

# 稻穿根線蟲 *Hirschmanniella oryzae* 及新紀錄種 *H. mucronata* (Nematoda: Pratylenchidae) 在臺灣稻田之分佈

陳殿義<sup>1</sup> 倪蕙芳<sup>2</sup> 顏志恒<sup>3</sup> 陳瑞祥<sup>4</sup> 蔡東纂<sup>5,6</sup>

<sup>1</sup> 台中縣 行政院農業委員會農業試驗所 植物病理組

<sup>2</sup> 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

<sup>3</sup> 台中市 國立中興大學農業推廣中心

<sup>4</sup> 嘉義市 國立嘉義大學生物科技研究所

<sup>5</sup> 台中市 國立中興大學植物病理學系

<sup>6</sup> 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95年8月15日

## 摘要

陳殿義、倪蕙芳、顏志恒、陳瑞祥、蔡東纂. 2006. 稻穿根線蟲 *Hirschmanniella oryzae* 及新紀錄種 *H. mucronata* (Nematoda: Pratylenchidae) 在臺灣稻田之分佈. 植病會刊 15 : 197-210

自 2004 年 12 月起，從台灣地區稻田植株的根組織中共分離 22 群 *Hirschmanniella oryzae* (van Breda de Haan, 1902) Luc & Goodey, 1964 和 8 群 *H. mucronata* (Das, 1960) Luc & Goodey, 1963，其中後者為台灣地區的新記錄種。*H. oryzae* 分佈於全台各地，但 *H. mucronata* 僅侷限於台灣中部的彰化縣和雲林縣二地區。各群稻穿根線蟲之種類鑑定依據包括外觀形態、形態測量值 (morphometrics) 及核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段 (包括完整 5.8S 基因，部分 18S 和 28S 基因及內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2) 的序列相同度比對分析。本研究提供更多完整的形態測量值和 SEM 外觀形態方面資料，並首次在 GenBank 基因庫中登錄這二種稻穿根線蟲的 rDNA 片段代表性序列，大小分別為 1001 bp 和 962 bp，而其序列相同度為 84.6 %。

關鍵詞：稻穿根線蟲、鑑定、分佈、核糖體DNA、*Hirschmanniella oryzae*、*Hirschmanniella mucronata*

## 緒言

穿根線蟲 (*Hirschmanniella* Luc & Goodey, 1964) 為 Tylenchida 分類群中相當獨特的線蟲種類，廣泛分佈於世界各地，可存在於土壤、淡水或海水中，寄生於陸生或水生植物的根部<sup>(18)</sup>。迄今該屬線蟲已知的種類達 23 種以上<sup>(19)</sup>，其中寄生於水稻的種類統稱為稻穿根線蟲 (rice root nematode)，而目前已證實至少有 7 種稻穿根線蟲 [*H. belli* Sher, 1968; *H. gracilis* (de Man, 1880) Luc & Goodey, 1964; *H. imamuri* Sher, 1968; *H. mexicana* (Chitwood, 1951) Sher, 1968; *H. mucronata* (Das, 1960) Luc & Goodey, 1963; *H. oryzae* (van Breda de Haan,

1902) Luc & Goodey, 1964, *H. spinicaudata* (Schuurmans Stekhoven, 1944) Luc & Goodey, 1964] 會對水稻造成危害<sup>(15)</sup>，其中又以對 *H. oryzae* 的報導最多<sup>(1,11,16)</sup>。

根據調查報告估計全世界 58 % 的水稻田遭受該屬線蟲感染，並造成 25 % 的產量損失<sup>(12)</sup>。水稻穿根線蟲是以內寄生潛移性 (migratory endoparasitic) 的方式寄生於水稻根系，取食皮層組織，造成空洞化及形成根表面褐色壞疽病斑，嚴重時呈現根腐情形，進而造成稻苗早期生育受阻，分蘗減少，尤其在土壤貧瘠地區，稻穀產量減少最為顯著<sup>(1,11,13,16,17,21)</sup>。在台灣地區，林氏<sup>(14)</sup>於西元 1969 至 1970 年間所進行之調查結果顯示，稻穿根線蟲在本國各地區水稻田中普遍發生，而所鑑定

之種類為 *H. oryzae* 和 *H. gracilis*，二者之分佈地區大致相同。另陳氏等<sup>(2)</sup> 於西元 1995 年 1 至 2 月冬季期間，針對台灣中部地區 42 處水稻田皆分離到該屬線蟲，但未進行種類鑑定。

自 2004 年 12 月起，本文作者陸續於一期和二期作稻田收割後，從全台各地共分離到 30 群稻穿根線蟲，經以光學和電子顯微鏡 (SEM) 的形態觀察、形態測量值 (morphometrics) 比對及核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段的鹼基序列相同度值分析，共計發現 *H. oryzae* 和 *H. mucronata* 二種線蟲，其中後者為台灣地區的新記錄種，茲將鑑定結果和其分佈情形報告如後。

## 材料和方法

稻穿根線蟲供試群的來源 (表一) 是於稻一期作或二期作收割後，於每一田區選取相鄰 2-3 株稻叢，以小鐵鏟挖起後，先於清水中將根圈土壤沖洗掉，放入封口袋中攜回實驗室。以剪刀將根系剪成約 1 公分小段，置於二層衛生紙上，再以改良式柏門氏漏斗分離法分離線蟲，所獲得之線蟲群以約 2% 福馬林溶液殺死且固定後，置於 6°C 冷藏櫃中保存。線蟲體長、體寬或口針長度等的測量方法，以及種內各群間或種間 rDNA 片段 (包含完整 5.8S 基因，部分 18S 和 28S 基因及內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2) 序列的相同度值比較所採用之分析軟體和參數設定值皆和陳氏等<sup>(4)</sup> 之報告相同。另外線蟲的 SEM 形態觀察、線蟲總量 DNA 抽取、rDNA 片段序列之選殖和解序等均依陳氏等<sup>(9)</sup> 之改良方法，至於此二種稻穿根線蟲的 rDNA 片段之代表性序列產生方法則詳述於後。另各群線蟲間之各項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。

### 稻穿根線蟲 rDNA 片段之代表性序列

本研究的二種稻穿根線蟲之代表性序列 (一致性序列, consensus sequence) 的產生方式分別如下: 在 11 群 *Hirschmanniella oryzae* 中 (表一)，由 Hory1、Hory2、Hory3、Hory5、Hory7、Hory8、Hory9 及 Hory10 等 8 群中，除 Hory2 挑取 2 個選殖體，其餘群各取 1 個選殖體進行定序，共獲得 9 條 rDNA 片段之原始序列，其中由前 4 群等共 5 個原始序列所產生之一致性序列，再經人為檢視修正後為上述該種線蟲之代表性序列 (1001 bp, GenBank, Accession No. DQ309588)；而 8 群的 *H. mucronata* 中 (表一)，由 Hmu1、Hmu2、Hmu3 及 Hmu4 等 4 群中，除由 Hmu1 中挑取 2 個選殖體外，其

表一、供試稻穿根線蟲 (*Hirschmanniella* spp.) 群之來源

Table1. The origins of rice root nematode populations investigated

Species	Code	Origin
<i>H. oryzae</i>	Hory1	Puyan(埔鹽), Changhua County
	Hory2	Sanhsing(三星), Yilan County
	Hory3	Jian(吉安), Hualien County
	Hory4	Chaozhou(潮州), Pingtung County
	Hory5	Fuli(富里), Hualien County
	Hory6	Tsautuen(草屯), Nantou County
	Hory7	Yuanli(苑裡), Miaoli County
	Hory8	Kuantien(官田), Tainan County
	Hory9	Wufeng(霧峰), Taichung County
	Hory10	Meinong(美濃), Kaohsiung County
	Hory11	Minsyong(民雄), Chiayi County
<i>H. mucronata</i>	Hmu1	Puyan(埔鹽), Changhua County
	Hmu2	Lunbei(崙背), Yunlin County
	Hmu3	Jutang(竹塘), Changhua County
	Hmu4	Tianjung(田中), Changhua County
	Hmu5	Shijou(溪州), Changhua County
	Hmu6	Beidou(北斗), Changhua County
	Hmu7	Cihtong(莿桐), Yunlin County
	Hmu8	Douan(斗南), Yunlin County

餘群各取 1 個選殖體進行定序，共獲得 5 條 rDNA 片段原始序列，而由此 5 個原始序列以前述同樣方法產生其代表性序列 (962 bp, GenBank, Accession No. DQ309589)。

## 結果

### *Hirschmanniella oryzae* 之鑑定

由台灣地區的中、南部及宜蘭和花蓮等地區的水稻田共分離鑑定 22 群 *Hirschmanniella oryzae*，其中記錄 11 群雌蟲和 5 群雄蟲的主要形態測量值 (表二；表三)。由雌蟲的各項形態測量值可知，除 Hory4 群的 Stylet 項和 Hory5 群的 EP 項，以及 Hory3 群和 Hory5 群的 Tail 項的平均值分別和其餘 10 群及其中 9 群呈現極顯著差異外 ( $P=0.01$ ) (表二)，其餘大部分各項的平均值在各群間都相當接近。在雄蟲的形態測量值方面，Hory10 群的 L、a、c、Stylet 和 ABW 等 5 項，以及 Hory1 的 EP 項和 Hory7 群的 Tail 項和其他 3 群 (Hory5 群除外) 呈現極顯著差異 ( $P=0.01$ ) (表三)，其餘各項的平均值在各群間皆相當接近。

