

台灣和金門地區螺旋線蟲和矛線蟲 (Nematoda: Hoplolaiminae) 之種類鑑定

陳殿義¹ 陳瑞祥² 顏志恒³ 蔡東纂⁴ 倪蕙芳^{5,6}

¹ 台中縣 行政院農業委員會農業試驗所

² 嘉義市 國立嘉義大學生物科技研究所

³ 台中市 國立中興大學農業推廣中心

⁴ 台中市 國立中興大學植物病理學系

⁵ 嘉義市 行政院農業委員會農業試驗所嘉義分所

⁶ 聯絡作者：電子郵件 hfni@dns.caes.gov.tw，傳真：+886-5-2773630

接受日期：中華民國 95 年 2 月 8 日

摘要

陳殿義、陳瑞祥、顏志恒、蔡東纂、倪蕙芳. 2006. 台灣和金門地區螺旋線蟲和矛線蟲 (Nematoda: Hoplolaiminae) 之種類鑑定. 植病會刊 15: 25-38.

自 2005 年起，陸續在台灣和金門地區首次新記錄 6 群的 *Scutellonema brachyurum* (Steiner, 1938) Andrassy, 1958、3 群的 *S. truncatum* Sher, 1963，以及 7 群的 *Hoplolaimus columbus* Sher, 1963。各群線蟲鑑定的依據為外觀形態、形態測量值 (morphometrics) 及核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段之 5.8S 基因和非轉錄區間序列 (Internal transcribed spacer, ITS) 的相似度分析比對。本研究除提供更多完整的形態測量值和 SEM 外觀形態方面資料，更首次在 GenBank 基因庫中登錄這三種線蟲 rDNA 片段上 5.8S 基因和 ITS 之代表性序列，提供世界各地研究者鑑定時一項重要輔助資料。

關鍵詞：螺旋線蟲、矛線蟲、鑑定、*Scutellonema brachyurum*、*Scutellonema truncatum*、*Hoplolaimus columbus*、核糖體 DNA

緒言

自 2005 年起，陸續於台灣本島和外島金門地區進行植物病原線蟲採集鑑定工作，其間共計採集到 25 群 (populations) 螺旋線蟲 (spiral nematode) 和 7 群矛線蟲 (lance nematode)，其中有 6 群的螺旋線蟲鑑定為 *Scutellonema brachyurum* (Steiner, 1938) Andrassy (1958)，另有 3 群螺旋線蟲為 *S. truncatum* Sher (1963)，至於 7 群矛線蟲則皆為 *Hoplolaimus columbus* Sher (1963)。在本文中所記錄之前述三種線蟲種類，其分類地位皆屬於 Hoplolaiminae Filipjev (1934) 下，為 Hoplolaimidae (Filipjev, 1934) Weiser (1953) 科的三個亞科 (subfamily) 之一⁽¹⁷⁾，而其上更高分類位階依序分別為總科 (superfamily) Hoplolaimoidea (Filipjev, 1934)

Paramonov, 1967，亞目 (suborder) Tylenchina (Filipjev, 1934) Geraert, 1966，目 (order) Tylenchida (Filipjev, 1934) Thorne, 1949，亞綱 (subclass) Secernentea (von Linstow, 1905) Dougherty, 1958 和綱 (class) Nematoda Rudolphi, 1808。Hoplolaiminae 亞科的代表屬 (Type genus) 為 *Hoplolaimus* Daday, 1905，其主要特徵為側尾腺孔 (phasmid) 是屬於大型，呈現小盃盤 (scutellum) 狀，其位置位於肛門附近二側或陰門位置的前後。

螺旋線蟲 *S. brachyurum* 廣泛分佈於熱帶地區，寄主植物範圍大，主要寄生方式為外寄生性 (ectoparasitic)⁽²¹⁾。Graham 氏⁽¹²⁾發現每加侖 (gallon) 體積的土壤中含有 4000-5000 隻的 *S. brachyurum* 時，分別會減少烟草地上部植株和根系的重量達 57 % 和 43

%。而矛線蟲 *H. columbus* 又俗稱為 *Columbia lance nematode*，為美國喬治亞州 (Georgia) 和南卡羅萊那州 (South Carolina) 當地主要作物大豆和棉花的重要病原線蟲^(1,8,18)，其主要病徵為造成大豆植株矮化、葉片黃化及豆莢數目減少，而棉花上則為植株生長緩慢，葉片紫色化或棉球莢 (bolls) 變小且提早脫落。

在台灣地區曾有二次較大規模的作物線蟲相調查研究，且多侷限在 1972 年以前，包括胡和朱二氏^(13,14)曾針對製糖蔗園進行全省普查，而黃氏等⁽¹⁵⁾則對全台各類型作物進行全面採集調查。另洪氏等⁽¹⁶⁾針對本島香蕉園、杜氏等⁽²⁶⁾於南部棉區及陳氏等⁽²⁾在金門地區進行植物寄生性線蟲相之研究。在前述的調查報告中雖已有 *Hoplolaimus* 和 *Scutellonema* 等二屬 (genus) 線蟲之記錄，但都未進行種 (species) 分類層級的鑑定工作。本文即針對此二屬線蟲，依其外觀形態學 (Morphology)、形態測量值 (morphometrics) 及 rDNA 片段之 5.8S 及 ITS 等序列的比對資料進行種類鑑定，以及初步了解此三種線蟲在台灣和金門地區之寄主植物種類及其分佈情形。

材料和方法

在本研究中之螺旋線蟲和矛線蟲的線蟲樣本，其來源主要從台灣和金門地區的多年生和管理良好之單一品種果樹或花卉園區之根圍土樣分離得來，至於線蟲的分離方法、樣本處理和保存、線蟲形態的測量方法及 rDNA 片段序列間之相同度等所用之分析軟體和

參數設定值等皆和陳氏等⁽²⁾之報告中相同。另外線蟲的 SEM 形態觀察與游和蔡二氏⁽²⁷⁾的方法相同。至於有關線蟲總量 DNA 之抽取、rDNA 片段序列之選殖和解序等的方法和前述報告之內容大致相同，但部分方法、材料和步驟略有調整，茲僅將不同之處略述於後。另此一研究之供試線蟲群的來源地區和寄主植物種類如 (表一) 中所列。

線蟲總量 DNA 之抽取

在每一群中先以吸管吸取大約 10-50 隻線蟲至清水中漂洗，再以吸管吸取至微量離心管中，經離心後，將上層液取出，加入 DNA 萃取緩衝液 [20 mM Tris-HCl, pH 8.5, 50 mM EDTA, pH 8.0, 1 % SDS] 進行研磨後，再加入 10 μ l 的 20 mg/ml proteinase K (Protech) 後置於 65°C 水浴一小時，再移至 95°C 水浴 10 分鐘，於 20°C 下以 12000 g 離心 10 分鐘。將離心後之上層液取出，加入 100 μ l Phenol : chloroform : isoamyl alcohol (25 : 24 : 1)，混合均勻後於 20°C 下以 10000 g 離心 10 分鐘，將上層液取出加入 10 μ l 的 3M Sodium Acetate (pH 5.2) 及 100 μ l 的 iso-propanol，混合均勻後置於冰上 20 分鐘，繼而於 4°C 下以 10000 g 離心 10 分鐘，取出後倒掉上層液，再加入 200 μ l 的 70 % 冰冷酒精，混合均勻後於 4°C 下以 10000 g 離心 5 分鐘，將上層液倒掉後將離心管置於無菌操作台內使多餘的酒精風乾，最後加入無菌水約 30 μ l 於微量離心管中，並在 65°C 水浴中靜置 5 分鐘，將純化之 DNA 保存在 -20°C 下備用。

表一、供試螺旋線蟲和矛線蟲群之來源

Table 1. The origins of *Scutellonema* and *Hoplolaimus* populations investigated in this study.

