

台灣地區矮化線蟲 *Tylenchorhynchus annulatus* 及新記錄種 *T. leviterminalis* (Nematoda: Belonolaimidae) 之鑑定

陳殿義¹ 倪蕙芳² 顏志恒³ 蔡東纂^{4,5}

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 國立中興大學農業推廣中心

⁴ 台中市 國立中興大學植物病理學系

⁵ 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 11 月 30 日

摘要

陳殿義、倪蕙芳、顏志恒、蔡東纂. 2006. 台灣地區矮化線蟲 *Tylenchorhynchus annulatus* 及新記錄種 *T. leviterminalis* (Nematoda: Belonolaimidae) 之鑑定. 植病會刊 15 : 251-262

自 2005 年 1 月起，從台灣地區水稻、甘蔗、玉米、香蕉及竹等作物的根圈土中共分離鑑定 10 群 *Tylenchorhynchus annulatus* (Cassidy, 1930) Golden, 1971 和 9 群 *T. leviterminalis* Siddiqi, Mukherjee & Dasgupta, 1982，其中後者為台灣地區的新記錄種。各群矮化線蟲之種類鑑定依據外觀形態、形態測量值 (morphometrics) 及核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段 (包括完整 5.8S 基因，內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2 及部分 18S 和 28S 基因) 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 (包括 b, m, ODG, O, EP、tail 及 ABW 等共 7 項) 和 SEM 外觀形態方面資料，並首次在 GenBank 中登錄這二種矮化線蟲的 rDNA 片段代表性序列，大小皆為 1198 bp，其序列相同度為 91.1 %。另二者的 ITS-1、ITS-2 及 5.8S 序列相同度 (大小) 依序分別為 88.1 % (493 bp 和 490 bp)、83.9 % (237 bp 和 240 bp) 及 98.8 % (162 bp)。

關鍵詞：矮化線蟲、線蟲鑑定、核糖體 DNA、*Tylenchorhynchus annulatus*、*Tylenchorhynchus leviterminalis*

緒言

依據 Fortuner 和 Luc 二氏⁽⁹⁾ 的分類方法，矮化線蟲 (stunt nematode, *Tylenchorhynchus* Cobb, 1913) 的分類地位屬於 Belonolaimidae Whitehead, 1960 科 (family) 下的 Telotylenchinae Siddiqi, 1960 亞科 (subfamily) 中，其正式發表的種類已達 177 種⁽²⁾。*Tylenchorhynchus* 屬線蟲的主要形態特徵^(9,23) 為體長屬於中型，長度約 1 mm 以下，其體表角皮 (cuticle) 之體環 (annules) 明顯；側帶 (lateral field) 上具有 2-5 條側帶溝 (incisures)，較少見側帶橫條溝 (aerolations)；尾部 (tail) 呈現擬圓錐體 (conoid)、稍圓柱體 (subcylindroid) 或稍棍棒

(subclavate) 型，而尾末端大多為平滑 (smooth)，少數具有橫條溝 (transverse striation)，而其長度約為尾寬的 3 倍 (c'=2-4)；頭唇部 (cephalic lip region) 上大多具有數個體環，或少數為平滑型，和蟲體之相接處不具或稍呈縊縮；口針 (stylet) 前端細長針型，口針結球 (stylet knob) 明顯，其長度約 15-30 μ m；中部食道球 (median bulb) 位於窄小且細長的食道前方體 (procorpus) 和狹細部 (isthmus) 之間，呈現圓形或橢圓形，且其食道球瓣相當顯著；後部食道球 (basal bulb) 為梨形 (pear shaped)，明顯地正面貼近於腸 (intestine) 前端。

矮化線蟲主要以遷移性外寄生 (migratory

ectoparasitic) 的方式，以口針刺吸寄主植物根毛附近及延長部的表皮細胞，造成根系組織表面局部壞疽和生長停止，以致植株根群減少，地上部葉片黃化及生長遲緩^(1,17,20,21)。*T. annulatus* (Cassidy, 1930) Golden, 1971 (= *T. martini* Fielding, 1956) 的模式產地 (type locality) 為美國夏威夷群島的 Kailua 地區，模式寄主 (type habitat) 為甘蔗，而其前期作物為水稻⁽²¹⁾。*T. annulatus* 在熱帶及亞熱帶地區廣泛分佈，其寄主作物種類眾多，但以甘蔗、水稻及禾草 (grasses) 等作物為主。*T. leviterminalis* Siddiqi, Mukherjee & Dasgupta, 1982 (= *T. crassicaudatus leviterminalis* Siddiqi, Mukherjee & Dasgupta, 1982)⁽²³⁾ 的模式產地為印度西孟加拉 (West Bengal) 地區的 Chandan Nagar，其模式寄主為香蕉 (*Musa paradisiacal*)，另外在芒果 (mango, *Mangifera indica* L.) 和 Jackfruit (*Artocarpus integrifolia* L.) 的根圍土中亦可分離到該種線蟲⁽²²⁾，至於其危害情形則尚無報導。

截至目前，台灣地區已記錄之矮化線蟲種類有 *T. nudus* Allen, 1955、*T. annulatus* 及 *T. cylindricus* Cobb, 1913 等 3 種^(12,16,26)，其寄主作物分別為甘蔗、水稻及棉等，而其中有關 *T. nudus* 的鑑定依據只有圖片及形態描述，未記錄相關形態測量之數據資料。另香蕉園中亦曾分離到矮化線蟲，但未鑑定種類⁽¹⁵⁾。西元 1970 年 3 月至 1971 年 12 月，黃氏等⁽¹³⁾ 於全台各地的糧食、雜糧、特用、蔬菜、果樹及花卉等作物上皆可普遍地分離到矮化線蟲，但同樣地並未進行種類鑑定。自

2005 年 1 月起，本文作者陸續從全台各地共分離到 19 群矮化線蟲，經以光學和掃描電子顯微鏡 (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 *T. annulatus* 和 *T. leviterminalis* 二種矮化線蟲，其中後者為台灣地區的新記錄種，茲將鑑定結果報告如後。

材料和方法

矮化線蟲供試群的來源 (表一)，部分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，放入封口袋中。其他供試群為分離自一年或多年生及管理良好之甘蔗、香蕉及竹園之根圍土。線蟲分離以改良式柏門氏漏斗分離法進行，所獲得之線蟲群以 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 基因和內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2，以及部分 18S 和 28S 基因) 序列的相同度值比較，所採用之分析軟體和參數設定值同陳氏等⁽³⁾ 之報告。另線蟲的 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⁽⁵⁾ 之方法。關於此二種矮化線蟲的 rDNA 片段之代表性序列中的 5.8S 基因、ITS-1 及 ITS-2 各別序列區間的推測範圍，其方法是經由和 GenBank 中所登錄之 *Hirschmanniella oryzae* (Accession No.