在 rDNA 片段序列的比對上，9 個選殖體之原始序列 (995-1001 bp) 和一致性序列 (1001 bp) 的相同度值範圍為 98.7-99.6%。另前述 Hory3、Hory5 及 Hory10 等

表二、台灣地區 *Hirschmanniella oryzae* 雌蟲之形態測量值及其與在印尼、印度和台灣已記錄群之比較Table 2. Morphometrics of the *Hirschmanniella oryzae* female populations isolated from Taiwan and its comparison with populations recorded in Indonesia, India and Taiwan

Character <sup>1</sup>	Locality (code)						
	Puyan (Hory1)	Sanhsing (Hory2)	Jian (Hory3)	Chaozhou (Hory4)	Fuli (Hory5)	Tsautuen (Hory6)	Yuanli (Hory7)
n	21	16	12	10	11	15	16
L (mm)	1.30 ± 0.1 <sup>2d3</sup> (1.12-1.52)	1.45 ± 0.1bc (1.25-1.62)	1.36 ± 0.1cd (1.16-1.47)	1.44 ± 0.1bc (1.30-1.61)	1.27 ± 0.1d (1.08-1.38)	1.48 ± 0.1ab (1.25-1.60)	1.49 ± 0.1ab (1.30-1.76)
a	62.4 ± 4.3bc (54.4-71.0)	59.4 ± 4.1bc (52.1-65.2)	58.6 ± 7.3c (46.1-72.5)	63.5 ± 6.4abc (56.2-74.5)	60.4 ± 6.2bc (51.7-74.7)	68.7 ± 6.0a (59.2-78.5)	64.5 ± 5.9ab (52.4-74.8)
b	17.5 ± 1.1e (15.6-19.5)	19.8 ± 1.2cd (17.1-21.6)	19.8 ± 1.4cd (17.1-21.5)	17.7 ± 0.9e (16.2-19.1)	18.6 ± 1.4de (15.9-20.2)	19.2 ± 1.2cde (16.8-20.5)	19.6 ± 1.2cd (17.8-21.8)
b'	-	-	4.5	-	4.9, 4.5	4.9, 4.9, 5.0	-
c	15.4 ± 1.0c (13.7-17.6)	16.8 ± 1.6ab (14.2-20.5)	17.7 ± 1.4a (16.0-20.0)	15.1 ± 0.7c (13.9-16.1)	16.9 ± 1.4ab (14.3-19.2)	16.4 ± 1.0bc (14.9-18.1)	16.1 ± 1.2bc (15.2-18.9)
c'	5.3 ± 0.5cde (4.5-6.1)	5.0 ± 0.5ef (4.2-6.0)	4.7 ± 0.6f (3.9-6.0)	6.4 ± 0.5a (5.6-7.1)	5.1 ± 0.4def (4.3-5.6)	5.7 ± 0.6bc (5.0-6.8)	5.8 ± 0.7b (4.3-6.5)
V	54.1 ± 1.9a (50.5-57.4)	51.6 ± 1.5de (49.5-53.8)	52.8 ± 1.7abcd (50.9-55.9)	54.0 ± 1.9ab (51.0-56.6)	52.3 ± 1.4bcde (50.5-54.9)	53.6 ± 1.6ab (50.4-55.6)	53.4 ± 1.3abc (51.0-55.4)
Stylet (μm)	16.4 ± 0.9d (15.0-18.3)	16.6 ± 0.6cd (15.3-17.5)	16.3 ± 0.6d (15.3-17.3)	18.5 ± 0.6a (17.3-19.3)	16.5 ± 0.7d (15.3-17.7)	17.3 ± 0.6b (16.3-18.3)	17.2 ± 0.8bc (15.0-18.3)
m	-	-	46.3 ± 2.0ab (43.1-50.0)	46.9 ± 1.6a (44.6-48.9)	45.4 ± 1.6abc (43.1-47.9)	46.6 ± 1.8a (42.2-48.8)	45.5 ± 1.7ab (41.9-48.3)
ODG (μm)	-	3.7, 3.7	3.5 ± 0.3bcd (3.0-3.9)	4.3 ± 0.6a (3.3-4.8)	3.9 ± 0.7ab (3.0-5.0)	3.3 ± 0.3cd (2.7-3.7)	3.6 ± 0.4bcd (2.8-4.3)
O	-	22.9, 21.0	21.1 ± 1.5bcd (18.0-23.1)	23.1 ± 3.3abc (17.6-26.7)	24.3 ± 3.8a (18.8-30.0)	19.0 ± 1.7d (15.6-21.4)	21.0 ± 2.9cd (15.6-28.7)
EP (μm)	114 ± 11cd (90-134)	107 ± 12d (88-133)	106 ± 8d (95-118)	124 ± 14abc (102-142)	90 ± 9e (78-103)	128 ± 9ab (113-144)	120 ± 13abc (98-143)
P	8.8 ± 0.9a (7.1-10.6)	7.4 ± 0.6ef (6.5-8.5)	7.8 ± 0.5cdef (7.1-8.7)	8.5 ± 1.0abc (7.5-10.6)	7.1 ± 0.5f (6.3-8.0)	8.7 ± 0.5ab (8.0-9.4)	8.1 ± 0.6bcd (6.9-9.0)
Tail (μm)	85 ± 8d (68-100)	87 ± 8cd (75-108)	76 ± 7e (68-90)	94 ± 8abc (83-102)	76 ± 7e (67-88)	90 ± 5bcd (82-102)	93 ± 9bc (78-111)
ABW (μm)	16 ± 1bc (14-18)	17 ± 1ab (16-19)	16 ± 2abc (12-18)	15 ± 1c (13-16)	15 ± 2c (12-18)	16 ± 1bc (13-18)	16 ± 1bc (15-18)

3 群的 3 個 rDNA 片段原始序列和一致性序列的相同度為 99.3 % 以上。

*Hirschmanniella oryzae* 的外觀體型相對於 *H. mucronata* 較為細長，其最大體寬約 17-33 μm；食道腺體 (esophageal glands) 向後延伸頗長，與腸 (intestine) 前端呈現為腹面重疊 (ventral overlapping)，從頭端至食道腺體底部的長度約 258-317 μm (n=5, Hory3, Hory5 和 Hory6)；排泄口 (excretory pore) 位於半月體 (hemizonid) 之後，距離頭端之平均距離約 117 μm (78-148 μm)；陰門 (vulva) 位置在蟲體中央稍後 (V, 50.7-54.1 %) (圖一, A)。腸不覆蓋直腸 (rectum)。唇部低且前

端平 (flatten)，其高度平均值約 2.9 μm (2.0-3.7 μm)，與蟲體銜接處無明顯縮窄，且唇部上只有水平條溝 (transverse striation)，具有 4-5 個體環 (annules) (圖一, B; 圖二, A)；口針結球 (stylet knob) 圓形，其橫寬平均值約 4.2 μm (3.7-4.4 μm)；背食道腺開口的位置 (orifice of dorsal gland) 距口針結球底部近，其平均距離約 3.7 μm (3.2-4.3 μm)；中部食道球為卵圓形且食道球瓣顯著，其橫寬度平均值約 12.3 μm (11.5-13.0 μm) (圖一, B)。雙生殖腺，前後對生，受精囊 (spermatheca) 充滿精子 (圖一, C)。側帶 (lateral field) 上具有 4 條側帶溝 (incisures)，其寬度平均值約 6.1 μm (4.7-8.0 μm)，而

表二、台灣地區 *Hirschmanniella oryzae* 雌蟲之形態測量值及其與在印尼、印度和台灣已記錄群之比較 (續)Table 2. Morphometrics of the *Hirschmanniella oryzae* female populations isolated from Taiwan and its comparison with populations recorded in Indonesia, India and Taiwan (cont.)