Species	Code	Origin	Host
<i>S. brachyurum</i>	Sbra1	Danshui, Taipei County	Golden spider lily (<i>Lycoris aurea</i> Herb.)(金花石蒜)
	Sbra2	Danshui, Taipei County	Zigzag-asparagus (<i>Asparagus densiflorus</i> Jessop cv. 'Myriocladus') (松葉武竹)
	Sbra3	Danshui, Taipei County	Daylily (<i>Hemerocallis hybrida</i> Hort.)(金針花)
	Sbra4	Houli, Taichung County	Golden spider lily (<i>L. aurea</i> Herb.)
	Sbra5	Fuli, Hualien County	Daylily (<i>H. hybrida</i> Hort.)
	Sbra6	Taimali, Taitung County	Daylily (<i>H. hybrida</i> Hort.)
<i>S. truncatum</i>	Stru1	Pinglin, Taipei County	Bamboo (<i>Bambusa</i> spp.)(綠竹)
	Stru2	Taichung City	Bamboo (<i>Bambusa</i> spp.)(麻竹)
	Stru3	Danshui, Taipei County	Bamboo (<i>Bambusa</i> spp.)(綠竹)
<i>H. columbus</i>	Hco1	Dounan, Yunlin County	Banana (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')(北蕉)
	Hco2	Cishan, Kaohsiung County	Banana (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')
	Hco3	Dashu, Kaohsiung County	Banana (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')
	Hco4	Kinhu, Kinmen County	Banana (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')
	Hco5	Sincheng, Hualien County	Banana (<i>Musa</i> spp. cv. 'Ba-chiao')(芭蕉)
	Hco6	Sincheng, Hualien County	Banana (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')
	Hco7	Wanluan, Pingtung County	Banana (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')

表二、台灣地區 *Scutellonema brachyurum* 之形態測量值及其與在美國地區已記錄地模標本之比較

Table 2. Morphometrics of the *Scutellonema brachyurum* populations isolated from Taiwan and its comparison with topotypes recorded in USA

Character ¹	Locality and host (code)						
	Danshui Golden spider lily (Sbra1)	Danshui Zigzag-asparagus (Sbra2)	Danshui Daylily(Sbra3)	Houli Golden spider lily (Sbra4)	Fuli Daylily(Sbra5)	Taimali Daylily(Sbra6)	North Carolina Red spider lily (topotypes) ²
n	16	15	16	21	12	12	20
L (mm)	0.76 ± 0.03 ³ (0.69-0.80)	0.75 ± 0.05 (0.66-0.85)	0.71 ± 0.05 (0.64-0.81)	0.72 ± 0.04 ³ (0.65-0.80)	0.69 ± 0.03 (0.65-0.73)	0.70 ± 0.05 (0.64-0.79)	0.72-0.88
a	28.7 ± 2.6 (25.2-33.5)	29.0 ± 2.8 (24.2-34.4)	28.6 ± 2.7 (24.4-33.3)	28.1 ± 2.2 (25.0-32.6)	30.0 ± 2.3 (25.9-34.8)	27.7 ± 2.1 (24.1-30.9)	24-34
b	9.4 ± 0.5 (8.4-10.1)	9.4 ± 0.5 (8.8-10.6)	9.6 ± 0.8 (8.4-11.0)	9.0 ± 1.0(n=19) (7.8-12.0)	8.7 ± 0.4 (8.3-9.4)	8.9 ± 0.6 (8.2-9.9)	-
b'	5.4 ± 0.3 (n=15) (4.9-5.7)	5.5 ± 0.4 (n=14) (5.0-6.2)	5.5 ± 0.4 (n=15) (4.9-6.4)	5.1 ± 0.4 (4.6-5.9)	5.1 ± 0.3 (4.7-5.6)	5.2 ± 0.4(n=11) (4.6-5.8)	5.0-6.3
c	85.4 ± 13.6 (56.2-110.0)	71.6 ± 6.3 (60.8-85.6)	77.6 ± 8.7 (61.7-91.4)	68.2 ± 6.3 (55.4-80.0)	72.5 ± 11.4 (57.5-92.9)	69.7 ± 11.1 (53.3-88.8)	56-92
c'	0.54 ± 0.1 (0.4-0.7)	0.63 ± 0.1 (0.5-0.8)	0.58 ± 0.1 (0.4-0.7)	0.55 ± 0.1 (0.5-0.7)	0.57 ± 0.1 (0.5-0.7)	0.57 ± 0.1 (0.5-0.7)	-
V	60.0 ± 1.3 (58.3-62.6)	60.4 ± 1.1 (58.0-62.4)	60.6 ± 1.5 (58.2-63.8)	60.0 ± 1.9 (56.8-63.8)	59.6 ± 0.9 (57.6-61.6)	61.0 ± 1.5 (58.8-64.6)	58-62
Stylet (μm)	27.8 ± 0.8 (26.4-29.7)	28.1 ± 0.7 (26.7-29.3)	27.4 ± 1.0 (24.7-28.7)	27.8 ± 1.2 (25.0-30.0)	27.7 ± 0.9 (26.3-29.7)	28.3 ± 0.9 (27.3-29.7)	27-31
ODG (μm)	8.7 ± 0.7 (n=13) (7.3-9.7)	7.6 ± 1.0 (5.3-9.3)	7.5 ± 0.8 (n=15) (6.0-8.7)	6.8 ± 0.7(n=20) (5.3-8.0)	7.5 ± 0.5 (n=11) (6.7-8.3)	7.1 ± 0.7 (6.0-8.0)	-
O	31.0 ± 2.4 (26.7-34.6)	26.9 ± 3.3 (19.6-32.9)	27.3 ± 3.1 (21.7-31.9)	24.6 ± 2.6 (19.4-28.2)	26.9 ± 1.8 (23.9-29.3)	25.2 ± 2.7 (21.0-28.5)	17-28
EP(μm)	125 ± 5 (n=15) (113-132)	130 ± 10 (116-143)	120 ± 8 (108-133)	123 ± 7 (112-138)	118 ± 4 (108-123)	126 ± 4 (117-130)	-
P	16.5 ± 0.9 (14.7-18.1)	17.4 ± 0.8 (15.9-18.8)	16.8 ± 1.2 (14.3-18.7)	17.2 ± 0.8 (16.0-18.9)	17.0 ± 0.8 (15.7-18.4)	18.0 ± 1.0 (16.2-20.0)	-
Phasmid (μm)	4.3 ± 0.4 (3.5-4.8)	3.9 ± 0.3 (3.3-4.7)	4.1 ± 0.4 (n=15) (3.5-4.8)	4.1 ± 0.4(n=20) (3.5-4.7)	4.2 ± 0.3 (3.9-4.7)	4.4 ± 0.3 (4.0-4.7)	-
Tail (μm)	9 ± 2 (7-13)	11 ± 1 (9-12)	9 ± 1 (7-12)	11 ± 1 (9-13)	10 ± 1 (7-12)	10 ± 1 (8-12)	-
Anal body width (μm)	17 ± 1 (15-19)	17 ± 1 (15-18)	16 ± 2 (13-18)	19 ± 1 (17-22)	17 ± 1 (15-20)	18 ± 1 (17-19)	-

¹ n=no. of nematodes; L=body length; a=body length divided by its maximum width; b= body length divided by the length from anterior end of body to the metacarpus; b'=body length divided by length of esophagus up to 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 %; Phasmid: internal diameter