表一、供試矮化線蟲 (*Tylenchorhynchus* spp.) 群之來源

Table 1. The sources of stunt nematodes investigated

Species	Code	Host	Location
<i>T. annulatus</i>	Tann1	Rice (稻) (<i>Oryza sativa</i> L.)	Hukou (湖口), Hsinchu County
	Tann2	Rice (稻) (<i>O. sativa</i> L.)	Wufong (霧峰), Taichung County
	Tann3	Rice (稻) (<i>O. sativa</i> L.)	Yuannli (苑裡), Miaoli County
	Tann4	Sugarcane (紅甘蔗) (<i>Saccharum officinarum</i> L.)	Puli (埔里), Nantou County
	Tann5	Sugarcane (紅甘蔗) (<i>S. officinarum</i> L.)	Mingchien (名間), Nantou County
	Tann6	Sugarcane (紅甘蔗) (<i>S. officinarum</i> L.)	Luye (鹿野), Taitung County
	Tann7	Sugarcane (白甘蔗) (<i>S. officinarum</i> L.)	Luye (鹿野), Taitung County
	Tann8	Sugarcane (製糖甘蔗) (<i>S. officinarum</i> L.)	Chiayi City (嘉義市)
	Tann9	Sugarcane (製糖甘蔗) (<i>S. officinarum</i> L.)	Yuanchang (元長), Yunlin County
	Tann10	Corn (食用玉米) (<i>Zea mays</i> L.)	Shueishang (水上) Chiayi County
<i>T. leviterminalis</i>	Tlev1	Banana (北蕉) (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')	Dounan (斗南), Yunlin County
	Tlev2	Banana (北蕉) (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')	Chishan (旗山), Kaohsiung County
	Tlev3	Banana (北蕉) (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')	Jhushan (竹山), Nantou County
	Tlev4	Banana (北蕉) (<i>Musa</i> spp. cv. 'Pei-chiao')	Fonglin (鳳林), Hualien County
	Tlev5	Banana (芭蕉) (<i>Musa</i> spp. cv. 'Ba-chiao')	Chiayi City (嘉義市)
	Tlev6	Sugarcane(紅甘蔗) (<i>S. officinarum</i> L.)	Tianjung (田中), Changhua County
	Tlev7	Sugarcane(白甘蔗) (<i>S. officinarum</i> L.)	Luye (鹿野), Taitung County
	Tlev8	Bamboo (麻竹) (<i>Bambusa</i> spp.)	Chiayi City (嘉義市)
	Tlev9	Bamboo (麻竹) (<i>Bambusa</i> spp.)	Douliou (斗六), Yunlin County

DQ309588)⁽⁷⁾、*Hoplolaimus columbus* (Accession No. DQ309584)⁽⁵⁾、*Helicotylenchus dihystra* (Accession No. DQ309585)⁽⁶⁾ 及 *Rotylenchus brevicaudatus* (Accession No. DQ309587)⁽⁶⁾ 的 rDNA 片段序列，以 BestFit program (GCG, SeqWeb 2.1 版) 進行成對比對後推估所得，至於其代表性序列的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。

矮化線蟲 rDNA 片段之代表性序列

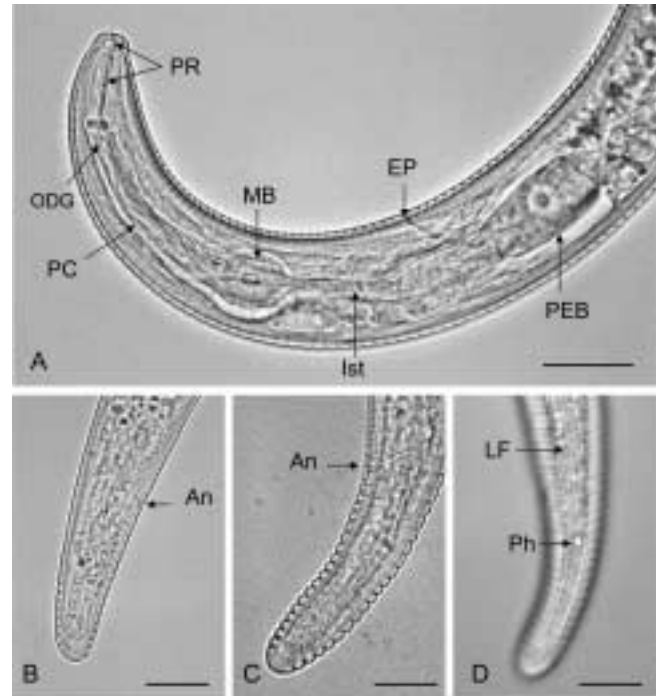
本研究的二種矮化線蟲之代表性序列 (一致性序列, consensus sequence) 的產生方式分別如下: 在 10 群 *Tylenchorhynchus annulatus* 中 (表一)，從 Tann2、Tann4、Tann5、Tann7 及 Tann8 等 5 群中，由 Tann2 和 Tann4 分別挑取 3 及 2 個選殖體，其餘 3 群各取 1 個選殖體進行定序，共獲得 8 條 rDNA 片段原始序列，此 8 條序列以 Pretty program (GCG, SeqWeb 2,1 版) 進行同時多條序列比對，由此方法產生的一致性序列再經由人為檢視修正後為上述該種線蟲之代表性序列 (1198 bp, GenBank, Accession No. EF030983)；而 9 群的 *T. leviterminalis* 中 (表一)，從 Tlev5 挑取 2 個選殖體、而從其他 7 個群 (Tlev2 除外) 各取 1 個選殖體進行定序，共獲得 9 條 rDNA 片段原始序列，而由此 9 個原始序列，以前述同樣方法產生其代表性序列 (1198 bp, GenBank, Accession No. EF030984)。

