.2)	2.8 ± 0.5a (2.1-3.6)	2.8 ± 0.3a (2.4-3.2)	2.7 ± 0.4a (2.1-3.3)	2.5 ± 0.4a (1.9-3.0)	2-3
O	15.0 ± 1.7ab (11.9-18.5)	14.5 ± 1.6ab (11.8-16.8)	16.6 ± 2.8a (11.9-20.3)	16.0 ± 1.7a (12.8-18.5)	15.4 ± 2.4a (12.0-19.1)	13.3 ± 1.6b (10.5-15.6)	-
EP (μm)	85 ± 4ab (78-90)	88 ± 5ab (83-98)	82 ± 6b (72-92)	89 ± 5a (83-101)	86 ± 8ab (67-99)	87 ± 6ab (75-98)	-
P	14.5 ± 0.7a (13.7-15.8)	14.3 ± 0.6ab (13.4-15.3)	14.5 ± 1.0ab (13.1-16.0)	13.4 ± 0.6b (12.5-14.3)	14.4 ± 1.3ab (11.4-16.1)	14.5 ± 1.0a (12.5-16.8)	-
Tail (μm)	34 ± 2ab (31-39)	36 ± 3a (33-40)	35 ± 2a (32-38)	36 ± 2a (33-39)	32 ± 4b (23-40)	33 ± 4b (27-40)	-
ABW (μm)	12 ± 1d (11-14)	13 ± 1cd (11-13)	13 ± 1d (12-13)	14 ± 1a (13-16)	14 ± 1ab (11-15)	14 ± 1a (13-15)	-

¹ n=no. of nematodes; L=body length; a=body length divided by the maximum width; b=body length divided by the length from head end to the posterior end of esophageal gland; b' = body length divided by the length from anterior end of body to the median bulb; c=body length divided by length of tail; c' =tail length divided by anal diameter of body; V=ratio between distance from vulva to anterior end of body and total body length in %; m= ratio between the length of prohabdion and stylet in %; DOG= distance from base of stylet to the orifice of dorsal esophageal gland; o=ratio between the length of DOG and stylet in %; EP= the distance from excretory pore to the anterior end of body; p=ratio between the length of EP and body length in %; ABW=Anal body width.

² Measurements in the form: mean ± standard deviation (population range), “-” = no data.

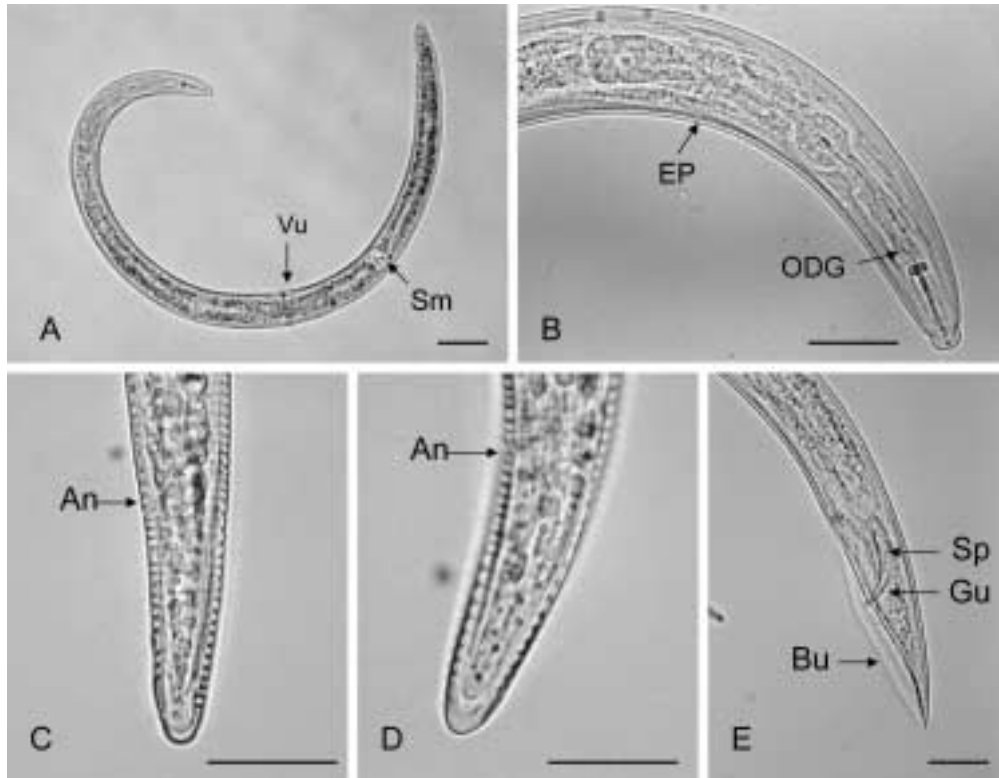
³ Data in each row with the same letter were not significantly different at 1% level by LSMEANS/TDIFF.