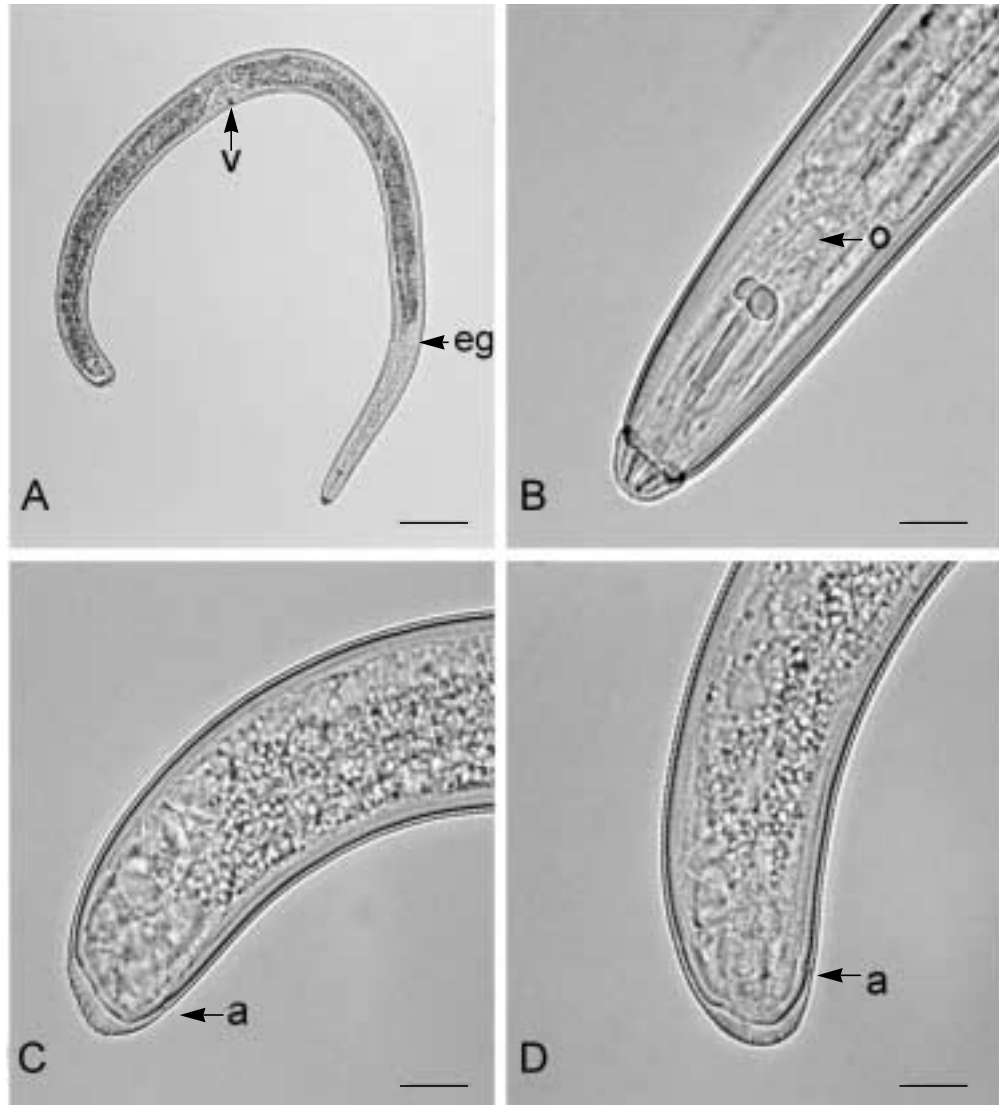
² Sher, S. A. 1963⁽²¹⁾

³ Measurements in the form: mean ± standard deviation (range), "-"=no data

rDNA 片段序列之增幅

進行 PCR 增幅反應的混合液總共 25 μl，其中包含可增幅植物病原線蟲 rDNA 片段 (包含完整 5.8S 基因，部分 18S 和 28S 基因及 ITS-1 和 ITS-2 內轉錄區間

等之序列) 序列之通用性引子對，各 0.5 μl；2 個單位的 *Taq* polymerase (Protech)；10 X *Taq* DNA polymerase buffer；A、T、C、G 四種 deoxyribonucleotide (dATP, dTTP dCTP, dGTP)，各 0.1mM。PCR 在自動溫度循環



圖一、*Scutellonema brachyurum* 雌蟲之光學影像形態：A, 蟲體靜止時形態 (eg, 食道腺體；V, 陰門)；B, 蟲體頭端部分 (o, 背食道腺體之開口位置)；C (Sbra4) 和 D (Sbra2), 蟲體尾端部分 (a, 肛門位置)。比例尺長度：A=50 微米；B-D=10 微米。

Fig. 1. Photomicrographs of *Scutellonema brachyurum*. Female, A: Whole body (eg, esophageal gland; v, vulva); B: Anterior region (o, orifice of dorsal gland); C (Sbra4) & D (Sbra2): Posterior region (a, anus). Scale bars in A=50 μ m; in B-D=10 μ m.

控制反應器 (Thermocycler, BioRad, USA) 中依下述步驟進行增幅反應：第一循環先以 94°C 持續 4 分鐘，再以 94°C 30 秒、52°C 30 秒及 72°C 1 分鐘進行 30 個循環，最後以 72°C 7 分鐘進行 PCR 產物的最後延長，最終反應結束時保持在 4°C 下。反應完成後的產物以 0.5 X TBE buffer (40 mM Tris, 20 mM Boric acid, and 1 mM EDTA, pH 8.0) 在 1.5 % agarose gel 上進行電泳分析並檢視結果。

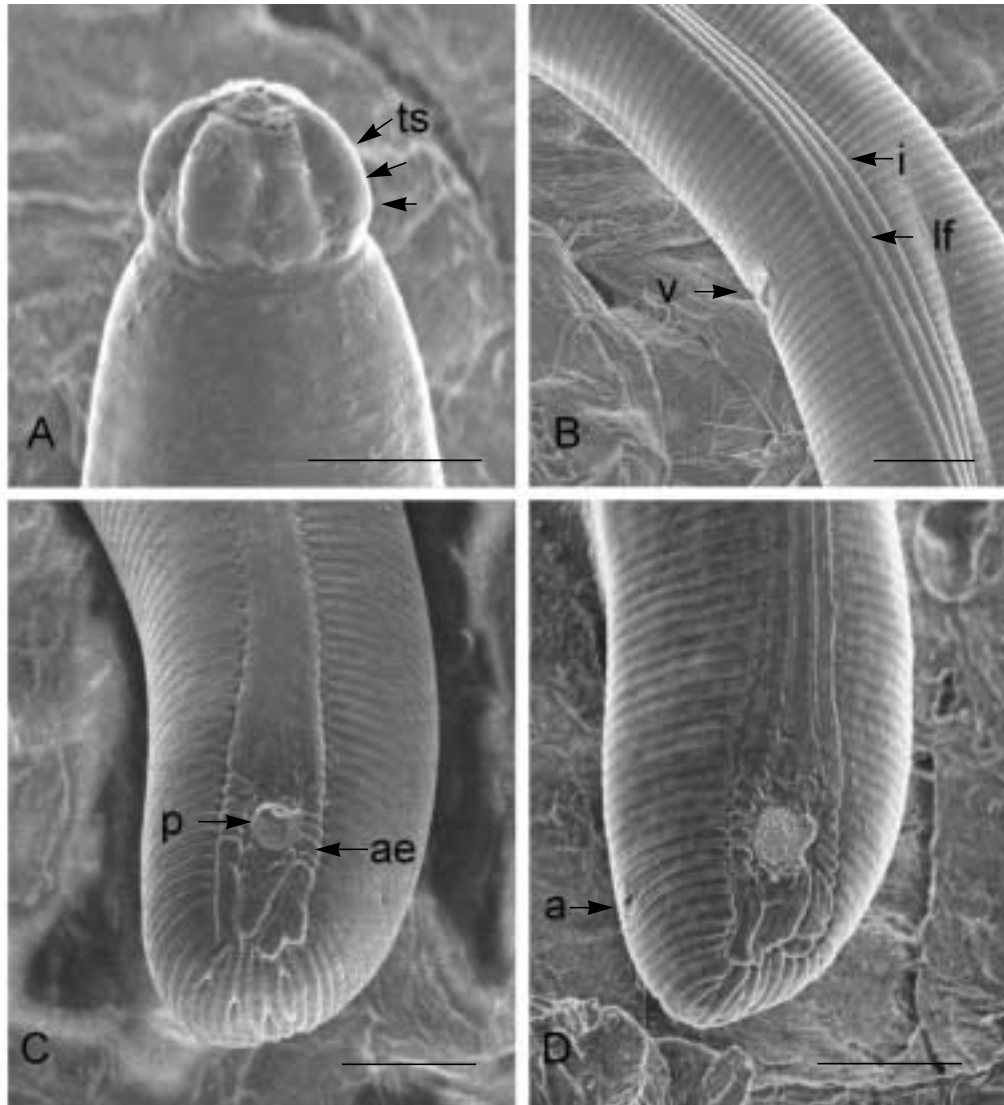
rDNA 增幅片段之選殖和解序

將上述 PCR 產物以 Wizard®SV Gel and PCR Clean-

Up System (Promega, USA) 先進行純化，再將已純化的 PCR 產物與 pGEM-T easy 載體 (Promega, USA) 進行連結反應後再將連結完成之質體送入勝任細胞中 (*Escherichia coli*, ECOS101, Yeastern Biotech. Taiwan)。篩選後之菌株委由源資公司 (Taiwan) 進行 T7/Sp6 引子兩向之核酸定序之工作。

線蟲 rDNA 片段之代表性序列

本研究中之二種螺旋線蟲和一種矛線蟲之各別代表性序列 (一致性序列, consensus sequence) 的產生方式分別如下：在 6 群 *Scutellonema brachyurum* 中，由



圖二、*Scutellonema brachyurum* 雌蟲之 SEM 影像形態 (Sbra5)：A, 唇區 (ts, 水平條溝)；B, 蟲體中央區 (i, 側帶溝；lf, 側帶)；C & D: 尾部區 (a, 肛門；ae, 側帶橫條溝；p, 側尾腺孔)。比例尺長度：A-D=10 微米。
 Fig. 2. SEM photomicrographs of *Scutellonema brachyurum* (Sbra5). Female, A: Lip region (ts, transverse striations); B: Middle region (i, incisures; lf, lateral field); C & D: Tail region (a, anus; ae, aerolations; p, phasmid). Scale bars in A-D=10 μ m.