結 果

Tylenchorhynchus annulatus 之鑑定

由台灣地區的水稻、甘蔗及玉米等十處作物的根圈中均分離鑑定出 *Tylenchorhynchus annulatus* (表一)，其雌蟲的主要形態測量平均值 (表二)，除 Tann8 群的 c' 項和 Tann7 群的 V 項及 Tann9 群的 EP 項的平均值分別皆和其中的 7 群，以及 Tann3 群和 Tann5 群的 Tail 項的平均值分別皆和其中 8 群有顯著差異外 ($P=0.01$)，其餘大部分各項的平均值在各群間均無顯著性 ($P=0.01$) 差異，而其中 b' 項的平均值在 10 群間皆無顯著差異。

在 rDNA 片段序列的比對上，8 個選殖體之原始序列 (1193-1202 bp) 和其代表性序列 (1198 bp) 的相同度為 98.7-99.8%，而其平均值為 99.6%。Tann5、Tann7 及 Tann8 的 rDNA 片段原始序列，和代表性序列的相同度值依序分別為 99.7、99.5 和 98.7%。至於代表性序列中的 ITS-1、ITS-2 及 5.8S 的序列大小，依序分別



圖一、*Tylenchorhynchus annulatus* 之光學影像形態: A, 蟲體前端部分 (EP, 排泄口; Ist, 狹細部; MB, 中部食道球; ODG, 背部食道腺開口; PC, 食道前方體; PEB, 後部食道球; PR, 口針錐); B、C 和 D, 雌蟲尾部 (An, 肛門; LF, 側帶; Ph, 側尾腺口)。比例尺長度: A = 20 微米; B-D = 10 微米。

Fig. 1. Photomicrographs of *Tylenchorhynchus annulatus*, A, Anterior region (EP, excretory pore; Ist, isthmus; MB, median bulb; ODG, orifice of dorsal gland; PC, procarpus; PEB, post-esophageal bulb; PR, prorhabdion); B-D Female tail (An, anus; LF, lateral field; Ph, phasmid). Scale bars in A = 20 μm ; B-D = 10 μm .

為 493 bp、237 bp 及 162 bp。

T. annulatus 體表的體環相當明顯 (圖一, A; 圖二, B)，而唇部上具有 2-3 個體環，其高度約 3.1 μm (2.4-4.0 μm) (圖一, A; 圖二, A)。食道前方體和狹細部窄且細長，中部食道球呈卵圓形，其橫寬度約 11.5 μm (9.3-15 μm)，約佔同位置體寬的 1/2 (圖一, A)。排泄孔位於中部食道球和基部食道球之間，但較靠近狹細部底部的相對位置，和頭唇部之間約有 54 (48-60) 個體環 (圖一, A)。口針前端細針狀，口針結球的橫寬度約 4.0 μm (3.2-4.8 μm)，而口針錐 (prorhabdions) 約佔口針長度的一半 ($m = 47.7-50.6$) (圖一, A)。尾部為長形稍圓柱體狀 (elongate subcylindrical)，尾部頂端平滑，呈現鈍狀 (blunt) 或稍圓錐形；肛門 (anus) 和尾端間約有 20 (15-23) 個體環 (圖一, B 和 C; 圖二, C)。側尾腺口小圓盤狀，與尾端間距離約 34.6 μm (30.7-42.7 μm)，而其

間約有 14 (12-16) 個體環 (圖一, D; 圖二, C)。側帶上具有 4 條側帶溝 (圖二, B), 其寬度平均值約 $5.6 \mu\text{m}$ ($4.3-7.7 \mu\text{m}$), 約佔體寬的 1/4, 而蟲體的最大寬度平均值約 $22 \mu\text{m}$ ($17-27 \mu\text{m}$)。在蟲體中段位置的最外側二條側帶溝呈現局部鋸齒狀, 而在尾部上, 其側帶橫條溝較為明顯 (圖二, B 和 C)。陰門 (vulva) 位於蟲體中央偏後位置 ($V=52.9-56$), 卵巢 (ovaries) 前後對生, 為雙卵巢型 (didelphic), 各卵巢只具單列卵母細胞

(oocytes), 但無受精囊 (spermatheca)。在 10 群線蟲中皆未發現雄蟲。

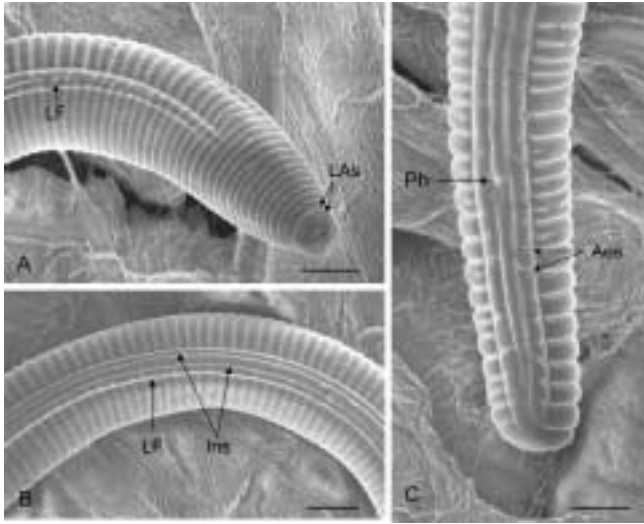
Tylenchorhynchus leviterminalis 之鑑定

由台灣地區的香蕉、甘蔗及竹等九處作物的根圈中均分離鑑定出 *Tylenchorhynchus leviterminalis* (表一), 其雌蟲的主要形態測量平均值 (表三), 除 Tlev1 群的口針平均值和其他 7 群 (Tlev3 除外) 者呈現顯著差

表二、台灣地區 *Tylenchorhynchus annulatus* 雌蟲之形態測量值及其與在美國地區已記錄群之比較

Table 2. Comparison the morphometrics of *Tylenchorhynchus annulatus* isolated from Taiwan and populations recorded in USA.