Character <sup>1</sup>	Locality (code)						
	Kuantien (Hory8)	Wufeng (Hory9)	Meinong (Hory10)	Minsyong (Hory11)	Indonesia <sup>4</sup> (topotypes)	India <sup>4</sup>	Taiwan <sup>5</sup>
n	12	15	15	12	17	20	50
L (mm)	1.55 ± 0.1ab (1.45-1.82)	1.56 ± 0.1a (1.34-1.85)	1.58 ± 0.1a (1.40-1.71)	1.56 ± 0.1ab (1.31-1.81)	1.44 (1.14-1.63)	1.30 (1.03-1.55)	(1.4-1.6)
a	58.6 ± 4.7c (51.8-67.0)	63.1 ± 4.2bc (58.2-71.0)	64.5 ± 6.3ab (50.0-73.2)	64.4 ± 7.1abc (52.7-75.4)	60 (50-67)	57 (53-65)	(52-58)
b	20.0 ± 0.9abc (18.6-21.7)	19.8 ± 1.5bcd (17.9-23.1)	21.2 ± 1.1a (19.4-23.3)	21.1 ± 1.5ab (17.5-23.2)	-	-	-
b'	-	-	-	-	5.7 (4.5-7.2)	4.9 (4.3-5.5)	-
c	15.5 ± 1.0c (13.9-17.0)	16.8 ± 1.3ab (15.0-19.1)	16.7 ± 0.7ab (15.3-18.2)	16.2 ± 1.1bc (15.0-18.9)	17.0 (15-19)	18.0 (16-20)	(13-17)
c'	5.6 ± 0.4bcd (5.2-6.2)	5.5 ± 0.7bcde (4.7-6.6)	5.5 ± 0.4bcde (5.0-6.2)	5.5 ± 0.5bcde (4.9-6.4)	4.6 (4.3-5.5)	4.5 (3.9-5.0)	-
V	52.7 ± 1.9abcd (49.1-54.8)	53.0 ± 1.9abcd (50.8-57.3)	50.7 ± 1.7e (46.9-52.9)	51.7 ± 2.0cde (47.7-54.2)	52 (50-55)	54 (51-55)	(48-54)
Styilet (μm)	17.4 ± 0.7b (16.1-18.3)	17.5 ± 0.7b (16.0-19.0)	17.4 ± 0.6b (16.3-18.3)	17.0 ± 0.7bcd (16.3-19.0)	17 (16-19)	18 (17-20)	(19-20)
m	45.5 ± 0.9ab (43.9-46.2)	44.8 ± 1.0bc (42.9-46.2)	45.8 ± 1.1ab (44.1-47.9)	43.8 ± 1.7c (40.7-46.1)	48 (47-50)	48 (46-50)	-
ODG (μm)	4.1 ± 0.6a (3.0-5.3)	3.7 ± 0.3cd (3.2-4.1)	3.2 ± 0.4d (2.7-4.1)	3.6 ± 0.3bcd (3.2-4.0)	-	-	-
O	23.6 ± 3.4ab (18.0-29.9)	21.0 ± 1.3cd (19.1-23.1)	18.6 ± 2.4d (15.6-23.2)	21.0 ± 1.7cd (18.4-24.0)	17 (15-19)	16 (14-20)	-
EP (μm)	131 ± 8a (117-143)	125 ± 13ab (106-148)	125 ± 8ab (110-136)	119 ± 10bc (92-133)	-	-	-
P	8.5 ± 0.5abc (7.6-9.2)	8.0 ± 1.0cde (6.4-9.3)	7.9 ± 0.3cde (7.4-8.6)	7.6 ± 0.5def (6.7-8.4)	-	-	-
Tail (μm)	100 ± 10a (89-123)	94 ± 7abc (80-105)	95 ± 6ab (85-102)	96 ± 9ab (79-115)	-	-	-
ABW (μm)	18 ± 1a (16-20)	17 ± 2ab (14-21)	17 ± 1ab (14-19)	18 ± 1a (16-19)	-	-	-

<sup>1</sup> n=no. of nematodes; L=body length; a=body length divided by the maximum width; b= body length divided by the length from anterior end of body to the metacarpus; b'=body length divided by distance from head end to posterior end of esophageal glands; 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 %; ODG= the distance from base of stylet to orifice of dorsal gland; o=ratio between the length of ODG and total length of 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.

<sup>2</sup> Measurements in the form: mean ± standard deviation (range), "-" = no data.

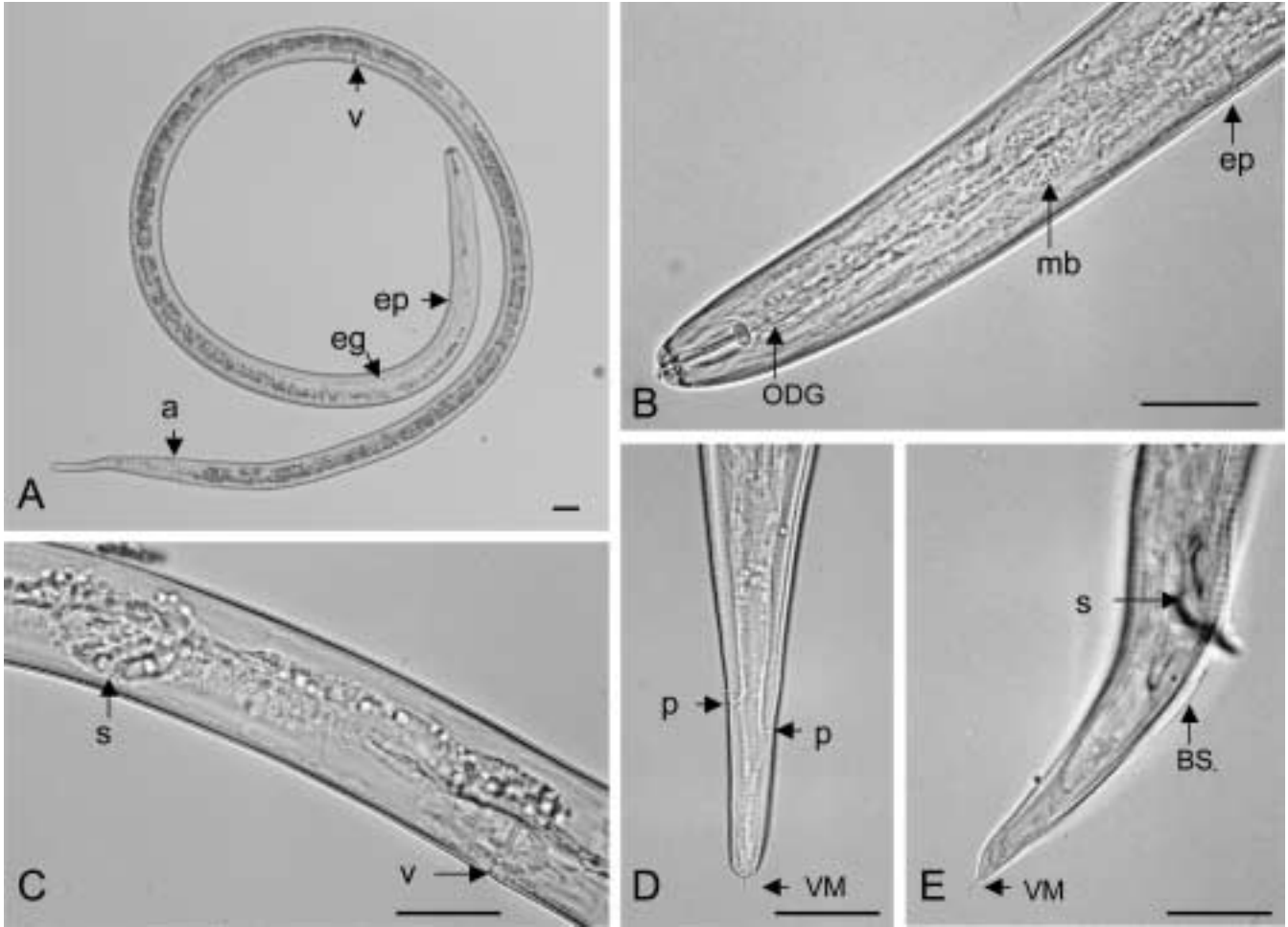
<sup>3</sup> Means in each row with the same letter of letters were not significantly different at 1% level by LSMEANS/TDIFF.

<sup>4</sup> Sher, S. A. 1966<sup>(18)</sup>

<sup>5</sup> Lin, Y. Y. 1970<sup>(14)</sup>

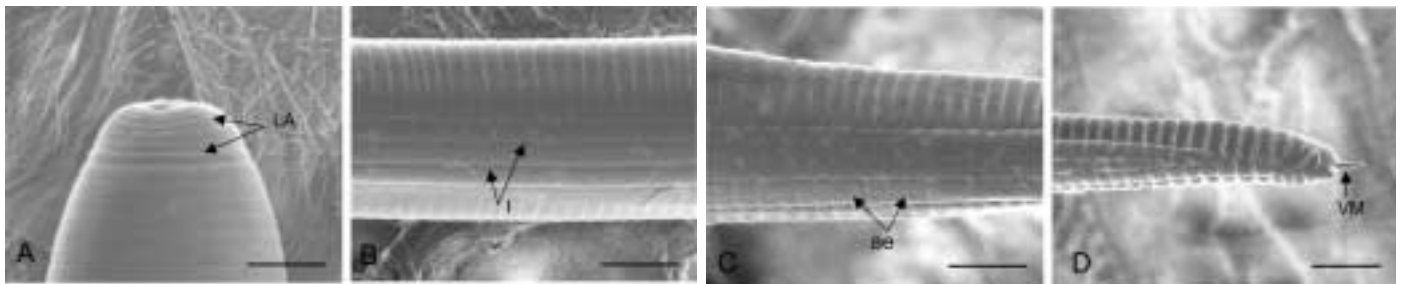
側帶橫條溝 (aerolations) 在蟲體中段位置不明顯，但在靠近頭端和尾端則較為顯著 (圖二, B 和 C)。尾部漸細，其末端腹面有細針狀微突起 (ventral mucro)，其長