Sbra1、Sbra4、Sbra5 及 Sbra6 等 4 群分別挑取 4、3、2 及 3 個選殖體進行定序，共獲得 12 條 rDNA 片段之原始序列資料，其中由前 3 群等共 9 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 (1343 bp; GenBank, Accession No. DQ316097)；而 3 群的 *S. truncatum* 中，分別由 Stru1、Stru2 及 Stru3 挑取 3、3 及 1 個選殖體進行定序，共獲得 7 條 rDNA 片段原始序列資料，再由此 7 個原始序列以前述同樣方法產生其代表性序列 (1457 bp; GenBank, Accession No. DQ316098)；在 7 群 *Hoplolaimus columbus* 中，由 Hco1、Hco2、Hco4 及 Hco5 等 4 群分別挑取 1、2、1 及 3 個選殖體進行定

序，共獲得 7 條 rDNA 片段原始序列資料，以前述同樣方式產生其代表性序列 (1269 bp; GenBank, Accession No. DQ309584)。

結 果

Scutellonem brachyurum 之鑑定

在台灣的中部后里、北部淡水楓樹湖、以及東部花蓮富里的六十石山及台東太麻里的金針山等 4 個地區，於金花石蒜、松葉武竹及金針花等共三種作物的

表三、台灣地區 *Scutellonema truncatum* 之形態測量值及其與在南非地區已記錄副模標本之比較Table 3. Morphometrics of the *Scutellonema truncatum* populations isolated from Taiwan and its comparison with paratypes recorded in South Africa

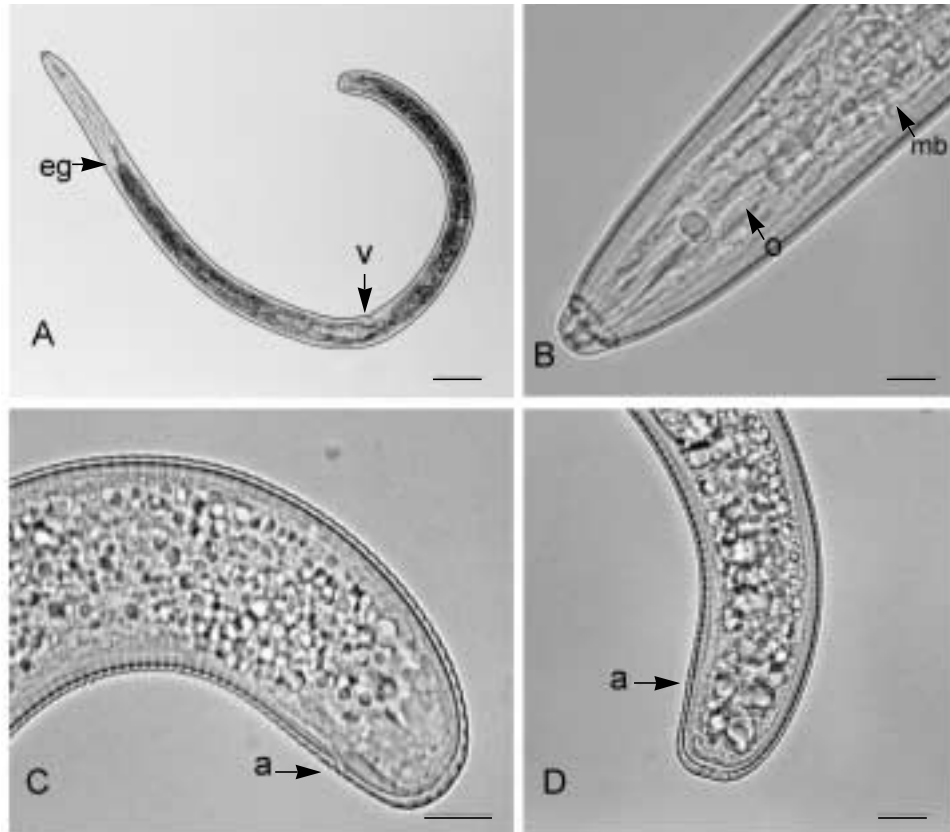
Character ¹	Locality (code)			
	Pinglin (Stru1)	Taichung (Stru2)	Danshui (Stru3)	South Africa Unknown ² (Paratypes)
n	17	16	12	20
L (mm)	0.67 ± 0.04 (0.61-0.78)	0.67 ± 0.03 (0.59-0.70)	0.63 ± 0.03 (0.60-0.70)	0.61-0.75
a	26.0 ± 2.2 (22.0-31.0)	25.1 ± 1.9 (22.3-28.8)	26.7 ± 1.2 (24.4-29.1)	22-28
b	11.0 ± 0.6 (n=16) (10.2-12.4)	10.3 ± 0.6 (8.9-11.1)	10.1 ± 0.5 (9.2-10.9)	-
b'	6.0 ± 0.5 (n=13) (5.4-7.0)	5.7 ± 0.5 (4.7-6.7)	5.9 ± 0.6 (5.6-6.9)	4.7-5.9
c	56.3 ± 6.8 (n=13) (45.7-69.0)	48.9 ± 7.2 (40.0-65.0)	44.2 ± 5.5 (36.7-53.9)	50-80
c'	0.63 ± 0.1 (0.6-0.7)	0.71 ± 0.1 (0.6-0.9)	0.75 ± 0.1 (0.6-0.9)	-
V	56.6 ± 0.9 (54.4-57.8)	56.3 ± 2.1 (53.7-61.4)	56.6 ± 0.8 (55.3-58.0)	55-60
Stylet (μm)	26.8 ± 0.6 (26.0-28.3)	27.1 ± 0.8 (25.3-28.3)	26.8 ± 0.8 (25.7-28.0)	26-29
ODG (μm)	7.0 ± 0.9 (n=15) (6.0-8.7)	7.3 ± 0.7 (6.0-8.7)	6.8 ± 0.6 (5.9-7.7)	-
O	26.1 ± 3.1 (22.9-31.8)	27.0 ± 3.0 (21.8-32.2)	25.4 ± 1.8 (22.4-28.2)	16-27
EP (μm)	93 ± 6 (n=16) (82-104)	94 ± 10 (78-110)	95 ± 7 (79-104)	-
P	13.7 ± 1.1 (11.4-15.2)	14.1 ± 1.3 (12.0-16.0)	15.1 ± 1.4 (13.0-17.3)	-
Phasmid (μm)	3.9 ± 0.3 (n=10) (3.5-4.5)	3.6 ± 0.3 (n=15) (3.1-4.1)	3.6 ± 0.3 (3.2-4.0)	-
Tail (μm)	12 ± 2 (10-15)	14 ± 2 (10-17)	15 ± 2 (12-18)	-
Anal body width (μm)	19 ± 1 (17-22)	19 ± 1 (18-22)	19 ± 1 (18-21)	-

¹ See table 2.² Sher, S. A. 1963⁽²¹⁾

根圈土中分離鑑定 6 群 *Scutellonema brachyurum* (表一)。由各項形態測量值可知，除 Sbra1 群的 c、ODG 及 o 等三項的平均值明顯較其餘 5 群者大外，其他各項的測量平均值和其範圍在各群間都非常一致 (表二)。在 rDNA 片段序列的比對上，12 個選殖體之原始序列 (1310 bp-1346 bp) 和一致性序列 (1343 bp) 的相同度值範圍為 92.5-99.6%，而其平均值為 97.9%。另前述 Sbra1 的 4 個 rDNA 片段原始序列和一致性序列的相

同度值為 99.1% 以上。

S. brachyurum 以福馬林溶液固定後，蟲體為向腹面彎曲，大多呈現 'C' 字形，而食道腺體與腸呈現背部重疊 (圖一, A)。唇區呈半圓球形 (semispherical)，其基部略突出與蟲體有明顯區隔，而唇區高度約 5.3 μm。另唇區上有三條橫條溝 (transverse striations)，呈現出 4 個體環 (annules) (圖一, B; 圖二, A)。口針結球 (stylet knob) 大多呈現圓形 (rounded)，其橫寬約為 5.2 μm (圖



圖三、*Scutellonema truncatum* 雌蟲之光學影像形態：A, 蟲體靜止時形態 (eg, 食道腺體；v, 陰門)；B, 蟲體頭端部分 (mb, 中部食道球；o, 背食道腺體之開口位置)；C (Stru2) 和 D (Stru3), 蟲體尾端部分 (a, 肛門位置)。比例尺長度：A=50 微米；B-D=10 微米。

Fig. 3. Photomicrographs of *Scutellonema truncatum*. Female, A: Whole body (eg, esophageal gland; v, vulva); B: Anterior region (mb, median bulb; o, orifice of dorsal gland); C (Stru2) & D (Stru3): Posterior region (a, anus). Scale bars in A=50 μm ; in B-D=10 μm .