Character ¹	Location and host (code)					
	Hukou Rice (Tann1)	Wufong Rice (Tann2)	Yuannli Rice (Tann3)	Puli Sugarcane (Tann4)	Mingchien Sugarcane (Tann5)	Luye Sugarcane (Tann6)
n	17	22	13	16	12	12
L (mm)	$0.69 \pm 0.03^2 \text{ abc}^3$ (0.64-0.75)	$0.66 \pm 0.05\text{c}$ (0.55-0.72)	$0.67 \pm 0.03\text{bc}$ (0.60-0.73)	$0.70 \pm 0.05\text{ab}$ (0.62-0.80)	$0.67 \pm 0.03\text{bc}$ (0.61-0.70)	$0.68 \pm 0.03\text{abc}$ (0.62-0.74)
a	$31.2 \pm 2.3\text{bc}$ (27.3-35.0)	$31.7 \pm 2.1\text{abc}$ (26.2-35.3)	$32.2 \pm 2.4\text{abc}$ (27.9-37.2)	$33.2 \pm 3.4\text{ab}$ (28.8-38.3)	$33.1 \pm 2.3\text{ab}$ (30.4-36.3)	$32.8 \pm 1.9\text{ab}$ (30.0-35.2)
b	$10.7 \pm 0.7\text{b}$ (9.1-11.8)	$10.6 \pm 0.9\text{b}$ (8.7-12.1)	$10.8 \pm 0.6\text{ab}$ (9.9-11.9)	$11.2 \pm 0.8\text{ab}$ (9.7-12.4)	$11.1 \pm 0.5\text{ab}$ (10.5-11.9)	$11.2 \pm 0.5\text{ab}$ (10.7-12.3)
b'	$5.2 \pm 0.3\text{a}$ (4.5-5.8)	$5.1 \pm 0.4\text{a}$ (4.4-5.9)	$5.1 \pm 0.3\text{a}$ (4.7-5.8)	$5.4 \pm 0.3\text{a}$ (4.7-6.0)	$5.2 \pm 0.2\text{a}$ (4.9-5.6)	$5.4 \pm 0.3\text{a}$ (5.0-5.9)
c	$15.3 \pm 1.1\text{abc}$ (13.3-17.8)	$14.4 \pm 1.1\text{cd}$ (12.4-16.3)	$15.1 \pm 1.4\text{abcd}$ (12.6-18.1)	$15.8 \pm 1.1\text{ab}$ (13.1-17.8)	$16.2 \pm 1.0\text{a}$ (14.9-18.0)	$15.2 \pm 0.7\text{abcd}$ (14.2-16.5)
c'	$3.1 \pm 0.3\text{bc}$ (2.7-3.6)	$3.1 \pm 0.3\text{c}$ (2.7-3.5)	$3.3 \pm 0.4\text{bc}$ (2.8-4.1)	$3.1 \pm 0.2\text{c}$ (2.6-3.5)	$3.1 \pm 0.2\text{c}$ (2.8-3.5)	$3.4 \pm 0.2\text{ab}$ (3.1-3.8)
V	$56.0 \pm 1.7\text{a}$ (52.9-59.2)	$55.7 \pm 1.3\text{ab}$ (52.8-58.4)	$55.3 \pm 1.8\text{abc}$ (52.2-58.0)	$54.6 \pm 1.2\text{bcd}$ (52.5-56.5)	$54.4 \pm 1.3\text{cd}$ (52.7-57.4)	$54.7 \pm 0.9\text{abcd}$ (53.4-56.4)
Stylet (μm)	$18.2 \pm 0.6\text{abc}$ (16.7-19.3)	$18.6 \pm 0.8\text{a}$ (16.7-20.0)	$17.5 \pm 0.4\text{d}$ (17.0-18.0)	$18.3 \pm 0.8\text{ab}$ (16.8-19.7)	$17.5 \pm 0.5\text{d}$ (17.0-18.3)	$17.7 \pm 0.6\text{bcd}$ (17.0-19.0)
m	-	-	$48.5 \pm 1.5\text{bc}$ (46.2-51.1)	-	$50.6 \pm 1.3\text{a}$ (48.8-52.5)	$49.5 \pm 1.1\text{ab}$ (48.0-51.7)
ODG (μm)	2.6 (n=4) (2.0-3.7)	2.0, 2.5, 2.4	$2.2 \pm 0.3\text{bc}$ (1.9-2.8)	$2.1 \pm 0.2\text{c}$ (2.0-2.5)	$2.1 \pm 0.3\text{c}$ (1.7-2.7)	$2.6 \pm 0.3\text{a}$ (2.0-3.0)
O	14.1 (11.1-19.2)	10.6, 13.2, 12.6 (10.6-16.5)	$12.7 \pm 2.1\text{bc}$ (10.5-14.3)	$11.7 \pm 1.1\text{c}$ (10.0-15.6)	$12.2 \pm 1.5\text{c}$ (11.6-16.4)	$14.6 \pm 1.7\text{ab}$
EP (μm)	$106 \pm 5\text{a}$ (99-118)	$103 \pm 5\text{ab}$ (91-110)	$99 \pm 11\text{bcd}$ (78-109)	$102 \pm 4\text{ab}$ (96-110)	$93 \pm 8\text{def}$ (79-107)	$99 \pm 5\text{abcd}$ (90-107)
P	$15.3 \pm 0.8\text{ab}$ (14.4-16.6)	$15.5 \pm 1.1\text{a}$ (13.3-18.2)	$14.7 \pm 1.4\text{abc}$ (11.6-16.3)	$14.4 \pm 0.8\text{bc}$ (13.3-16.0)	$13.9 \pm 1.0\text{cde}$ (11.6-15.5)	$14.5 \pm 0.5\text{bc}$ (13.5-15.5)
Tail (μm)	$45 \pm 3\text{cd}$ (40-51)	$46 \pm 2\text{bcd}$ (41-49)	$44 \pm 4\text{e}$ (37-53)	$45 \pm 3\text{d}$ $41 \pm 2\text{e}$ (39-51)	$45 \pm 3\text{cd}$ (37-46)	$44 \pm 3\text{cd}$ (40-49)
ABW (μm)	$15 \pm 1\text{abc}$ (13-17)	$15 \pm 1\text{a}$ (13-17)	$14 \pm 1\text{cd}$ (12-15)	$15 \pm 1\text{abc}$ (13-17)	$14 \pm 1\text{d}$ (13-15)	$13 \pm 1\text{d}$ (12-15)