度平均值約 2.3 μm (1.9-2.7 μm)；側尾腺孔 (phasmids) 近尾端，其間平均距離約 31.9 μm (26.1-37.2 μm)，兩側對生或互為前後 (圖一, D 和 E; 圖二, D)。



圖一、*Hirschmanniella oryzae* 之光學影像形態：A, 蟲體靜止時形態 (a, 肛門；eg, 食道腺體；ep, 排泄口；v, 陰門)；B, 蟲體頭端部分 (ep, 排泄口；mb, 中部食道球；ODG, 背部食道腺體之開口位置)；C, 蟲體中段部分 (S, 受精囊；V, 陰門)；D, 雌蟲尾部 (P, 側尾腺口；VM, 腹面針狀突起)；E, 雄蟲尾部 (BS, 交接囊；S, 交接刺；VM, 腹面針狀突起)。比例尺長度：A-E = 25 微米。

Fig. 1. Photomicrographs of *Hirschmanniella oryzae*, A, Whole body (a, anus; eg, esophageal gland; ep, excretory pore; v, vulva); B, Anterior region (ep, excretory pore; mb, median bulb; ODG, orifice of dorsal esophageal gland); C, Middle region (S, spermatheca; V, vulva); D, Female tail (P, phasmids; VM, ventral mucro); E, Male tail (BS, bursa; S, spicule; VM, ventral mucro). Scale bars in A-E = 25  $\mu$ m.



圖二、*Hirschmanniella oryzae* 雌蟲之SEM影像形態：A, 蟲體唇端部分 (LA, 唇區體環)；B, 蟲體中段之側帶 (I, 側帶溝)；C, 蟲體後段之側帶 (ae, 側帶橫條溝)；D, 尾部 (VM, 腹面針狀突起)。比例尺長度：A-D = 5 微米。

Fig. 2. SEM photomicrographs of *Hirschmanniella oryzae* female: A, Lip region (LA, lip annules); B, Lateral field in middle region (I, incisures); C, Lateral field in posterior region (ae, aerolations); D, Tail region (VM, ventral mucro). Scale bars in A-D = 5  $\mu$ m.

表三、台灣地區 *Hirschmanniella oryzae* 雄蟲之形態測量值及其與在印尼和台灣地區已記錄群之比較Table 3. Morphometrics of the *Hirschmanniella oryzae* male populations isolated from Taiwan and its comparison with populations recorded in Indonesia and Taiwan

Character <sup>1</sup>	Locality (code)						
	Puyan (Hory1)	Sanhsing (Hory2)	Fuli (Hory5)	Yuanli (Hory7)	Meinong (Hory10)	Indonesia <sup>4</sup> (topotypes)	Taiwan <sup>5</sup>
n	10	11	4	8	10	10	50
L (mm)	1.22 ± 0.1 <sup>3</sup> b <sup>3</sup> (1.09-1.33)	1.17 ± 0.1b (0.95-1.33)	1.18 (1.15-1.23)	1.17 ± 0.1b (1.06-1.33)	1.34 ± 0.1a (1.12-1.48)	1.17 (1.01-1.40)	(1.17-1.40)
a	61.6 ± 5.8b (56.7-75.9)	55.4 ± 5.1b (50.0-63.3)	61.8 (53.5-67.7)	57.6 ± 5.3b (50.4-63.3)	70.3 ± 5.5a (62.2-80.6)	59 (52-61)	(56-59)
b	16.4 ± 1.2b (15.0-18.5)	17.9 ± 1.3a (16.3-20.5)	17.3 (14.4-18.9)	17.2 ± 0.9ab (16.0-18.5)	18.2 ± 1.4a (15.3-20.1)	-	-
b'	-	-	4.7, 5.0	-	-	5.0 (4.6-5.7)	-
c	15.0 ± 0.8d (14.1-16.2)	17.1 ± 1.7b (14.7-20.2)	18.3 (16.9-19.8)	19.1 ± 2.2a (16.4-23.3)	17.1 ± 0.8bc (15.6-18.3)	17.0 (16-18)	(13-17)
c'	5.2 ± 0.3b (4.7-5.6)	4.5 ± 0.4c (3.9-5.1)	5.0 (4.5-5.2)	4.3 ± 0.5c (3.8-5.3)	6.1 ± 0.4a (5.5-6.6)	4.9 (4.1-5.4)	-
Spicule ( μm)	22.3 ± 1.9b (20.0-25.0)	24.5 ± 1.2a (23.3-26.7)	24.6 (22.5-26.7)	24.1 ± 1.2ab (23.3-26.7)	23.1 ± 1.7ab (20.0-25.8)	23 (18-26)	(22-23.4)
Stylet ( μm)	16.1 ± 0.6b (15.0-17.0)	16.0 ± 0.4b (15.3-16.7)	15.8 (14.7-16.3)	15.7 ± 0.6b (15.0-16.7)	17.6 ± 0.5a (16.7-18.0)	17 (16-18)	(17-20)
m	-	-	45.4 (44.8-45.6)	44.7 ± 1.9 (41.2-46.9)	46.3 ± 0.9 (44.4-47.5)	(47-50)	-
ODG ( μm)	-	-	3.9 (3.7-4.0)	3.3 ± 0.6 (2.0-4.3)	3.3 ± 0.1 (3.1-3.5)	-	-
O	-	-	24.8 (23.1-27.2)	21.1 ± 3.8 (13.1-26.9)	18.9 ± 0.9 (17.5-20.2)	17 (13-18)	-
EP ( μm)	108 ± 14a (91-127)	85 ± 11b (63-100)	84 (78-91)	94 ± 6b (87-107)	117 ± 4a (109-123)	-	-
P	8.9 ± 0.9a (7.6-10.1)	7.3 ± 0.8b (6.2-8.6)	7.1 (6.3-7.9)	8.1 ± 0.5ab (7.5-8.7)	8.7 ± 0.6a (7.9-10.1)	-	-
Tail ( μm)	81 ± 5a (73-90)	69 ± 5c (62-77)	65 (58-68)	62 ± 5d (55-69)	79 ± 5ab (72-86)	-	-
ABW ( μm)	16 ± 1a (14-17)	15 ± 1b (14-16)	13	14 ± 1bc (13-16)	13 ± 1d (12-15)	-	-

<sup>1,2,3,4,5</sup> See table 2.

*Hirschmanniella oryzae* 雄蟲在分離群中普遍存在，除蟲體較雌蟲短小、生殖系統構造不同及尾部具有交接囊 (bursa) 且未覆蓋至尾端外 (圖一, E)，其餘外觀特徵和雌蟲間無顯著差別。

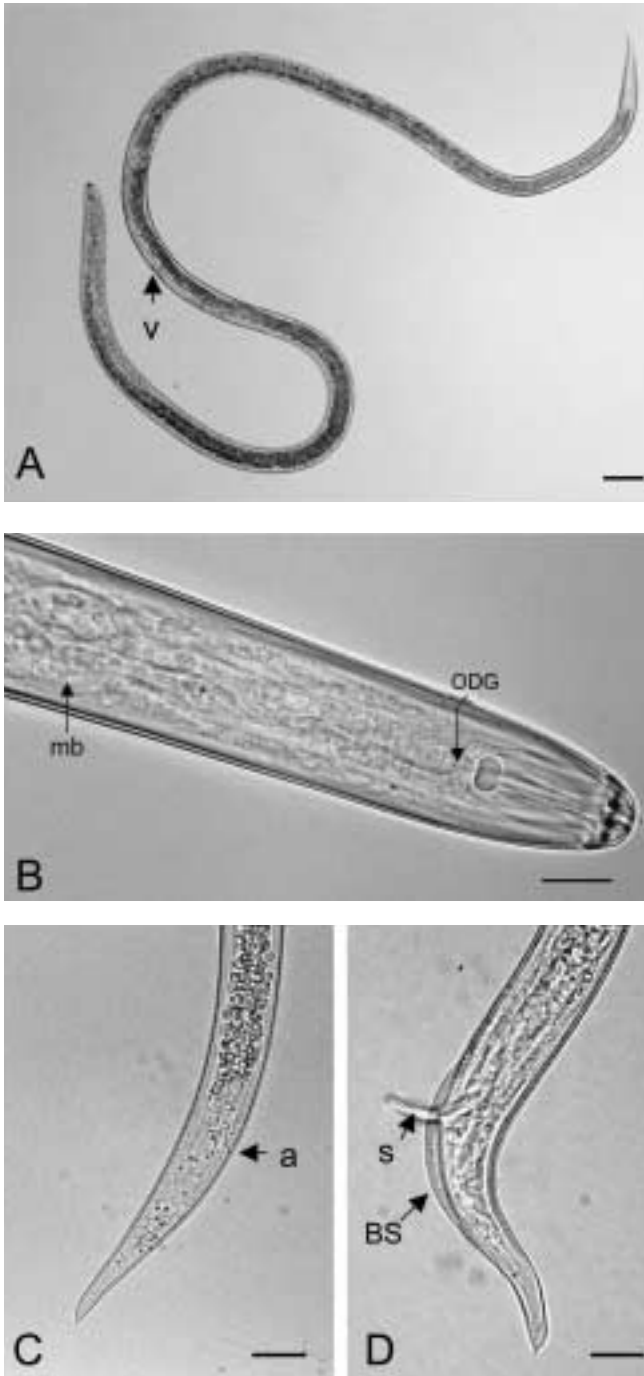
### *Hirschmanniella mucronata* 之鑑定

截至目前僅在台灣中部地區的彰化和雲林二縣之水稻田共分離鑑定 8 群 *Hirschmanniella mucronata* 雌蟲和其中的 4 群雄蟲 (表四；表五)，而依統計分析的結