⁴ Sethi, C. L. & Swarup, G. 1968⁽²⁰⁾

表二、台灣地區 *Tylenchorhynchus zeae* 雄蟲之形態測量值與在印度地區副模標本群之比較Table 2. Comparison between the morphometrics of *Tylenchorhynchus zeae* male populations from Taiwan and paratypes recorded in India

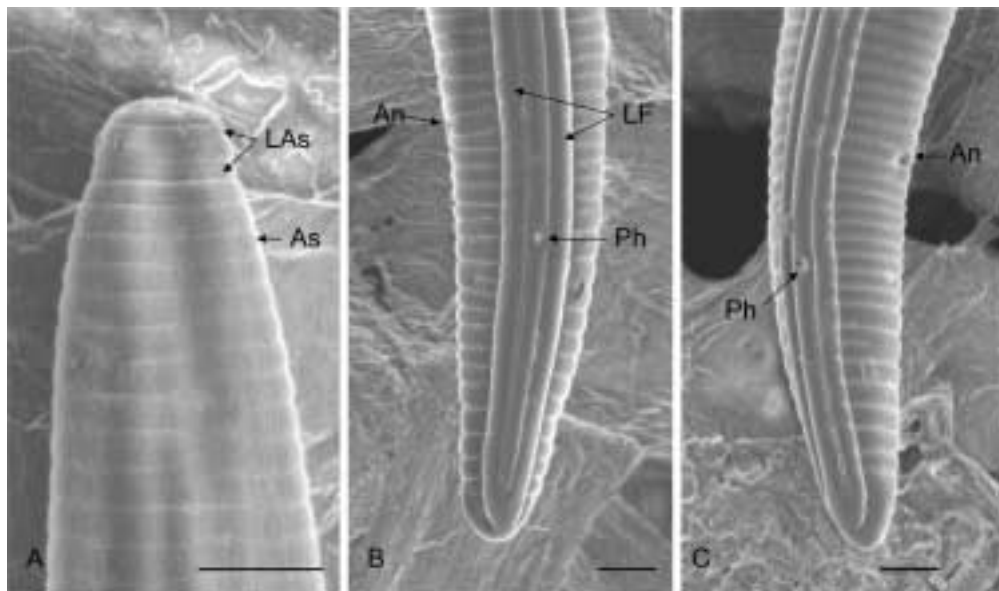
Character ¹	Locality and host (code)				
	Sincheng corn (Tzea1)	Huwei corn (Tzea2)	Baojhong cabbage (Tzea4)	Sihu cauliflower (Tzea5)	Punjab, India ⁴ <i>Zea mays</i> (paratypes)
n	10	10	12	13	5
L (mm)	0.57 ± 0.03 ³ _b ³ (0.54-0.64)	0.58 ± 0.03 _b (0.53-0.63)	0.62 ± 0.05 _a (0.56-0.74)	0.60 ± 0.04 _{ab} (0.52-0.64)	0.55-0.61
a	33.1 ± 1.4 _a (30.6-36.0)	33.1 ± 2.3 _a (30.6-38.7)	32.7 ± 2.6 _a (28.7-37.0)	32.8 ± 2.6 _a (28.9-36.5)	27-34
b	5.1 ± 0.3 _{ab} (4.7-5.5)	5.0 ± 0.2 _b (4.5-5.2)	5.4 ± 0.4 _a (4.9-6.2)	5.2 ± 0.2 _{ab} (4.9-5.6)	4.8-5.8
b'	10.3 ± 0.6 _{ab} (9.3-11.0)	9.9 ± 0.4 _b (9.1-10.5)	10.8 ± 1.0 _a (9.8-12.8)	10.4 ± 0.6 _{ab} (9.7-11.6)	-
c	16.4 ± 0.8 _{ab} (14.7-17.4)	15.2 ± 1.5 _b (13.1-18.0)	16.1 ± 1.3 _{ab} (13.2-18.2)	17.0 ± 1.8 _a (14.1-20.0)	15-21
c'	2.9 ± 0.2 _a (2.6-3.2)	3.0 ± 0.3 _a (2.5-3.5)	3.0 ± 0.3 _a (2.7-3.7)	2.8 ± 0.2 _a (2.4-3.1)	-
Spicule (μm)	21.4 ± 1.1 _c (20.0-23.0)	21.4 ± 1.0 _{bc} (20.0-23.3)	23.1 ± 1.4 _a (20.7-25.0)	20.5 ± 1.0 _c (18.3-21.7)	20
Stylet (μm)	17.1 ± 0.4 _c (16.1-17.5)	16.8 ± 0.9 _c (15.3-18.3)	17.4 ± 0.5 _{bc} (16.7-18.3)	18.1 ± 0.7 _a (17.3-19.0)	17-20
m	49.7 ± 1.1 _a (48.0-51.2)	49.3 ± 1.7 _a (46.2-52.3)	49.9 ± 1.3 _a (48.0-52.1)	49.8 ± 1.2 _a (48.0-52.0)	-
DOG (μm)	2.5 ± 0.3 _a (2.0-3.1)	2.5 ± 0.4 _a (2.0-3.0)	2.6 ± 0.3 _a (2.3-3.3)	2.6 ± 0.3 _a (2.1-3.1)	-
O	15.0 ± 1.9 _a (11.6-17.7)	14.6 ± 2.0 _a (11.3-17.6)	15.1 ± 1.5 _a (12.8-18.9)	14.3 ± 2.2 _a (11.2-16.9)	-
EP (μm)	86 ± 6 _a (75-92)	89 ± 5 _a (79-99)	91 ± 6 _a (86-102)	88 ± 7 _a (74-95)	-
P	15.1 ± 1.0 _a (13.4-16.7)	15.4 ± 0.9 _a (14.4-17.1)	14.8 ± 1.0 _a (13.0-16.2)	14.9 ± 0.9 _a (13.6-16.7)	-
Tail (μm)	35 ± 2 _b (31-38)	38 ± 3 _{ab} (34-42)	39 ± 4 _a (34-46)	35 ± 3 _b (29-40)	-
ABW (μm)	12 ± 1 _a (11-13)	13 ± 1 _a (11-15)	13 ± 1 _a (12-15)	13 ± 1 _a (11-14)	-