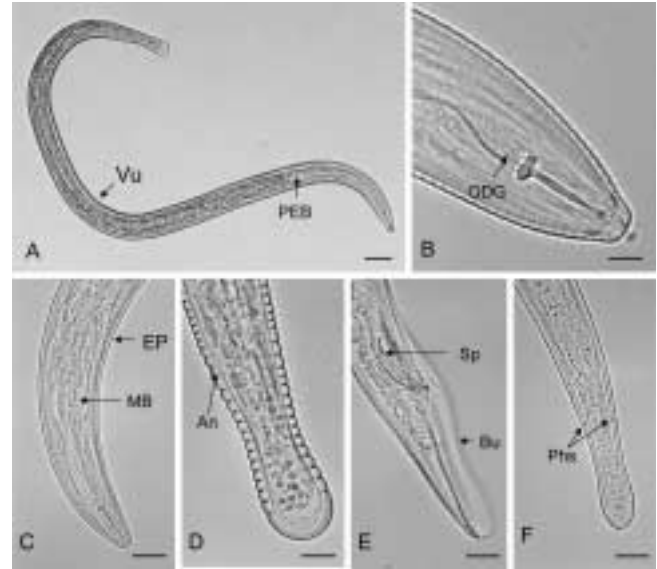
圖二、*Tylenchorhynchus annulatus* 雌蟲之 SEM 影像形態：A, 蟲體前端部分 (LAs, 唇區體環；LF, 側帶)；B, 蟲體中段部分 (Ins, 側帶溝；LF, 側帶)；C, 尾部 (Aes, 側帶橫條溝；Ph, 側尾腺口)。比例尺長度：A-C = 10 微米。

Fig. 2. SEM photomicrographs of *Tylenchorhynchus annulatus* female: A, Anterior region (LAs, lip annules; LF, lateral field); B, Middle region (Ins, incisures; LF, lateral field); C, Tail region (Aes, aerolations; Ph, phasmid). Scale bars in A-C = 10 μm .

異外 ($P=0.01$)，其餘大部分各項的平均值，在各群間均無顯著性差異 ($P=0.01$)，而彼此 V 項的平均值最為接近。3 群雄蟲的特徵鑑定 (表四)，除 Tlev1 的 ODG 和 O 二項平均值，和其他二群間有顯著差異 ($P=0.01$) 外，其餘各項的平均值在 3 群間皆無顯著差異。

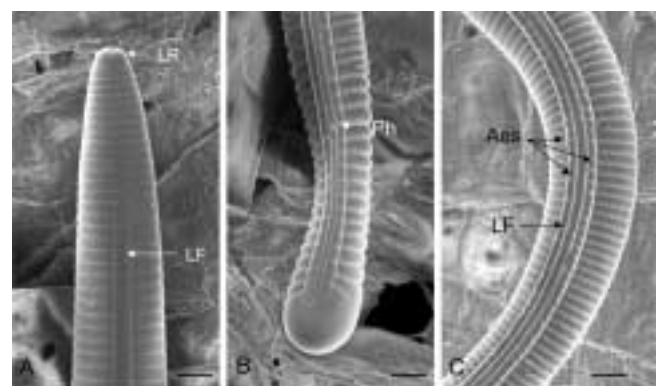
比較 9 個選殖體之 rDNA 片段原始序列 (1193-1202 bp) 和其代表性序列 (1198 bp) 的相同度值範圍為 99.3-99.9%。另前述 Tlev1 的 rDNA 片段原始序列和代表性序列的相同度值為 99.7%。至於代表性序列中的 ITS-1、ITS-2 及 5.8S 的序列大小依序分別為 490 bp、240 bp 及 162 bp。

T. leviterminalis 的體環相當明顯 (圖三, C；圖四, C)，但唇部不具有體環，其高度約 $3.1 \mu\text{m}$ (2.7-4.0 μm) (圖三, B；圖四, A)。陰門位於蟲體中央偏後位置 ($V=51.2-52.3$) (圖三, A)，卵巢前後對生，為雙卵巢型，各卵巢只具單列卵母細胞，其受精囊為圓形，充滿精子。中部食道球呈卵圓形，其橫寬度約 $11.9 \mu\text{m}$ (10-13.3 μm)，約佔同位置體寬的 1/2 (圖三, C)。排泄孔位於中部食道球和基部食道球之間，其和頭唇部之間約有 42 (37-46) 個體環 (圖三, C)。口針前端細針狀，口針結球的橫寬度約 $4.1 \mu\text{m}$ (3.3-4.8 μm)，而口針錐的長度稍低於口針長度的一半 ($m=46.6-49.2$) (圖



圖三、*Tylenchorhynchus leviterminalis* 之光學影像形態：A, 蟲體靜止時形態 (PEB, 後部食道球；Vu, 陰門)；B, 頭唇部分 (ODG, 背部食道腺開口)；C, 蟲體前端部分 (EP, 排泄口；MB, 中部食道球)；D, 雌蟲尾部 (An, 肛門)；E, 雄蟲尾部 (Bu, 交接囊；Sp, 交接刺)；F, 尾部 (Phs, 側尾腺口)。比例尺長度：A = 20 微米；B = 5 微米；C-F = 10 微米。

Fig. 3. Photomicrographs of *Tylenchorhynchus leviterminalis*, A, Whole body (PEB, post-esophageal bulb; Vu, vulva); B, Head region (ODG, orifice of dorsal esophageal gland); C, Anterior region, (EP, excretory pore; MB, median bulb); D, Female tail (An, anus); E, Male tail (Bu, bursa; Sp, spicule); F, Tail (Phs, phasmids); Scale bars in A = 20 μm ; B = 5 μm ; C-F = 10 μm .