果顯示，除 Hmu4 雌蟲群的 C 項平均值和其中 6 群有極顯著差異外 ( $P=0.01$ )，雌雄蟲的各項形態測量平均值都差異不大 (表四；表五)。

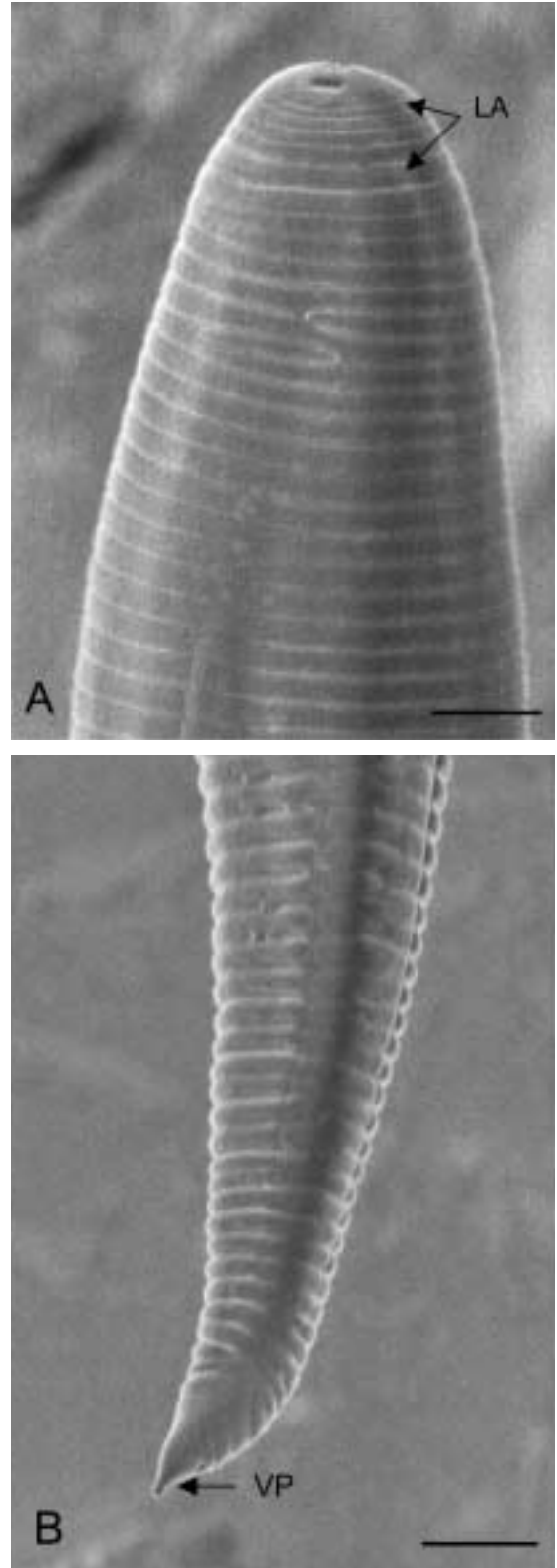
在 rDNA 片段序列的比對上，5 個選殖體之原始序列皆為 962 bp，與一致性序列 (962 bp) 的相同度值範圍為 99.9-100 %。另前述 Hmu4 群和一致性序列的相同度值為 100 %。

*Hirschmanniella mucronata* 的外觀體型相對於 *H. oryzae* 較為粗大，其最大體寬約 27-40 μm，陰門位置較靠近蟲體中央 (V, 49.9-52.5 %) (圖三, A)。食道腺體



圖三、*Hirschmanniella mucronata* 之光學影像形態：  
 A, 蟲體靜止時形態 (V, 陰門)；B, 頭端部分 (mb, 中部食道球；ODG, 背部食道腺體之開口位置)；C, 雌蟲尾部 (a, 肛門)；D, 雄蟲尾部 (BS, 交接囊；S, 交接刺)；。比例尺長度：A = 50 微米；B = 10 微米；C 和 D = 20 微米。

Fig. 3. Photomicrographs of *Hirschmanniella mucronata*:  
 A, Whole body (V, vulva); B, Anterior region (mb, median bulb; ODG, orifice of dorsal esophageal gland); C, Female tail region (a, anus); D, Male tail region (BS, bursa; S, spicule); Scale bars in A = 50  $\mu\text{m}$ ; B = 10  $\mu\text{m}$ ; C&D = 20  $\mu\text{m}$ .



圖四、*Hirschmanniella mucronata* 雌蟲之SEM影像形態：A, 蟲體唇端部分 (LA, 唇區體環)；B, 尾端部分 (VP, 腹面突起物)。比例尺長度：A 和 B = 5 微米。

Fig. 4. SEM photomicrographs of *Hirschmanniella mucronata* female: A, Lip region (LA, lip annules); B, Tail region (VP, ventral projection). Scale bars in A&B = 5  $\mu\text{m}$ .

表四、台灣地區 *Hirschmanniella mucronata* 雌蟲之形態測量值及其與在印度、香港、菲律賓及泰國地區已記錄群之比較Table 4. Morphometrics of the *Hirschmanniella mucronata* female populations isolated from Taiwan and its comparison with populations recorded in India, Hongkong, Philippines and Thailand

Character <sup>1</sup>	Locality (code)					
	Puyan (Hmu1)	Lunbei (Hmu2)	Jutang (Hmu3)	Tianjung (Hmu4)	Shijou (Hmu5)	Beidou (Hmu6)
n	21	12	23	12	12	12
L (mm)	2.02 ± 0.2 <sup>d3</sup> (1.77-2.37)	2.12 ± 0.2bcd (1.88-2.43)	2.05 ± 0.1cd (1.88-2.35)	2.17 ± 0.2abc (1.83-2.33)	2.29 ± 0.2a (2.01-2.55)	2.23 ± 0.2ab (2.01-2.45)
a	60.6 ± 6.1c (49.5-76.8)	63.7 ± 5.1bc (53.6-72.2)	62.8 ± 3.2bc (57.0-69.7)	64.6 ± 7.0abc (56.9-84.1)	65.6 ± 6.7abc (52.8-75.0)	70.3 ± 7.3a (56.2-80.7)
b	23.5 ± 1.4b (20.9-26.6)	23.5 ± 1.7bc (21.2-27.0)	22.0 ± 1.3c (19.5-24.2)	24.1 ± 1.2ab (22.1-25.5)	25.1 ± 1.5a (22.9-27.4)	23.3 ± 1.6bc (19.4-25.4)
b'	6.3 ± 0.4(n=6) (5.6-6.8)	6.4 (n=4) (5.7-6.8)	6.9 ± 0.5(n=6) (6.1-7.4)	7.1 ± 0.5(n=5) (6.5-7.8)	7.1 ± 1.1(n=6) (5.8-8.8)	6.2 ± 0.4(n=6) (5.7-6.6)
c	22.0 ± 2.4b (18.4-26.4)	22.6 ± 1.9b (19.0-24.7)	22.9 ± 2.7b (18.6-29.9)	25.3 ± 3.6a (21.0-33.2)	22.8 ± 2.1b (18.5-24.8)	22.8 ± 1.9b (20.3-27.2)
c'	3.8 ± 0.3b (3.3-4.4)	3.9 ± 0.3ab (3.4-4.3)	3.9 ± 0.4ab (3.2-4.4)	3.7 ± 0.5b (2.5-4.3)	4.2 ± 0.5a (3.6-5.0)	4.1 ± 0.4ab (3.5-4.8)
V	51.0 ± 2.4bc (43.5-55.2)	52.0 ± 2.2ab (49.3-55.4)	52.5 ± 1.9a (48.7-55.6)	50.5 ± 2.0bc (47.2-54.7)	50.3 ± 1.4bc (48.3-52.4)	50.2 ± 1.8bc (47.3-53.4)
Stylet ( μm)	24.7 ± 0.8a (23.3-26.7)	24.4 ± 0.6a (23.3-25.0)	24.5 ± 0.6a (23.7-25.8)	24.7 ± 1.4a (22.3-26.7)	25.1 ± 0.9a (24.0-27.3)	25.2 ± 0.9a (24.3-26.7)
m	-	-	-	48.3 ± 2.1ab (43.0-50.6)	46.9 ± 1.3b (43.3-48.6)	48.0 ± 1.3ab (45.7-49.8)
ODG ( μm)	-	3.3, 3.3	-	3.2 ± 0.4a (2.5-4.0)	3.4 ± 0.4a (2.8-4.0)	3.3 ± 0.4a (2.7-3.9)
O	-	13.2, 13.4	-	13.1 ± 1.5a (10.7-15.4)	13.5 ± 1.6a (11.1-15.8)	13.0 ± 1.4a (10.9-15.9)
EP ( μm)	121 ± 13b (98-137)	126 ± 12ab (100-140)	132 ± 11a (111-149)	128 ± 11ab (107-145)	126 ± 13ab (107-150)	135 ± 9a (115-145)
P	6.0 ± 0.5b (5.0-6.9)	6.0 ± 0.5bc (5.2-6.6)	6.4 ± 0.5a (5.4-7.4)	5.9 ± 0.3bc (5.4-6.3)	5.5 ± 0.4c (4.7-6.0)	6.0 ± 0.4ab (5.6-6.7)
Tail ( μm)	92 ± 9abc (77-108)	94 ± 9abc (85-110)	90 ± 7bc (75-101)	87 ± 13c (60-103)	102 ± 11a (82-119)	99 ± 9ab (90-118)
ABW ( μm)	24 ± 2a (22-28)	24 ± 1a (22-26)	23 ± 1a (22-26)	24 ± 1a (22-25)	24 ± 2a (23-27)	24 ± 2a (20-26)