^{1,2,3,4} See table 1.



圖一、*Tylenchorhynchus zeae* 之光學影像形態：A, 雌蟲整體形態 (Sm, 貯精囊；Vu, 陰門)；B, 蟲體頭端部分 (EP, 排泄孔；ODG, 背部食道腺體之開口位置)；C 和 D, 雌蟲尾部 (An, 肛門)；E, 雄蟲尾部 (Bu, 交接囊；Gu, 副刺；Sp, 交接刺)。比例尺長度：A-E = 20 微米。

Fig. 1. Photomicrographs of *Tylenchorhynchus zeae*: A, Whole body (Sm, spermatheca; Vu, vulva); B, Anterior region of female (EP, excretory pore; ODG, orifice of dorsal esophageal gland); C&D, Female tail (An, anus); E, Male tail, (Bu, bursa; Gu, gubernaculum; Sp, spicule). Scale bars in A-E = 20 μ m.



圖二、*Tylenchorhynchus zeae* 雌蟲之SEM影像形態：A, 頭端部分 (LAs, 唇區體環；As, 體環)；B 和 C, 尾部 (An, 肛門；LF, 側帶；Ph, 側尾腺口)。比例尺長度：A-C = 5 微米。

Fig. 2. SEM photomicrographs of *Tylenchorhynchus zeae* female: A, Anterior region (LAs, lip annules; As, annules); B&C, Tail region (An, anus; LF, lateral field; Ph, phasmid). Scale bars in A-C = 5 μ m.

近，其間主要差異為雄蟲體型較細且尾端尖銳；交接刺 (spicule) 成對，微向腹面彎曲；副刺 (gubernaculum) 棍棒形，長度約 10.3-10.7 μm (n=6)；側尾腺孔 (Phasmids) 距尾端約 22.0-26.3 μm (n=4)；交接囊 (bursa) 明顯且延伸覆蓋至尾端 (圖一, E)。

在 rDNA 片段鹼基序列的比對上，6 個選殖體之原始序列 (1145-1151 bp) 和其代表性序列 (1151 bp) 的相同度為 99.3-100.0 %。至於 *T. zae* 代表性序列中的 ITS-1、ITS-2 及 5.8S 的序列大小，依序分別為 459 bp、225 bp 及 161 bp。*T. zae* 和 GenBank (NCBI, National center for biotechnology information, U.S.) 中已登錄之 *T. annulatus* 和 *T. leviterminalis* 二種矮化線蟲的代表性序列 (大小皆為 1198 bp) 間的相似度皆為 85.1 %。