圖四、*Tylenchorhynchus leviterminalis* 雌蟲之 SEM 影像形態：A, 蟲體前端部分 (LF, 側帶；LR, 唇部)；B, 尾端部分 (Ph, 側尾腺口)；C, 蟲體中段部分 (Aes, 側帶橫條溝；LF, 側帶)。比例尺長度：A-C = 10 微米。

Fig. 4. SEM photomicrographs of *Tylenchorhynchus leviterminalis* female: A, Anterior region (LF, lateral field; LR, lip region); B, Tail region (Ph, phasmid); C, Middle region (Aes, aerolations; LF, lateral field). Scale bars in A-C = 10 μm .

表二、台灣地區 *Tylenchorhynchus annulatus* 雌蟲之形態測量值及其與在美國地區已記錄群之比較 (續)Table 2. Comparison the morphometrics of *Tylenchorhynchus annulatus* isolated from Taiwan and populations recorded in USA. (cont.)

Character	Location and host (code)					
	Luye Sugarcane (Tann7)	Chiayi City Sugarcane (Tann8)	Yuanchang Sugarcane (Tann9)	Shueishang Corn (Tann10)	Hawaii ⁴ Sugarcane, (paralectotypes)	Louisiana ⁴ Rice,
n	12	12	13	12	3	20
L (mm)	0.71 ± 0.04ab (0.64-0.75)	0.70 ± 0.03abc (0.65-0.75)	0.66 ± 0.05bc (0.54-0.71)	0.71 ± 0.04a (0.66-0.77)	(0.66-0.72)	0.69 (0.64-0.81)
a	30.1 ± 1.6c (27.6-32.6)	33.8 ± 2.1a (30.0-37.5)	32.4 ± 2.7abc (28.7-38.9)	30.9 ± 2.5bc (24.8-33.5)	(34-35)	31.4 (29-35)
b	11.2 ± 0.6ab (10.1-12.2)	10.6 ± 0.3b (10.0-11.1)	10.8 ± 0.8ab (9.3-12.1)	11.4 ± 1.0a (9.0-13.1)	-	-
b'	5.3 ± 0.3a (4.9-5.8)	5.1 ± 0.2a (4.8-5.4)	5.1 ± 0.3a (4.4-5.5)	5.3 ± 0.3a (4.9-6.0)	5.0-5.6	5 (4.6-5.7)
c	14.1 ± 0.7d (13.1-15.3)	14.5 ± 1.1cd (12.8-16.7)	14.9 ± 1.0bcd (12.6-16.3)	14.7 ± 0.9cd (13.5-17.0)	(15-16)	14.8 (13.5-16.0)
c'	3.4 ± 0.2ab (3.1-3.7)	3.7 ± 0.3a (3.2-4.0)	3.2 ± 0.3bc (2.9-3.8)	3.3 ± 0.3bc (2.9-3.7)	(3.1-3.4)	3.3 (2.9-3.7)
V	52.9 ± 1.5e (50.3-55.6)	55.3 ± 1.6abc (52.8-57.4)	53.8 ± 1.0de (52.1-55.3)	53.9 ± 0.8cde (52.8-55.4)	(54-56)	55 (53-58)
Stylet (μm)	18.1 ± 0.5abcd (17.3-19.0)	18.6 ± 0.8a (17.3-19.7)	17.8 ± 0.7bcd (17.0-19.0)	17.6 ± 0.5cd (17.0-18.7)	(17-18)	18 (17-19)
m	47.7 ± 1.1c (45.4-49.2)	48.1 ± 0.8bc (47.1-49.2)	49.2 ± 2.1ab (46.8-53.2)	48.1 ± 1.1bc (46.1-50.0)	(49-50)	50 (49-51)
ODG (μm)	2.4 ± 0.5abc (1.7-3.7)	2.6 ± 0.3a (2.1-3.2)	2.7 ± 0.3a (2.3-3.2)	2.6 ± 0.4ab (2.1-3.1)	-	-
O	13.3 ± 2.8bc (9.2-19.5)	14.2 ± 1.4ab (10.9-16.8)	15.4 ± 1.3a (13.0-17.3)	14.5 ± 2.2ab (11.9-17.6)	-	-
EP (μm)	91 ± 7ef (78-100)	101 ± 5abc (90-108)	87 ± 7f (78-98)	94 ± 7cde (78-103)	-	-
P	13.0 ± 0.9e (11.7-14.8)	14.4 ± 0.8bcd (13.0-15.8)	13.2 ± 1.0e (11.7-14.6)	13.3 ± 0.7de (11.8-14.3)	-	-
Tail (μm)	50 ± 3a (45-53)	49 ± 4abc (42-54)	45 ± 3d (41-49)	49 ± 4ab (43-55)	-	-
ABW (μm)	15 ± 1abc (13-16)	13 ± 1d (12-15)	14 ± 1bcd (13-16)	15 ± 1ab (13-16)	-	-

¹ 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 median bulb; b' =body length divided by distance from head end to posterior end of esophageal gland; 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 %; ODG= the distance from base of stylet to orifice of dorsal gland; o=ratio between the length of ODG 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 (range), “-” = no data.