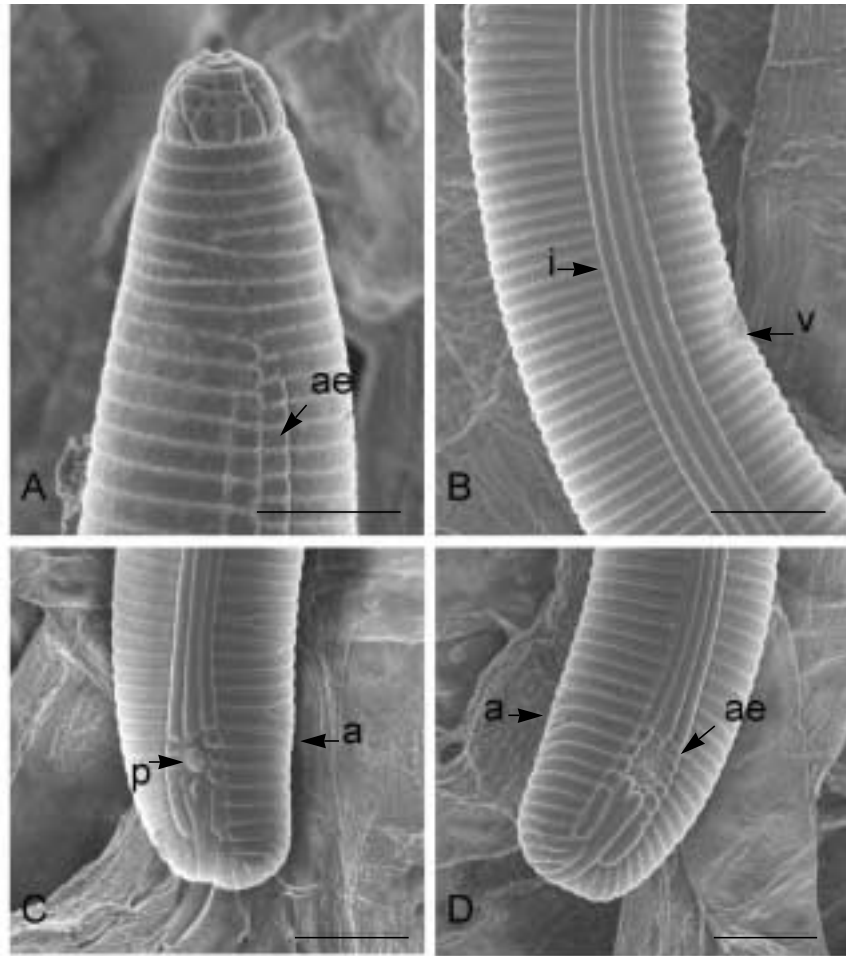
一, B), 而中部食道球的橫寬約為 10.5 μm , 另口針錐 (subulate stylet shaft) 約佔總口針長度的 49% (m=49)。半月體 (hemizonid) 位於排泄口 (excretory pore) 處的前方, 而排泄口與食道腺體互為一邊。側帶 (lateral field) 具有 4 條側帶溝 (incisures), 其寬度約 4.6 μm , 而側帶橫條溝 (aerolations) 只出現在蟲體前端和側尾腺孔 (phasmid) 位置的附近 (圖二, B, C, D)。尾部為半圓形, 其尾端體皮有部分增厚的情形, 而肛門 (anus) 位置略在側尾腺孔的後方, 距尾端約有 10 個體環 (圖一, C&D; 圖二, D)。上述 6 群皆未發現雄蟲。

Scutellonema truncatum 之鑑定

從台灣中部台中市大坑和北部的坪林和淡水等三個地區的竹類根圈土中, 共分離到 3 群 *Scutellonema truncatum* (表一)。其中 Stru1 群的 c 和 c' 項的平均值和其他二群有明顯差異外, 其餘各項形態測量的平均值和其範圍在各群間都非常一致 (表三)。於 rDNA 片段

序列的比對上, 7 個選殖體之原始序列 (1454 bp-1458 bp) 和一致性序列 (1457 bp) 間的相同度值為 98.9-99.5%。

S. truncatum 靜止時, 其蟲體亦呈現向腹面彎曲而大多為 'C' 字形, 其食道腺體和腸為背部重疊 (圖三, A)。唇區為頂端鈍狀的圓錐形 (blunt cone), 其表面上有不規則縱橫條溝 (圖三, B; 圖四, A)。口針結球和中部食道球 (median esophageal bulb) 皆略呈圓球形 (圖三, B), 其橫寬分別約為 4.9 和 11.4 μm 另口針錐約佔總口針長度的 43% (m=43)。半月體位於排泄口前方約 2-4 個體環處, 而排泄口與食道腺體大約處於相同位置, 但二者互為一邊。側帶上具有 4 條側帶溝, 其寬度約 5.1 μm , 而側帶橫條溝只出現在蟲體前端和側尾腺孔位置的附近 (圖四, A, B, C, D)。尾部在尾端為不規則半圓形, 且尾端體皮無增厚的情形, 另肛門位置略在側尾腺孔的前方, 距尾端約有 10 個體環 (圖三, C&D; 圖四, C&D)。上述 3 群皆未發現雄蟲。



圖四、*Scutellonema truncatum* 雌蟲之SEM影像形態 (Stru3)：A, 蟲體頭部前端 (ae, 側帶橫條溝)；B, 側帶 (i, 側帶溝；v, 陰門)；C & D: 尾部區 (a, 肛門；ae, 側帶橫條溝；p, 側尾腺孔)。比例尺長度：A-D=10 微米。

Fig. 4. SEM photomicrographs of *Scutellonema truncatum* (stru3). Female, A: Anterior region (ae, aerolations); B: Lateral field (i, incisures; v, vulva); C & D: Tail region (a, anus; ae, aerolations; p, phasmid). Scale bars in A-D=10 μ m.

Hoplolaimus columbus 之鑑定

從台灣中部的雲林斗南、南部的高雄旗山和大樹及屏東萬巒、東部的花蓮新城，以及外島金門尚義等6個地區的香蕉園中，共分離鑑定出7群 *Hoplolaimus columbus* (表一)。除Hco4群的b'、ODG及o等三項形態測量值的平均值較其他6群為小外，其餘各項的平均值及其範圍在各群間皆非常一致(表四)。在rDNA片段序列的比對上，7個選殖體之原始序列(1264 bp-1275 bp)和一致性序列(1269 bp)的相同度為98.2-99.2%。另前述Hco4群的原始序列和一致性序列的相同度為98.9%。

H. columbus 體長屬於中型，長度約介於1.36-1.51 μ m (表四)，靜止固定後大多呈現直線或微向腹面之彎曲狀，而食道腺體和腸部為背部重疊狀(圖五, A)。唇區突出且與蟲體間有明顯區隔，其高度約7.9 μ m，而其上面有明顯的水平條溝(transverse striations)和垂直

條溝(longitudinal striations)(圖五, C; 圖六, A)。口針外觀粗大，口針結球前緣呈鋸齒狀且微向前突出，其橫寬約8.1 μ m，而口針錐約佔總口針長度的一半(m=50.2)。半月體位置約位於排泄孔下方2-4個體環處。中部食道球呈圓形，其橫寬約21.1 μ m。側帶上只有一條側帶溝且不明顯(圖六、C&D)。側尾腺孔大型，位於陰門前後的左右兩側，二者內側直徑大約相等(圖五, B; 圖六, B&C)。尾部呈半圓球形，尾端體皮略呈加厚(圖五, D)。上述7群中皆未發現雄蟲。

討 論

在台灣地區所分離鑑定的6群 *Scutellonema brachyurum* 雌蟲，其形態測量值和在美國北卡羅萊那州(North Carolina)地區所分離之地模標本(topotypes)所記錄的數值比對(表二)，除了o值的範圍差距較大外(19.4-34.6和17-28)，其餘主要測量值的範圍如體

表四、台灣和金門地區 *Hoplotaimus columbus* 之形態測量值及其與在美國地區已記錄副模標本之比較Table 4. Morphometrics of the *Hoplotaimus columbus* populations isolated from Taiwan and Kinmen and its comparison with paratypes recorded in USA