亦向後延伸頗長且與腸前端呈現為腹面重疊，從頭端至食道腺體底部的長度平均值約 329 μm (280-386 μm)。排泄口位於半月體之後，距離頭端之平均距離約 129 μm (98-153 μm)。唇部呈半圓形 (hemispherical)，其高度平均值約 3.9 μm (3.0-6.7 μm)，與蟲體銜接處無縮，且唇部上只有水平條溝，具有 4-6 個體環 (圖三, B; 圖四, A)；口針結球形，其橫寬平均值約 5.8 μm (4.0-6.8 μm)；背食道腺開口的位置接近口針結球底部，其平均距離約 3.4 μm (2.5-4.0 μm)；中部食道球為卵圓形且食道球瓣顯著，其橫寬度平均值約 14.8 μm (12.3-16.3 μm) (圖三, B)。雙生殖腺，前後對生，受精

囊充滿精子。側帶上具有 4 條側帶溝，其寬度平均值約 9.0 μm (n=9; 7.1-11.3 μm)，側帶橫條溝在蟲體中段位置不明顯，但在靠近頭端和尾端則較為顯著。尾部漸細，其末端腹面有微突起 (VP, ventral projection) (圖三, C 和 D; 圖四, B)；側尾腺孔近尾端，其間平均距離約 28.1 μm (14.7-41.7 μm)，兩側對生或互為前後。

*Hirschmanniella mucronata* 雄蟲在分離群中亦普遍存在，除體型較雌蟲短小、生殖系統構造不同及尾部具有交接囊且未覆蓋至尾端外 (圖三, D)，其餘外觀特徵和雌蟲間無顯著差別。



表四、台灣地區 *Hirschmanniella mucronata* 雌蟲之形態測量值及其與在印度、香港、菲律賓及泰國地區已記錄群之比較(續)Table 4. Morphometrics of the *Hirschmanniella mucronata* female populations isolated from Taiwan and its comparison with populations recorded in India, Hongkong, Philippines and Thailand (cont.)

Character <sup>1</sup>	Locality (code)					
	Cihtong (Hmu7)	Dounan (Hmu8)	India <sup>4</sup> (topotypes)	Hongkong <sup>5</sup>	Philippines <sup>4</sup>	Thailand <sup>4</sup>
n	12	12	5	20	15	13
L (mm)	2.22 ± 0.1ab (2.00-2.36)	2.15 ± 0.2abcd (1.94-2.49)	1.89 (1.72-2.22)	2.06 (1.83-2.26)	2.00 (1.67-2.21)	2.17 (1.90-2.39)
a	65.7 ± 4.5ab (57.9-72.5)	67.3 ± 7.4ab (55.4-82.4)	54 (57-60)	55.6 (50.8-62.2)	62 (54-70)	57 (50-66)
b	24.3 ± 2.1ab (20.4-27.1)	23.3 ± 1.5bc (20.9-25.3)	-	-	-	-
b'	7.1, 7.5	5.7(n=4) (5.5-6.1)	4.9 (4.6-5.2)	8.2 (6.8-9.2)	6.8 (5.1-7.6)	7.1 (5.7-8.5)
c	23.2 ± 1.9ab (19.2-26.7)	22.4 ± 2.3b (19.5-26.8)	18.7 (18-20)	21.9 (19.1-25.6)	22.9 (19-26)	23.5 (18-28)
c'	4.1 ± 0.4ab (3.7-4.8)	4.0 ± 0.5ab (3.5-5.1)	4.4 (4.1-5.1)	3.6 (3.1-4.4)	4.0 (3.0-4.8)	3.7 (3.0-4.7)
V	49.9 ± 1.9c (47.3-53.2)	51.9 ± 1.2abc (50.5-54.1)	51 (49-53)	51.4 (48.8-54.0)	52 (49-55)	51 (49-56)
Stylet (μm)	24.5 ± 0.5a (23.7-25.3)	25.0 ± 0.8a (24.0-26.3)	27 (26-29)	27.7 (26.0-28.6)	26 (24-28)	27 (24-29)
m	48.7 ± 1.1a (46.8-50.8)	47.2 ± 1.5ab (44.5-49.4)	51 (50-53)	52.2 (46.3-55.6)	50 (48-52)	51 (48-53)
ODG (μm)	3.4 ± 0.5a (2.7-4.0)	3.5 ± 0.4a (2.7-4.0)	-	-	-	-
O	13.9 ± 1.9a (10.8-16.3)	13.8 ± 1.8a (10.4-16.7)	14 (10-16)	12.3 (9.3-15.7)	11 (9-14)	9 (6-12)
EP (μm)	127 ± 12ab (103-142)	133 ± 9a (117-153)	-	-	-	-
P	5.8 ± 0.6bc (4.5-6.6)	6.2 ± 0.4ab (5.7-6.9)	-	-	-	-
Tail (μm)	96 ± 8abc (83-107)	98 ± 15abc (83-128)	-	-	-	-
ABW (μm)	24 ± 2a (20-27)	24 ± 3a (22-31)	-	-	-	-

<sup>1,2,3,4</sup> See table 2.<sup>5</sup> Xie, H., and Feng, Z. X. 2000<sup>(20)</sup>

## 討 論

近幾年來，針對傳統線蟲形態鑑定上的不足，尤其是依據形態測量值所造成對種內 (intraspecific) 或種間 (interspecific) 變異程度範圍的不同見解，應用生物基因體的序列分析常可獲得較為客觀的結果<sup>(3,4,5,6,7,8,9,10)</sup>。在本研究中，雖然 Hory1 (雄蟲)、Hory3、Hory4、

Hory5、Hory7 (雄蟲)、Hory10 (雄蟲) 及 Hmu4 等 7 群的部分形態測量平均值和其種內其他多數群間有極顯著差異的情形，但因其餘項之平均值與其他各群間差異不大，以及其中 6 群線蟲 (Hory4 未定序) 的 rDNA 片段原始序列和其代表性序列的相同度達 98.8 % 以上，因此認定本研究的 11 個供試群 (表二) 及 8 個供試群 (表四) 的雌蟲皆為同一種稻穿根線蟲，而上述 7 群之部

表五、台灣地區 *Hirschmanniella mucronata* 雄蟲之形態測量值及其與在印度和菲律賓地區已記錄群之比較Table 5. Morphometrics of the *Hirschmanniella mucronata* male populations isolated from Taiwan and its comparison with populations recorded in India and Philippines