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

⁴ Siddiqi, M. R. 1976⁽²¹⁾

表三、台灣地區 *Tylenchorhynchus leviterminalis* 雌蟲之形態測量值及其與在印度、中國及日本地區已記錄群之比較
Table 3. Comparison the morphometrics of *Tylenchorhynchus leviterminalis* females isolated from Taiwan and populations recorded in India, China and Japan

Character ¹	Location and host (code)					
	Dounan Banana (Tlev1)	Chishan Banana (Tlev2)	Jhushang Banana (Tlev3)	Fonglin Banana (Tlev4)	Chiayi City Banana (Tlev5)	Tianjung Sugarcane (Tlev6)
n	15	12	12	12	16	12
L (mm)	0.66 ± 0.02 ^{2d3} (0.61-0.71)	0.66 ± 0.03cd (0.62-0.74)	0.70 ± 0.05abc (0.61-0.77)	0.68 ± 0.03abcd (0.63-0.74)	0.66 ± 0.04cd (0.56-0.72)	0.72 ± 0.04ab (0.64-0.77)
a	30.6 ± 2.5ab (27.1-36.1)	29.3 ± 3.2b (24.4-34.7)	30.7 ± 2.9ab (25.4-35.0)	30.6 ± 1.5ab (28.7-33.6)	29.9 ± 1.6ab (27.3-33.0)	31.9 ± 1.9a (29.2-34.0)
b	9.8 ± 0.5d (9.1-10.8)	10.4 ± 0.5bc (9.7-11.2)	10.7 ± 0.6ab (9.6-11.6)	10.0 ± 0.5cd (8.8-10.7)	10.2 ± 0.7bcd (8.9-11.7)	10.6 ± 0.7abc (9.3-11.9)
b'	5.1 ± 0.3c (4.7-5.6)	5.4 ± 0.3abc (4.9-5.8)	5.5 ± 0.4ab (4.8-6.3)	5.2 ± 0.3c (4.7-5.8)	5.3 ± 0.2bc (4.7-5.8)	5.3 ± 0.3abc (4.9-5.9)
c	14.1 ± 1.3ab (11.9-15.5)	13.4 ± 1.1ab (11.9-14.9)	14.2 ± 1.2ab (12.5-16.7)	13.8 ± 0.7ab (12.9-15.1)	13.8 ± 0.9ab (12.8-15.7)	14.3 ± 1.4a (12.8-17.9)
c'	3.5 ± 0.4ab (3.1-4.5)	3.4 ± 0.3ab (3.0-4.1)	3.5 ± 0.3ab (3.0-4.1)	3.7 ± 0.4a (3.2-4.1)	3.3 ± 0.3b (2.8-3.7)	3.6 ± 0.5ab (2.9-4.4)
V	52.2 ± 1.4a (50.0-54.4)	51.2 ± 2.1a (48.4-56.2)	51.9 ± 1.0a (49.9-53.6)	52.3 ± 3.1a (45.5-57.0)	51.8 ± 1.5a (49.1-55.0)	51.9 ± 1.5a (49.1-54.9)
Stylet (μm)	20.1 ± 0.5a (19.2-21.3)	19.3 ± 0.7bc (18.0-20.3)	19.7 ± 0.9ab (18.0-21.3)	18.8 ± 0.8c (18.0-20.3)	19.1 ± 0.7bc (17.7-20.3)	19.2 ± 1.0bc (18.0-20.7)
m	49.2 ± 1.5a (45.9-52.3)	-	48.8 ± 1.4ab (45.0-50.2)	47.3 ± 1.3bc (45.7-50.0)	48.2 ± 1.3ab (46.1-50.8)	47.4 ± 1.7bc (45.4-50.3)
ODG (μm)	3.0 ± 0.2abc (2.7-3.2)	3.1 ± 0.3ab (2.8-3.7)	2.9 ± 0.2bc (2.7-3.3)	3.1 ± 0.4ab (2.7-3.9)	2.6 ± 0.2c (2.3-2.9)	3.0 ± 0.3abc (2.5-3.3)
O	14.8 ± 1.1bc (13.5-16.2)	16.1 ± 1.6ab (13.8-19.2)	14.8 ± 1.3bc (12.7-16.8)	16.6 ± 2.1ab (14.2-21.3)	14.0 ± 1.1c (12.3-16.1)	15.7 ± 1.7abc (13.0-18.3)
EP (μm)	91 ± 6abc (80-102)	84 ± 6c (76-94)	88 ± 6abc (73-98)	94 ± 5a (85-102)	92 ± 7ab (81-105)	91 ± 7abc (76-100)
P	13.9 ± 0.9a (12.8-15.6)	12.5 ± 0.9cd (11.1-13.8)	12.6 ± 1.1cd (11.2-14.1)	13.8 ± 1.0ab (11.9-16.2)	13.9 ± 1.3ab (11.4-16.1)	12.7 ± 0.8bcd (11.9-14.7)
Tail (μm)	47 ± 4b (41-54)	50 ± 3ab (45-54)	49 ± 5ab (42-58)	50 ± 3ab (43-53)	47 ± 3b (42-52)	51 ± 5ab (38-57)
ABW (μm)	13 ± 1b (12-14)	14 ± 1ab (13-15)	14 ± 1ab (13-17)	14 ± 1b (13-15)	15 ± 1ab (12-17)	14 ± 1ab (13-16)

三, B)。尾部為一端稍膨大的棍棒型 (subcylindrical)，頂端平滑，而肛門 (anus) 和尾端間約有 17 (14-20) 個體環 (圖三, D)。側尾腺口小圓盤狀，與尾端間距離約 42.8 μm (32.7-53 μm)，其間約有 10-15 個體環 (圖三, F；圖四, B)。側帶具有 4 條側帶溝 (圖四, C)，其寬度平均值約 5.6 μm (4.5-7 μm)，約佔體寬的 1/4，而蟲體

的最大寬度平均值約 23 μm (18-27 μm)。側帶橫條溝只在側帶外側二條側帶溝上有局部出現，未穿越內側二條之側帶溝 (圖四, C)。雄蟲的外觀和雌蟲大致相同，其間差異主要為尾部形態。雄蟲的交接囊 (bursa) 延伸覆蓋至尾端，而尾部形態為擬圓錐體 (conoid)，尾端尖銳 (圖三, E)。

討 論

近年來，針對傳統以形態鑑定線蟲所呈現的資訊不足，尤其是衍生依據形態測量值所產生對種內 (intraspecific) 或種間 (interspecific) 變異程度範圍的不

同見解，而增加對鑑定線蟲時的困擾，而比較核糖體 DNA (rDNA) 非編碼區域 (noncoding region) 的序列差異則已成為動物或植物病原性線蟲鑑定種類時的有效輔助利器^(3,4,5,6,7,10,11,14,18,19)。在本研究中，雖然 Tann3、

表三、台灣地區 *Tylenchorhynchus leviterminalis* 雌蟲之形態測量值及其與在印度、中國及日本地區已記錄群之比較 (續)

Table 3. Comparison the morphometrics of *Tylenchorhynchus leviterminalis* females isolated from Taiwan and populations recorded in India, China and Japan (cont.)