Character ¹	Locality (code)			
	Dounan (Hco1)	Cishan (Hco2)	Dashu (Hco3)	Kinmen (Hco4)
n	15	12	8	8
L (mm)	1.36 ± 0.08 (1.15-1.50)	1.42 ± 0.09 (1.26-1.54)	1.39 ± 0.06 (1.27-1.48)	1.41 ± 0.14 (1.28-1.64)
a	30.4 ± 2.9 (27.7-36.6)	34.0 ± 2.9 (28.2-38.1)	31.2 ± 3.5 (27.6-36.8)	31.5 ± 3.2 (27.1-36.0)
b	13.6 ± 1.1(n=14) (12.1-16.1)	14.1 ± 0.8 (12.9-15.3)	13.8 ± 0.9 (12.4-15.0)	13.5 ± 1.3 (11.8-15.5)
b'	7.1 ± 0.8(n=13) (5.9-8.6)	7.6 ± 0.5(n=9) (7.1-8.6)	7.2 ± 0.6 (n=5) (6.4-8.0)	6.3 (n=4) (6.0-6.6)
c	58.7 ± 5.1(n=13) (47.5-67.0)	54.6 ± 8.5 (42.0-73.0)	59.7 ± 10.6 (47.0-77.8)	58.4 ± 1.9(n=7) (55.0-61.4)
c'	0.73 ± 0.1 (0.6-0.8)	0.85 ± 0.1 (0.6-1.1)	0.77 ± 0.1 (0.6-0.9)	0.77 ± 0.1 (0.7-0.9)
V	55.7 ± 1.7 (53.4-58.4)	55.6 ± 1.9 (53.5-58.9)	56.0 ± 2.2 (53.9-59.2)	55.4 ± 1.8 (52.1-57.9)
Stylet (μm)	42.3 ± 1.0 (40.7-43.3)	42.2 ± 1.0 (40.8-44.0)	42.9 ± 1.2 (40.7-44.0)	43.3 ± 1.6 (42.0-46.7)
ODG (μm)	6.1 ± 1.2 (4.3-9.3)	6.8 ± 0.4 (6.1-7.7)	7.6 ± 0.7 (6.7-9.0)	5.0 ± 1.1(n=7) (4.1-7.0)
O	14.4 ± 2.8 (10.5-21.6)	16.1 ± 1.1 (14.3-18.9)	17.7 ± 2.1 (15.7-22.1)	11.5 ± 2.1 (9.8-15.0)
EP (μm)	125 ± 8(n=13) (106-139)	144 ± 11(n=11) (129-166)	136 ± 11(n=6) (128-158)	124 ± 19(n=6) (112-163)
P	9.3 ± 0.8 (7.5-10.7)	10.2 ± 0.9 (9.3-12.1)	9.8 ± 0.7 (9.0-10.8)	9.0 ± 0.6 (8.4-10.2)
Phasmid (μm)	4.9 ± 0.4(n=12) (4.5-6.0)	4.5 ± 0.3(n=6) (4.0-4.8)	4.9 ± 0.3 (4.3-5.2)	5.0 ± 0.3 (n=7) (4.7-5.5)
Anterior phasmid	-	33.9 (n=3) (29.1-37.3)	38.1 ± 1.7 (n=7) (36.3-40.6)	35.7 (n=3) (32.7-40.4)
Posterior phasmid	82.3,82.5	80.8 ± 2.6(n=7) (75.5-83.5)	80.8 ± 1.9 (78.3-83.0)	81.4 ± 1.5 (79.6-84.2)
Tail (μm)	23 ± 2 (18-28)	27 ± 3 (20-32)	24 ± 4 (18-28)	24 ± 3 (21-28)
Anal body width (μm)	32 ± 3 (27-37)	31 ± 2 (28-33)	31 ± 2 (28-33)	31 ± 1 (30-34)

長(L)、陰門位置(V)及口針長度(stylet)等皆相當吻合。另與12隻的合模式標本(syntypes)進行比對,其有記錄的各測量值範圍亦相當接近^(21,23)。此外,*S. brachyurum*的雄蟲相當少見,僅Taylor氏⁽²⁵⁾曾在美國明尼蘇達州(Minnesota)地區發現,其雄雌的出現比率約為1/200,而在本研究中所分離的各群線蟲中,皆未發現雄蟲。本研究中的3群*S. truncatum*雌蟲,其形態

測量值的範圍和在南非地區所分離的副模標本(paratypes)比對,除c項值的範圍間有較明顯差別外(36.7-69.0和50-80),其餘主要測量值的範圍,如體長、陰門位置及口針長度等都相當接近(表三)。至今文獻中無*S. truncatum*雄蟲的報導,而本研究中的3群線蟲中亦未發現雄蟲。至於7群*Hoplotaimus columbus*雌蟲的形態測量值,其範圍和在美國北卡羅萊那州地

表四、台灣地區 *Hoplotaimus columbus* 之形態測量值及其與在美國地區已記錄副模標本之比較 (續)Table 4. Morphometrics of the *Hoplotaimus columbus* populations isolated from Taiwan and Kinmen and its comparison with paratypes recorded in USA (cont.)

Character ¹	Locality (code)			
	Sincheng (Hco5)	Sincheng (Hco6)	Wanluan (Hco7)	South Carolina, USA Soybean (paratypes) ²
n	8	8	12	20
L (um)	1.44 ± 0.12 (1.26-1.59)	1.46 ± 0.11 (1.30-1.67)	1.51 ± 0.09 (1.34-1.73)	1.26-1.80
a	32.8 ± 3.2 (28.5-38.8)	34.0 ± 1.5 (31.7-35.8)	33.5 ± 2.9 (27.9-38.0)	30-38
b	14.8 ± 1.2 (12.9-16.5)	14.3 ± 0.9(n=7) (13.3-15.4)	14.5 ± 0.8 (13.1-15.7)	-
b'	7.7 ± 0.6(n=7) (7.2-8.8)	7.3 ± 0.4(n=5) (6.7-7.7)	7.9 ± 0.5 (6.7-8.6)	6.3-9.7
c	59.9 ± 6.0 (53.0-69.6)	58.5 ± 7.2(n=6) (53.0-69.6)	59.7 ± 8.0 (43.4-71.5)	-
c'	0.80 ± 0.1 (0.7-0.9)	0.83 ± 0.1(n=6) (0.7-0.9)	0.80 ± 0.1 (0.7-1.1)	-
V	56.4 ± 1.3 (55.0-58.7)	55.6 ± 1.7 (52.9-57.7)	55.4 ± 1.5 (52.6-58.6)	51-60
Stylet (μm)	42.9 ± 1.4 (41.3-45.3)	42.2 ± 0.9 (40.7-43.3)	42.4 ± 1.4 (40.7-44.7)	40-48
ODG (μm)	6.3 ± 1.1 (4.7-7.7)	6.4 ± 0.8(n=7) (5.0-7.3)	6.9 ± 0.7 (5.7-8.1)	-
O	14.8 ± 2.7 (10.9-17.8)	15.1 ± 2.0 (11.5-17.5)	16.3 ± 1.7 (13.2-19.0)	9-13
EP (μm)	127 ± 8(n=7) (117-140)	134 ± 8(n=7) (123-144)	143 ± 12 (123-165)	-
P	8.9 ± 0.8 (7.5-9.9)	9.4 ± 0.4 (8.9-10.0)	9.5 ± 0.7 (8.3-10.3)	-
Phasmid (μm)	5.1 ± 0.7(n=7) (4.0-5.9)	4.8 ± 0.5 (4.0-5.5)	5.2 ± 0.3(n=11) (4.7-5.7)	-
Anterior phasmid	40.3 (n=4) (37.5-48.1)	37.2 ± 2.5(n=6) (32.8-39.9)	33.1 ± 3.9(n=5) (30.2-39.7)	34-47
Posterior phasmid	77.7 ± 3.8(n=6) (70.2-80.8)	82.5 ± 2.2(n=7) (79.1-84.9)	80.4 ± 2.8(n=8) (75.3-85.3)	80-90
Tail (μm)	24 ± 3 (20-30)	26 ± 2 (23-28)	26 ± 4 (20-35)	-
Anal body width (μm)	30 ± 2 (27-33)	31 ± 1 (30-33)	32 ± 1 (31-35)	-