在本研究中，雖然 Tzea4 的體長和 Tzea6 的口針長度的之平均值分別和其他 5 個族群間有顯著性差異，但因其測量值的範圍和其他群間有明顯的重疊，而且該二群的其餘特徵項目之平均值與其他各群間差異不顯著。以及 Tzea4 的 rDNA 片段原始序列 (1151 bp) 與基因庫中代表性序列的相似度為 100 %，而與形態最相近的 *T. annulatus* 之代表性序列間的相似度僅為 85.1 %，因此認定本研究依形態測量值所鑑定的 6 個線蟲族群皆應屬於同一種矮化線蟲 *T. zae*。

台灣地區所分離鑑定的 *Tylenchorhynchus zae* 供試族群與在印度旁遮普省地區，從玉米根圈土中所分離的副模標本 (paratypes) 比較，二個地區的雌蟲和雄蟲的各項測量值範圍吻合且有明顯重疊。在本研究中另外提出 b'、m、o、EP、P、tail 及 ABW 等共 7 項的測量數據資料，可補足 *T. zae* 在形態鑑定上的資料。

近年來，比較核糖體 DNA (rDNA) 片段序列，尤其是非編碼區域 (noncoding region) 的序列相似度差異，已成為鑑定動物或植物寄生性線蟲種類時的有效輔助利器^(2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 16, 18, 19)，可針對傳統形態鑑定所衍生對種內 (intraspecific) 或種間 (interspecific) 變異範圍的不同見解，提供另一個客觀的評斷依據。截至目前，GenBank 基因體序列資料庫中，除本文作者先前所登錄的 *Tylenchorhynchus annulatus* 和 *T. leviterminalis* 二種矮化線蟲外，另登錄其他 5 種矮化線蟲的 rDNA 片段序列資料，但皆僅為 28S 或 18S 基因的部分序列資料，該類序列之主要用途為供線蟲分類層級屬 (genus) 以上之親緣演化樹 (phylogenetic tree) 分析，而本研究為首次登錄 *T. zae* 的完整 5.8S 基因和內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2，以及部分 18S 和 28S 基因的 rDNA 片段序列資料，該序列可供將來做為其分子標誌或生命條碼 (barcode of life)。

謝 辭

本研究承農委會農業藥物毒物試驗所蘇副研究員秋竹和李祈益先生提供掃描式電子顯微鏡之相關儀器和技術指導；本所作物組試驗統計研究室呂椿棠助理研究員協助數據統計分析，特致謝忱。

引用文獻 (LITERATURE CITED)

1. Brzeski, M. W., and Dolinski, C. M. 1998. Compendium of the genus *Tylenchorhynchus* Cobb, 1913 *sensu lato* (Nematoda: Belonolaimidae). Russian J. Nematol. 6: 189-199.
2. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Variability within *Xiphinema elongatum* populations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 45-60. (in Chinese with English abstract)
3. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Variability within *Xiphinema insigne* populations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 127-142. (in Chinese with English abstract)
4. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Identification and variation of *Xiphinema hunaniense* populations from Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 155-166. (in Chinese with English abstract)
5. Chen, D. Y., Ni, H. F., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Identification of *Xiphinema species* from Kinmen. Plant Pathol. Bull. 13: 237-241. (in Chinese with English abstract)
6. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2005. Differentiation of the *Xiphinema americanum*-group nematodes *X. brevicollum*, *X. incognitum*, *X. diffusum* and *X. oxycaudatum* in Taiwan by morphometrics and nuclear ribosomal DNA sequences. Nematol. 7: 713-725.
7. Chen, D. Y., Chen, R. S., Yen, J. H., Tsay, T. T., and Ni, H. F. 2006. Species of spiral nematode and lance nematode (Nematoda: Hoplolaiminae) identified in Taiwan and Kinmen. Plant Pathol. Bull. 15: 25-38. (in Chinese with English abstract)
8. Chen, D. Y., Ni, H. F., Chen, R. S., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2006. Identification of spiral nematode (Nematoda: Rotylenchinae) collected from Taiwan and Kinmen. Plant Pathol. Bull. 15: 153-169. (in Chinese with English abstract)
9. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Chen, R. S., and Tsay, T. T. 2006. Distribution of rice root nematode *Hirschmanniella oryzae* and a new recorded *H. mucronata* (Nematoda: Pratylenchidae) in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 15: 197-210. (in Chinese with English abstract)

10. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2006. Identification of stunt nematode *Tylenchorhynchus annulatus* and a new recorded *Tylenchorhynchus leviterminalis* (Nematoda: Belonolaimidae) in Taiwan. *Plant Pathol. Bull.* 15: 251-262. (in Chinese with English abstract)
11. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2007. Identification of a new recorded pin nematode, *Paratylenchus lepidus*, (Nematoda: Criconematoidea, Tylenchulidae) among tea plantations in Taiwan. *Plant Pathol. Bull.* 16: 41-46. (in Chinese with English abstract)
12. Fortuner, R., and Luc, M. 1987. A reappraisal of *Tylenchina* (Nemata). 6. The family Belonolaimidae Whitehead, 1960. *Rev. Nematol.* 10: 183-203.
13. Hoste, H., Chilton, N. B., Beveridge, I., and Gasser, R. B. 1998. Differences in the first internal transcribed spacer of ribosomal DNA among five species of *Trichostrongylus*. *Int. J. Parasitol.* 28: 1251-1260.
14. Hu, C. H., and Chu, H. T. 1964. The nematode investigation in sugarcane field of Taiwan (II). *Taiwan Sugar Res. Inst.* 33: 63-82. (in Chinese with English abstract)
15. Huang, C. S., Tsai, Y. P., Tu, C. C., Lin, Y. Y., and Huang, S. P. 1972. Plant parasitic nematodes in Taiwan, monograph series No. 1. Institute of Botany, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, R.O.C., 61 pp. (in Chinese with English abstract)
16. Hung, G. - C., Chilton, N. B., Beveridge, I., McDonnell, A., Lichtenfels, J. R., and Gasser, R. B. 1997. Molecular delineation of *Cylicocyclus nassatus* and *C. ashworthi* (Nematoda: Strongylidae). *Int. J. Parasitol.* 27: 601-605.
17. Lin, Y. Y. 1970. Studies on the rice root parasitic nematodes in Taiwan. *Journal of Agriculture and Forestry* 19: 63-77.
18. Newton, L. A., Chilton, N. B., Beveridge, I., and Gasser, R. B. 1998. Genetic evidence indicating that *Cooperia surnabada* and *Cooperia oncophora* are one species. *Int. J. Parasitol.* 28: 331-336.
19. Powers, T. O., Todd, T. C., Burnell, A. M., Murray, P. C. B., Fleming, C. C., Szalanski, A. L., Adams, B. A. & Harris, T. S. 1997. The rDNA internal transcribed spacer region as a taxonomic marker for nematodes. *J. Nematol.* 29: 441-450.
20. Seithi, C. L., and Swarup, G. 1968. Plant parasitic nematodes of North-Western India I. The genus *Tylenchorhynchus*. *Nematologica* 14: 77-88.
21. Tu, C. C., Cheng, Y. S., and Kuo, F. L. 1972. An investigation on cotton nematodes of Taiwan and a preliminary study on the effects of reniform nematode, root-knot nematode and stubby-root nematode on cotton. *Plant Prot. Bull.* 14: 95-109. (in Chinese with English abstract)

ABSTRACT

Chen, D. Y.¹, Ni, H. F.², and Tsay, T. T.^{3,4}. 2007. Identification of a new recorded stunt nematode *Tylenchorhynchus zaeae* (Nematoda: Belonolaimidae) in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 16: 79-86 (¹ Plant Pathology Division, Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan; ² Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, ARI, Taiwan; ³ Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan; ⁴ Corresponding author, E-mail: tttsay@nchu.edu.tw, Fax: +886-4-22876712)

Six populations of *Tylenchorhynchus zaeae* Sethi & Swarup, 1968 derived from soil samples collected from the rhizosphere of corn, cabbage, and cauliflower, is a new record species from Taiwan. Based on the external morphology, morphometrics and the sequences of ribosomal DNA (including complete 5.8S gene, internal transcribed spacer ITS-1, ITS-2, and partial 18S and 28S gene), each nematode population was confirmed to the species level. In this study, additional morphometric data and SEM figures for this stunt nematode were also included. The representative sequences of rDNA fragment of *T. zaeae*, with a total length of 1051 bp, which including ITS-1 (459 bp), ITS-2 (225 bp) and 5.8S gene (161 bp), were the first to be submitted to the GenBank.

Key words: stunt nematode, identification, morphometrics, ribosomal DNA, *Tylenchorhynchus zaeae*