Character <sup>1</sup>	Locality (code)					
	Puyan (Hmu1)	Lunbei (Hmu2)	Jutang (Hmu3)	Shijou (Hmu5)	India <sup>4</sup> (topotypes)	Philippines <sup>4</sup>
n	11	8	10	12	5	5
L (mm)	1.73 ± 0.1 <sup>3</sup> b <sup>3</sup> (1.57-1.94)	2.03 ± 0.2a (1.66-2.25)	1.81 ± 0.2b (1.51-2.03)	2.02 ± 0.1a (1.78-2.20)	1.76 (1.70-1.83)	1.86 (1.55-2.03)
a	60.2 ± 5.2b (54.2-70.9)	67.7 ± 4.5a (61.5-73.0)	60.4 ± 4.5b (53.9-68.2)	70.9 ± 2.8a (65.7-74.4)	54 (52-60)	57 (49-62)
b	20.2 ± 1.4b (18.0-22.3)	23.1 ± 1.6a (20.2-24.9)	21.0 ± 2.1b (18.0-24.5)	23.1 ± 1.2a (21.4-24.9)	-	-
b'	-	6.4 (n=4) (5.7-7.3)	-	6.4 ± 0.8(n=5) (5.5-7.5)	5.0 (4.7-5.4)	-
c	20.5 ± 1.5ab (16.9-22.6)	23.1 ± 3.1a (17.5-26.3)	20.1 ± 2.1b (17.2-23.9)	23.1 ± 2.5a (19.6-26.6)	19.4 (17-21)	22.6 (19-24)
c'	4.3 ± 0.4a (3.9-5.3)	4.2 ± 0.3a (3.8-4.7)	4.3 ± 0.4a (3.5-4.9)	4.6 ± 0.5a (3.8-5.1)	4.5 (4.1-5.0)	3.8 (3.4-4.6)
Spicule ( μm)	31.6 ± 2.1a (28.3-34.2)	31.4 ± 1.1a (30.0-33.3)	32.0 ± 2.0a (28.7-34.2)	30.6 ± 2.3a (25.0-32.5)	33 (29-35)	33 (30-36)
Stylet ( μm)	23.8 ± 1.1a (22.0-25.0)	24.1 ± 0.9a (23.3-25.3)	24.1 ± 1.1a (21.7-25.0)	23.6 ± 1.0a (21.3-25.3)	26 (25-27)	25 (24-27)
m	-	-	-	47.2 ± 1.3 (45.1-50.0)	51 (50-52)	50 (48-51)
ODG ( μm)	-	3.3, 3.7	-	3.4 ± 0.3 (3.1-3.9)	-	-
O	-	13.2, 15.9	-	14.3 ± 1.1 (12.9-17.0)	15 (11-19)	11 (9-14)
EP ( μm)	120 ± 12a (92-132)	126 ± 8a (117-140)	127 ± 9a (115-143)	124 ± 9a (108-138)	-	-
P	7.0 ± 0.7ab (5.9-8.3)	6.3 ± 0.6bc (5.5-7.2)	7.0 ± 0.8a (6.1-8.2)	6.1 ± 0.3c (5.6-6.7)	-	-
Tail ( μm)	85 ± 7a (70-95)	89 ± 6a (75-95)	91 ± 9a (73-103)	88 ± 8a (76-103)	-	-
ABW ( μm)	20 ± 1ab (18-21)	21 ± 1a (19-22)	21 ± 1a (20-22)	19 ± 2b (17-22)	-	-

<sup>1,2,3,4</sup> See table 2.

分形態測量值的較大差異仍應屬於其種內變異範圍內。至於 *H. oryzae* 和 *H. mucronata* 的代表性序的長度分別為 1001 bp 和 962 bp，其種間的相同度則僅達 84.6 %。

在本研究中，由台灣地區所分離鑑定的 11 個 *Hirschmanniella oryzae* 供試群雌蟲，其形態測量值與在印尼 (Indonesia) 的地模標本 (topotypes) 群，以及印度 (India) 群和先前台灣地區所鑑定群等共 3 個比較群進行比對 (表二)。其中主要的差異，在體長 (L) 方面，11

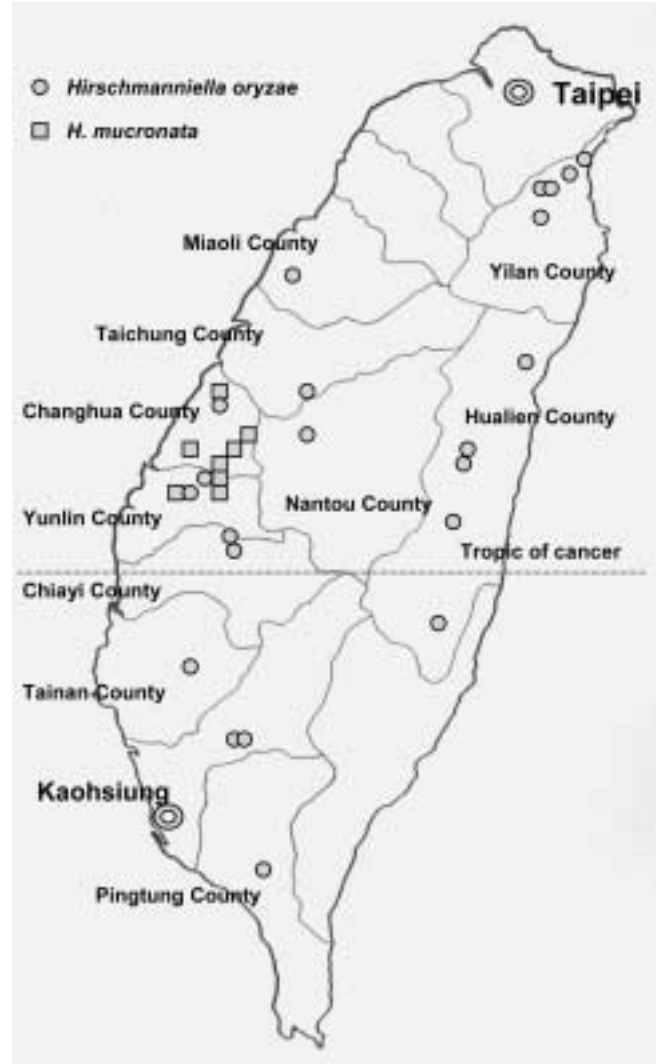
個供試群的平均值 (1.27 -1.58 mm) 含括印尼和印度群的平均值 (1.44 mm, 1.30 mm)，至於測量值範圍則是和三個比較群間都有明顯的重疊，而其間的差別在於台灣地區的個體長度變異較大，其總體測量值範圍為 1.08-1.85 mm，尤其上限值明顯比上述 3 個比較群為大。在 c' 項方面，供試群的平均值 (4.7-6.4) 雖然較印尼和印度二群 (4.6, 4.5) 為大，但是其測量值範圍仍含括二個比較群。在 Stylet 項方面，供試群的測量平均值和其範圍與印尼的地模標本群最為接近，而印度和台灣

比較群內有部分個體的長度達到 20  $\mu\text{m}$ ，超出整體供試群的最大範圍。在 m 和 O 項方面，供試群的 m 項平均值 (43.8-45.8) 比印尼和印度二比較群 (48, 48) 為小，但 O 項則較大 (18.6-24.3 和 17, 16)，至於測量值的範圍則仍有部分重疊。

5 個 *H. oryzae* 雄蟲供試群與二個比較群的比對之下 (表三)，其主要差異在 m 和 O 項方面，其比對情形和前段雌蟲群間的結果一樣。在 Spicule 項方面，整體供試群的測量值範圍為 20.0-26.7  $\mu\text{m}$ ，和二個比較群呈現大部分重疊，但印尼群中有部分個體的長度只有 18  $\mu\text{m}$ ，低於供試群的下限值。在 Stylet 項方面，整體供試群的測量範圍為 14.7-18.0  $\mu\text{m}$ ，和二個比較群都呈現大部分重疊，但是台灣比較群中有部分個體的長度達到 20  $\mu\text{m}$ ，超出供試群的上限值。

由台灣地區所分離的 8 群 *H. mucronata* 線蟲供試雌蟲，其主要形態測量值和印度的地模標本群，以及香港、菲律賓及泰國等共 4 個比較群進行比對 (表四)。其間主要差異，在 L 項方面，供試群的平均值 (2.02-2.29 mm) 比印度和菲律賓二群 (1.89 mm, 2.00 mm) 為大，而香港和泰國二個比較群的平均值 (2.06 mm, 2.17 mm) 則介於其間，至於測量值的範圍，供試群和比較群間呈現大部分重疊。在 a 項上，供試群的平均值 (60.6-70.3) 明顯比比比較群為大，其中只有菲律賓群的平均值介於供試群間，但 4 個比較群的測量值範圍都包含在整體供試群的範圍內。在 b' 項方面，供試群和印度群間的平均值差異最大 (5.7-7.1 和 4.9)，且後者的最大範圍值 (4.6-5.2) 未達到整體供試群的下限值 (5.5-8.8)。至於和香港群的平均值 (8.2) 比較則明顯為小，但其測量範圍值和 Hmu3、Hmu4 及 Hmu5 等 3 群有部分重疊情形，而供試群與其餘二個比較群的平均值和其範圍的差異較小。在 c 和 c' 項上，供試群分別比印度群的該二項平均值為大 (22.0-25.3 和 18.7) 及較小 (3.7-4.2 和 4.4)，但其範圍值則皆有部分重疊。在 Stylet 項上，供試群的平均值全部較比較群為小 (24.4-25.2  $\mu\text{m}$  和 26-27.7  $\mu\text{m}$ )，但是其範圍值在部分群間仍具有重疊情形。在 m 和 O 項方面，供試群的 m 項平均值皆比 4 個比較群為小 (46.9-48.7 和 50-52.2)，而 O 項上，全部供試群的平均值皆小於印度群的平均值 (13.0-13.9 和 14)，但比其餘比較群為大 (12.3, 11, 9)，至於該二項測量值的範圍，各供試群和比較群間皆具有重疊情形。

*H. mucronata* 雄蟲的鑑定 (表五)，4 個供試群和印度地模標本群和菲律賓群等二個比較群的體長 (L) 平均值及其範圍皆相當接近。在 a 項方面，供試群的平均值明顯比二個比較群為大 (60.2-70.9 和 54, 57)，但其中僅



圖五、台灣地區二種稻穿根線蟲的調查與分佈圖。  
Fig. 5. Distribution of two rice root nematodes species in Taiwan.