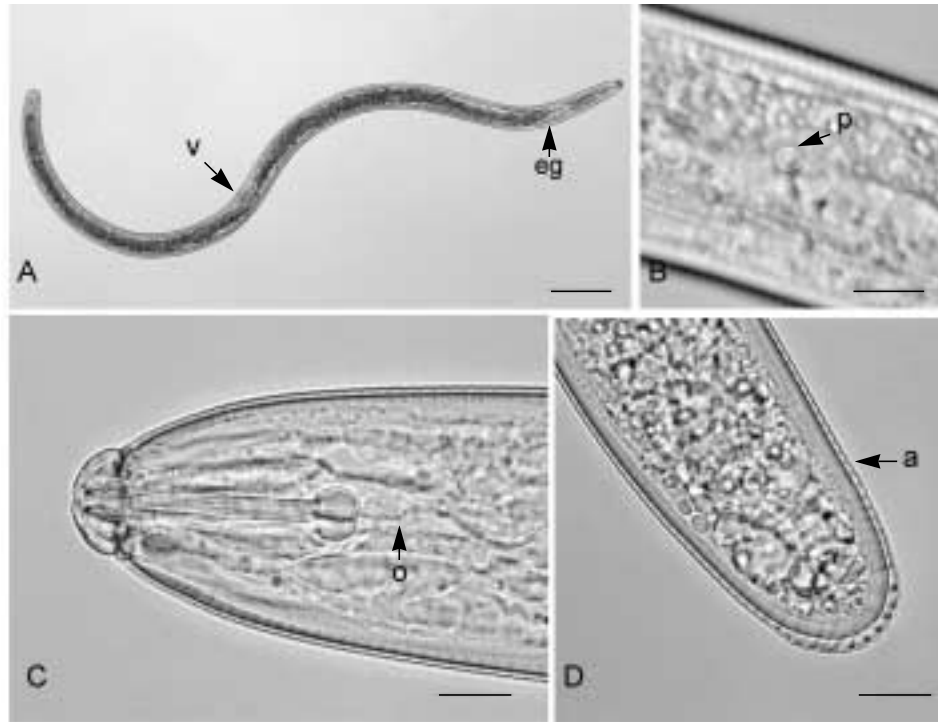
¹ Anterior phasmid= ratio between distance from anterior phasmid to the anterior end of body to body length in %; Posterior phasmid= ratio between distance from posterior phasmid to the anterior end of body to body length in %, the others see table 2.

² Sher, S. A. 1963. ⁽²²⁾

區所分離的副模標本比對，除 c 項值的範圍有明顯差別 (42.0-77.8 和 39-57)，其他主要測量值的範圍，如體長、陰門位置、口針長度、前側尾腺孔 (anterior phasmid) 及後側尾腺孔 (posterior phasmid) 都相當吻合 (表四)。*H. columbus* 的雄蟲相當少見，但 Fassuliotis 氏⁽⁹⁾

曾在一群中發現其雄蟲和雌蟲的比率為 1/60，另指出雄蟲的整體外觀形態和雌蟲的唯一差別只在於生殖器官不同。

截至目前，植物病原線蟲種類之鑑定雖仍大多以雌蟲之形態特徵和形態測量值的比對為主，但最近幾



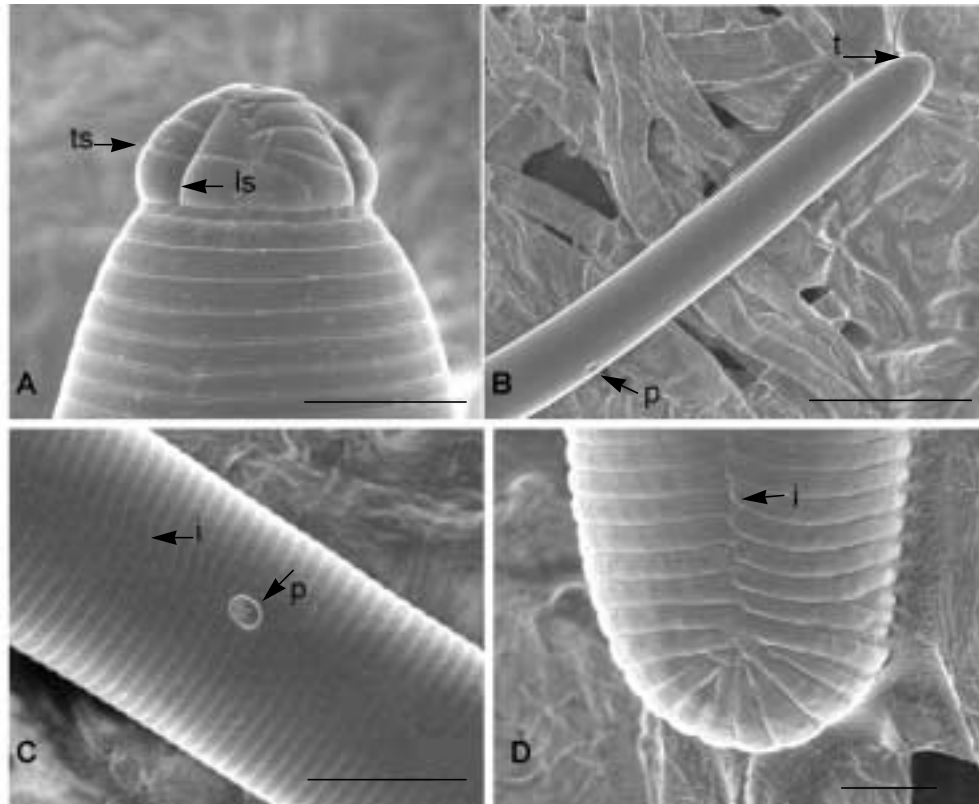
圖五、*Hoplolaimus columbus* 雌蟲之光學影像形態：A, 蟲體靜止時形態 (eg, 食道腺體；v, 陰門)；B, 後側尾腺孔 (p, 側尾腺孔)；C, 蟲體頭端部分 (o, 背食道腺體之開口位置)；D, 尾部區 (a, 肛門)。比例尺長度：A=100 微米；B-D=10 微米。

Fig. 5. Photomicrographs of *Hoplolaimus columbus*. Female, A: Whole body (eg, esophageal gland; v, vulva); B: Posterior phasmid (p, Phasmid); C: Anterior region (o, orifice of dorsal gland); D: Tail region (a, anus). Scale bars in A=100 μ m ; in B-D=10 μ m.

年已有更多研究報告以基因體的 rDNA 序列進行比較分析，藉以輔助傳統形態鑑定上的不足或進而據以設計具種專一性之引子對 (species-specific primer)^(2,3,4,5,6,7,19,24)。在本研究中，三種線蟲的各項形態測量平均值在其各群間的差異極小，但其中仍有少數 3 群 (Sbra1, Stru1, Hco4) 的部分測量值和其他群間有較明顯差異，但經由各 rDNA 片段之原始序列間及與其一致性序列相互比較後，其相似度均高達 97 % 以上，因此推測本研究中少數群內之部份形態測量值的差異應屬種內變異 (intraspecific variation)。

有關 *Scutellonema* spp. 和 *Hoplolaimus* sp. 在國內之寄主範圍情形，黃氏等⁽¹⁵⁾於全省各類作物上共計採集 10577 個根圈土樣，其中包括金針花 (菜) 和桂竹及其他竹類等，除了在唐菖蒲上發現 *Scutellonema* spp. 之存在外，其餘樣本皆未檢視到該屬線蟲。另在金門地區普遍存在的 *Scutellonema* spp.⁽²⁾，經再次採集尚義地區的蔬菜園土樣，發現其中的螺旋線蟲皆屬於 *Rotylenchus* sp. (未發表資料)，至於另外在高粱和許多果樹種類上所記錄的 *Scutellonema* sp. 是否皆應為 *Rotylenchus* sp. 則仍有待進一步釐清。胡和曾二氏⁽¹⁴⁾在

調查全省台糖的蔗園，和杜氏等⁽²⁶⁾探討南部七縣市主要棉區之線蟲種類的報告中，雖皆載有 *Hoplolaimus* sp. 雌蟲和雄蟲的形態描述及雌蟲的圖片，但無進一步相關的形態測量值資料。另黃氏等⁽¹⁵⁾在全省許多作物上皆分離到 *Hoplolaimus* sp.，其中包括香蕉、甘蔗和柑桔等作物，但是在大豆和棉花上都未檢視到該屬線蟲。而依據國外文獻的記載，*S. brachyurum* 為一全世界廣泛分佈的種類，且其寄主植物種類眾多⁽²¹⁾，而 *S. truncatum* 的寄主種類則較少，有記錄者僅無花果 (fig)、日本櫻桃 (Japanese cherry)、竹類及甘蔗等 4 種作物^(17,21)，至於 *H. columbus* 除在美東南部海岸平原 (Coastal Plain) 上是大豆和棉花二大作物的重要病原線蟲，許多其他的豆類作物 (legumes)、雜草或覆蓋作物 (cover crops) 亦係寄主^(10,11,22)。另在巴基斯坦 (Pakistan) 地區⁽²⁰⁾，由香蕉的根系曾發現 *H. columbus*。但是依據陳氏多年在台灣和金門地區為進行劍線蟲 (*Xiphinema* spp.)^(3,4,5,6,7)，矮化線蟲 (*Tylenchorhynchus* spp., *Paratrophurus* spp.)、鞘線蟲 (*Hemicriconemoides* spp.)、環紋線蟲 (*Criconemoides* spp.)、釘線蟲 (*Gracilacus* spp., *Paratylenchus* spp.) 及螺旋線蟲



圖六、*Hoplolaimus columbus* 雌蟲之SEM影像形態(Hco1)：A, 唇部區 (lt, 垂直條溝；ts, 水平條溝)；B, 蟲體後端部分 (p, 側尾腺孔；t, 尾部)；C, 後側尾腺孔 (i, 側帶溝；p, 側尾腺孔)；D, 尾部 (i, 側帶溝)。比例尺長度：B=100 微米；A,C 和D=10 微米。

Fig. 6. SEM photomicrographs of *Hoplolaimus columbus* (Hco1). Female, A: Lip region (lt, longitudinal striation; ts, transverse striation); B: Posterior region (p, phasmid; t, tail); C: Posterior phasmid (i, incisure; p, phasmid); D: tail region (i, incisure). Scale bars in B=100 μ m; in A, C & D=10 μ m.