Hmu5 群的範圍值和比較群間無重疊情形。於 b' 項上，Hmu2 和 Hmu5 二個供試群的平均值明顯比印度群的平均值明顯比為大 (6.4, 6.4 和 5.0)，其範圍值間亦無重疊。在 c 項方面，供試群的平均值都較印度群為大，但和菲律賓群相當吻合，至於其範圍值則是供試群和比較群間互有重疊。在 c' 項方面，供試群的平均值和印度群相近 (4.2-4.6 和 4.5)，但比菲律賓群 (3.8) 為大，但供試群和比較群間的範圍值皆有重疊情形。於 Spicule 和 Stylet 項上，全部供試群的長度平均值都較比較群為小 (30.6-32.9  $\mu\text{m}$  和 33  $\mu\text{m}$ ; 23.6-24.1  $\mu\text{m}$  和 25-26  $\mu\text{m}$ )，但是其範圍值間皆互有重疊。在 m 值上，Hmu5 群的平均值較比較群為小 (47.2 和 50-51)，但範圍值有重疊，至於 O 項方面，Hmu5 群的平均值比印度群為小 (14.3 和 15)，但比菲律賓群 (11) 為大，

但是其範圍值於3群間則是互有重疊。

經由較多供試群的形態測量值和其中部分群的 rDNA 片段序列相同度的綜合比對分析，對台灣地區此二種稻穿根線蟲的形態變異範圍有了更確切的認知，但如同上述和地模標本及部分國外鑑定的比較群進行比對的結果顯示，其部分測量值間仍存在許多不同程度的差異，而此不確定的差異究竟是因外在不同地理環境影響所造成，亦或是人為樣本採集及測量方法等不同原因所致，其進一步的解決方法或許可藉由基因體序列的比對予以釐清。

*H. oryzae* 是全球稻區最普遍的種類，林氏<sup>(14)</sup> 在台北、桃園、新竹、苗栗、台中、彰化、南投、雲林、嘉義、高雄、屏東、台南、宜蘭、花蓮及台東等共 15 縣區均發現到該種線蟲，至於本研究結果亦顯示台灣全島大部分縣區的稻田中都可分離到該種線蟲(圖五)，其分佈的鄉鎮除表一中所示外，尚包括雲林縣的虎尾和蔴桐、宜蘭縣的頭城、礁溪、員山及花蓮縣的光復和瑞穗等地。至於 *H. mucronata* 的分佈區域，截至目前僅在中部地區的彰化縣和雲林縣的 8 個鄉鎮發現到該種線蟲(表一，圖五)，而該區域正位於濁水溪流域下游的南北兩岸，其分佈是否和灌溉水源、土壤組成和理化性狀及氣候條件有關則有待進一步探討。

林氏<sup>(14)</sup> 先前在台灣地區曾記錄另一種稻穿根線蟲 *H. gracilis*，該報導中僅陳述其分佈地區與 *H. oryzae* 大致相同，未指出確實採樣地點，然而本研究所調查的地區含括大部分上述林氏分離到 *H. oryzae* 的縣市，但迄今尚未分離到該種線蟲。另林氏所鑑定 *H. gracilis* 的主要形態測量值(♀ n=50, L=2.01-2.24 mm, a=51-53, c=17-22, V=54-56, stylet length = 0.024-0.026 mm; ♂ n=50, L=1.87-2.14 mm, a=50.6-66.8, c=16-17.5, Spicule=0.026-0.028 mm, Stylet length=0.024-0.026 mm) 與其地模標本的形態測量值範圍<sup>(18)</sup> [5 ♀ topotypes, L=1.81 mm (1.48-1.92); a=59 (53-64); c=18(16-19); V=51 (48-53); stylet=23 μm (21-24); 4 ♂ topotypes, L=1.77 (1.62-1.82); a=60 (57-64); c=18 (17-20); stylet=22 μm (21-23); spicule=36 μm (30-38)] 的差異較大，和本研究的 *H. mucronata* 較為相近，但因其文中有關形態的文字敘述和該種線蟲的繪圖皆載明其頭部前端的唇區為低且前端平，而此一最主要形態特徵和 *H. gracilis* 吻合，但和 *H. mucronata* 的唇區為半圓形是截然不同的<sup>(18)</sup>。

## 謝 辭

本研究承行政院農業委員會動植物防疫檢疫局計畫經費補助；農委會農業藥物毒物試驗所蘇秋竹副研

究員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；本所農藝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. Babatola, J. O., and Bridge, J. 1979. Pathogenicity of *Hirschmanniella oryzae*, *H. spinicaudata* and *H. imamuri* on rice. *J. Nematol.* 11: 128-132.
2. Chen, D. Y., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2002. Effects of winter green manures on the survival of plant-parasitic nematodes in rice fields in Taiwan. *J. Agric. Res. China* 51: 57-65. (in Chinese with English abstract)
3. Chen, D. Y. 2004. Identification and variation of *Xiphinema* species from Taiwan. Ph. D. Thesis, National Chung Hsing Univ. Taichung, 162 pp. (in Chinese with English abstract)
4. 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)
5. 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)
6. 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)
7. 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)
8. 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. *Nematology* 7: 713-725.
9. 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)
10. 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)
11. Fortuner, R. 1985. Nematode damage assessment problems and solutions for a rice nematode:

- Hirschmanniella oryzae*. California Plant pest and Dis. Rep. 4:2-7.
12. Hollis, J. P. and Keoboonrueng, S. 1984. Nematode parasites of rice. P. 95-146 in: Plant and Insect Nematodes. Nickle, W. R. (Ed.) New York & Basel, Marcel Dekker
  13. Khuong, N. B. 1987. *Hirschmanniella* spp. in rice fields of Vietnam. J. Nematol. 19: 82-84.
  14. Lin, Y. Y. 1970. Studies on the rice root parasitic nematodes in Taiwan. Journal of Agriculture and Forestry 19: 63-77.
  15. Luc, M., Sikora, R. A., and Bridge, J. Plant parasitic nematodes in subtropical and tropical agriculture. CAB international, 1990: 86-91.
  16. Mathur, V. K., and Prasad, S. K. 1972. Role of the rice root nematode, *Hirschmanniella oryzae* in rice culture. Indian J. Nematol. 2: 158-168.
  17. Panda, M., and Rao, Y. S. 1971. Evaluation of losses caused by the root-nematodes (*Hirschmanniella mucronata* Das) in rice (*Oryza sativa* L.). Indian J. Agric. Sci. 41: 611-614.
  18. Sher, S. A. 1968. Revision of the genus *Hirschmanniella* Luc & Goodey, 1963 (Nematoda: Tylenchoidea). Nematologica 14: 243-275.
  19. Siddiqi, M. R. Tylenchida, Parasites of plant and insects. Slough, UK: Commonwealth Institute of Parasitology. 1985: 294-297.
  20. Xie, H., and Feng, Z. X. 2000. Description of two species of Genus *Hirschmanniella* from Hongkong. J. South China Agri. Uni. 21: 53-55. (in Chinese with English abstract)
  21. Yamsonrat, S. 1967. Studies on rice-root nematodes (*Hirschmanniella* spp.) in Thailand. Plant Dis. Rep. 51: 960-963.

## ABSTRACT

Chen, D. Y.<sup>1</sup>, Ni, H. F.<sup>2</sup>, Yen, J. H.<sup>3</sup>, Chen, R. S.<sup>4</sup>, and Tsay, T. T.<sup>5,6</sup>. 2006. Distribution of rice root nematode *Hirschmanniella oryzae* and a new recorded *H. mucronata* (Nematoda: Pratylenchidae) in Taiwan. *Plant Pathol. Bull.* 15: 197-210 (<sup>1</sup> Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan; <sup>2</sup> Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, TARI, Taiwan; <sup>3</sup> Agricultural Extension Center, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan; <sup>4</sup> Graduate Institute of Biotechnology, National Chiayi University, Chiayi, Taiwan; <sup>5</sup> Department of Plant Pathology, NCHU, Taichung, Taiwan; <sup>6</sup> Corresponding author, E-mail: tttsay@nchu.edu.tw , Fax: +886-4-22876712)

Root samples collected from several rice fields in Taiwan yielded 22 populations of *Hirschmanniella oryzae* (van Breda de Haan, 1902) Luc & Goodey, 1964 and 8 populations of *H. mucronata* (Das, 1960) Luc & Goodey, 1963., and the latter was a new record for Taiwan. *H. oryzae* was more widely distributed than *H. mucronata*, which was confined to central part of Taiwan. Based on the external morphology, morphometrics and the sequences of ribosomal DNA (including complete 5.8S gene, partial 18S and 28S gene, and complete internal transcribed spacer ITS-1, ITS-2), each nematode population was confirmed to the species level. In this study, additional morphometric data and SEM figures for these two rice root nematode were also provided. The representative sequences of rDNA fragment for these two species had the size of 1001 bp and 962 bp respectively were submitted to GenBank.

Key word : rice root nematode, identification, distribution, ribosomal DNA, *Hirschmanniella oryzae* \ *Hirschmanniella mucronata*