(*Helicotylenchus* spp.) 等線蟲樣本之收集和鑑定，根據採集的許多植物種類中 (未發表資料)，截至目前，*S. brachyurum* 僅存在於金花石蒜 (石蒜科)、金針花 (菜) 及松葉武竹 (百合科) 等三種花卉作物上，此與國外報告所述之寄主範圍廣泛⁽²¹⁾不同，此可能由於分離樣本群的來源不夠多元，亦或是在台灣之氣候和地理環境及栽作物種影響，導致本線蟲在台灣之寄主範圍有所改變，確切狀況則仍需進一步証實。另外有關 *S. truncatum* 的存在情形，本研究發現只在3個地區的竹園中分離得到，至於 *H. columbus* 在台灣地區只能從香蕉 (北蕉或芭蕉) 園中發現，而過去在金門地區的高粱、柿子及枇杷上所分離的 *Hoplolaimus* spp.⁽²⁾ 是否亦為 *H. columbus* 或為其它的種類則有待再進一步採樣闡明。

綜合上述，本研究中將台灣和金門地區的三種線蟲 (*S. brachyurum*、*S. truncatum* 和 *H. columbus*) 種類的形態測量值進行了詳實的記錄，而且已將其包含完整 5.8S 基因和 ITS-1 及 ITS-2 區間序列的代表性 rDNA 片

段序列資料首次登錄在 GenBank 資料庫中，可供全世界研究者於形態鑑定時另一重要佐證比對的資料。另外在台灣地區的這三種線蟲種類，其寄主植物種類範圍似較為專一，與國外研究結果有些許差異，未來將於更多不同種類的田間，採集更多樣品，或於溫室內培養直接進行不同作物的線蟲接種試驗，以釐清其寄主範圍，期能正確地建立台灣和金門等地區各類作物的線蟲種類和其分佈情形等的資料庫，以供國內檢防疫單位進行政策擬定和施行之參考。

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，並蒙金門縣政府動植物防疫所胡錫載所長和李有世先生鼎力支持和協助田間採樣工作；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，特致謝忱。

引用文獻 (LITERATURE CITED)

1. Bird, G. W., Brooks, O. L., Perry, C. E., Futral, J. G., Canerday, T. D., and Boswell, F. C. 1974. Influence of subsoiling and soil fumigation on the cotton stunt disease complex, *Hoplolaimus columbus* and *Meloidogyne incognita*. Plant Dis. Repr. 58: 541-544.
2. Chen, D. Y., Lee, Y. S., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2002. A preliminary investigation on plant-parasitic nematodes at Kinmen. J. Agric. Res. China 51: 31-38. (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 elongatum* populations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 45-60. (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 insigne* populations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 127-142. (in Chinese with English abstract)
5. 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)
6. 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)
7. 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.
8. Fassuliotis, G., Rau, G. J., and Smith, F. H. 1968. *Hoplolaimus columbus*, a nematode parasite associated with cotton and soybean in South Carolina. Plant Dis. Repr. 52: 571-572.
9. Fassuliotis, G. 1974. A description of males of *Hoplolaimus columbus*. J. Nematol. 6: 116-118.
10. Fassuliotis, G. 1974. Host range of the Columbia lance nematode, *Hoplolaimus columbus*. Plant Dis. Repr. 58: 1000-1002.
11. Fassuliotis, G. 1976. *Hoplolaimus columbus*. C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 6, No. 81. Farnham Royal, UK: Commonwealth Agricultural Bureaux.
12. Graham, T. W. 1955. Pathogenicity of *Rotylenchus brachyurus* on tobacco and of *Criconemoides* sp. on tobacco and peanuts. Phytopathology 45: 347. (abstract)
13. Hu, C. H., and Chu, H. T. 1959. The nematode investigation in sugarcane field of Taiwan. Taiwan Sugar Res. Inst. 19: 35-51. (in Chinese with English abstract)
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, ROC, 61 pp. (in Chinese with English abstract)
16. Hung, Y. P., Hung, W. L., and Chen, C. S. 1966. Nematodes parasitic to banana and their distribution in Taiwan. Plant Prot. Bull. 8: 221-226. (in Chinese)
17. Krall, E. L. 1990. Root parasitic nematodes- Family Hoplolaimidae. E. J. Brill, Leiden, 580 pp.
18. Lewis, S. A., Smith, F. H., and Powell, W. M. 1976. Host-parasite relationships of *Hoplolaimus columbus* on cotton and soybean. J. Nematol. 8: 141-145.
19. Oliveira, C. M. G., Fenton, B., Malloch, G., Brown, D. J. F., and Neilson, R. 2005. Development of species-specific primer for the ectoparasitic nematode species *Xiphinema brevicolle*, *X. diffusum*, *X. elongatum*, *X. ifacolum* and *X. longicaudatum* (Nematoda: Longidoridae) based on ribosomal DNA sequences. Ann. Appl. Biol. 146: 281-288.
20. Saeed, M., and Ashrafi, S. H. 1973. The occurrence of some plant-parasitic nematodes with special reference to new hosts in West Pakistan. Pakistan J. Sci. Industr. Res. 6: 128-129.
21. Sher, S. A. 1963. Revision of the Hoplolaiminae (Nematoda). III. *Scutellonema* Andrassy, 1958. Nematologica 9: 421-443.
22. Sher, S. A. 1963. Revision of the Hoplolaiminae (Nematoda). II. *Hoplolaimus* Daday, 1905 and *Aorolaimus* n. gen. Nematologica 9: 267-295.
23. Siddiqi, M. R. 1974. *Scutellonema brachyurum*. C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 4, No. 54. Farnham Royal, UK: Commonwealth Agricultural Bureaux.
24. Subbotin, S. A., Madani, M., Krall, E., Sturhan, D., and Moens, M. 2005. Molecular diagnostics, taxonomy, and phylogeny of the stem nematode *Ditylenchus dipsaci* species complex based on the sequences of the internal transcribed spacer-rDNA. Phytopathology 95: 1308-1315.
25. Taylor, D. P. 1959. The male of *Scutellonema brachyurum* (Steiner, 1938) Andrassy, 1958. Proc. Helm. Soc. Wash. 26: 51-53.
26. 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)

27. Yu, P. C., and Tsay, T. T. 2003. Occurrence of a foliar nematode disease of fern in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 35-44. (in Chinese with English abstract)

ABSTRACT

Chen, D. Y.¹, Chen, R. S.², Yen, J. H.³, Tsay, T. T.⁴, and Ni, H. F.^{5,6}. 2006. Species of spiral nematode and lance nematode (Nematoda: Hoplolaiminae) identified in Taiwan and Kinmen. Plant Pathol. Bull. 15:25-38. (¹ Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan; ² Graduate Institute of Biotechnology, National Chiayi University, Chiayi, Taiwan ; ³ Agricultural Extension Center, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan; ⁴ Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan; ⁵ Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, TARI, Taiwan; ⁶ Corresponding author, E-mail: hfni@dns.caes.gov.tw, Fax: +886-5-2773630)

Six populations of *Scutellonema brachyurum* (Steiner, 1938) Andrassy, 1958, three populations of *S. truncatum* Sher, 1963 and seven populations of *Hoplolaimus columbus* Sher, 1963 were collected and identified for the first time in Taiwan and Kinmen. Based on the external morphology, morphometrics and the sequence of internal transcribed spacer (ITS) region and 5.8S unit of the ribosomal DNA, the species taxon for each nematode population was confirmed. In this study, additional morphometric data and SEM figures for these three species were also provided. The sequence of representative rDNA fragment of each species was deposited in GenBank for the benefits of worldwide researchers.

Key words: spiral nematode, lance nematode, identification, *Scutellonema brachyurum*, *Scutellonema truncatum*, *Hoplolaimus columbus*, ribosomal DNA