Character	Location and host (code)					
	Luye Sugarcane (Tlev7)	Chiayi City Bamboo (Tlev8)	Douliou Bamboo (Tlev9)	India ⁴ Banana (paratypes)	China ⁵ Strawberry	Japan ⁶ Sugarcane
n	12	16	12	15	15	10
L (mm)	0.72 ± 0.02ab (0.69-0.74)	0.72 ± 0.04a (0.66-0.78)	0.68 ± 0.04bcd (0.59-0.75)	0.65 (0.54-0.75)	0.63 ± 0.02 (0.60-0.65)	0.70 ± 0.3 (0.60-0.72)
a	31.1 ± 2.1ab (28.8-35.5)	30.9 ± 2.6ab (26.7-35.5)	29.7 ± 2.3ab (26.5-34.5)	31 (28-38)	30 ± 1.0 (28-31)	30.6 ± 2.1 (27.5-33.5)
b	11.2 ± 0.5a (10.6-12.2)	10.8 ± 0.6ab (9.7-12.1)	10.2 ± 0.5bcd (9.2-11.2)	-	-	-
b'	5.6 ± 0.2a (5.3-6.0)	5.5 ± 0.3ab (4.9-6.3)	5.2 ± 0.4bc (4.5-5.8)	5.4 (5-6)	5.1 ± 1 (5-5.3)	5.3 ± 0.2 (5-5.5)
c	14.2 ± 1.1ab (13.3-17.1)	14.3 ± 0.8a (13.2-16.0)	13.1 ± 1.0b (11.8-14.8)	14 (12-16)	13 ± 0.6 (12-13.5)	13.0 ± 1.2 (11.5-14)
c'	3.6 ± 0.4ab (2.8-4.1)	3.4 ± 0.3ab (2.7-3.8)	3.6 ± 0.3ab (3.1-4.4)	3.8 (3.3-4.5)	3.7 ± 1.3 (3.6-4.1)	3.9 ± 0.3 (3.5-4.5)
V	51.3 ± 1.2a (49.6-53.4)	51.4 ± 1.3a (49.7-53.5)	51.2 ± 1.3a (48.7-53.1)	54 (52-58)	54 ± 2.3 (52-55)	52.9 ± 2.3 (51-56.5)
Stylet (μm)	19.0 ± 0.5c (18.1-20.0)	19.0 ± 0.7c (18.0-20.3)	18.8 ± 0.6c (18.1-19.9)	18 (17-19)	19 ± 1.0 (18-21)	20.5 ± 0.7 (19.5-21)
m	47.9 ± 1.4abc (46.0-50.3)	-	46.6 ± 1.0c (45.2-48.2)	-	-	49.0 ± 2.3 (46.1-57.0)
ODG (μm)	3.3 ± 0.3ab (3.0-4.0)	3.3 ± 0.4a (2.7-3.9)	2.9 ± 0.4bc (2.3-3.7)	3.5	-	2.5 ± 0.3 (2-3)
O	17.2 ± 1.7a (15.8-21.4)	17.5 ± 2.2a (14.0-20.9)	15.6 ± 2.3abc (11.6-20.4)	-	-	-
EP (μm)	85 ± 5bc (78-93)	92 ± 8ab (83-108)	90 ± 8abc (75-102)	-	94 (83-110)	100.2 ± 7.6 (95-105.5)
P	11.9 ± 0.8d (11.1-13.5)	12.9 ± 1.0abcd (11.5-15.7)	13.3 ± 0.7abc (12.0-14.2)	-	-	-
Tail (μm)	51 ± 3ab (42-54)	50 ± 4ab (45-57)	52 ± 4a (44-57)	-	49 (45-53)	53.4 ± 5.3 (42-64)
ABW (μm)	14 ± 1ab (12-15)	15 ± 2a (12-20)	14 ± 1ab (13-16)	-	-	-

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

⁴ Siddiqi, M. R. *et al.*, 1982⁽²²⁾

⁵ Vovlas, N. & Cheng, H. 1988⁽²⁷⁾

⁶ Talavera, M. *et al.*, 2002⁽²⁵⁾

表四、台灣地區 *Tylenchorhynchus leviterminalis* 雄蟲之形態測量值及其與在印度、中國及日本地區已記錄群之比較
 Table 4. Comparison the morphometrics of *Tylenchorhynchus leviterminalis* males isolated from Taiwan and populations recorded in India, China and Japan

Character ¹	Location and host (code)					
	Dounan Banana (Tlev1)	Chiayi City Banana (Tlev5)	Chiayi City Bamboo (Tlev8)	India ⁴ Banana (paratypes)	China ⁵ Strawberry	Japan ⁶ Sugarcane
n	10	10	10	7	9	5
L (mm)	0.60 ± 0.03 ^{2,3} (0.56-0.65)	0.62 ± 0.02ab (0.56-0.69)	0.65 ± 0.03a (0.60-0.69)	0.62 (0.58-0.70)	0.56 ± 0.02 (0.53-0.57)	0.63 ± 0.6 (0.56-0.70)
a	29.9 ± 2.3a (26.7-34.4)	30.8 ± 2.6a (26.8-34.5)	28.8 ± 2.0a (26.0-32.5)	36 (33-38)	30 ± 1 (29-32)	31.3 ± 1.2 (29.5-32)
b	9.4 ± 0.6a (8.0-10.2)	9.9 ± 0.7a (8.7-10.8)	9.8 ± 0.3a (9.3-10.3)	-	-	-
b'	4.9 ± 0.3a (4.2-5.3)	5.2 ± 0.4a (4.6-5.6)	5.1 ± 0.2a (4.9-5.4)	5.3 (4.9-6.0)	4.9 ± 0.34 (4.4-5.2)	4.9 ± 0.4 (4.5-5.5)
c	14.3 ± 1.3a (12.9-17.1)	13.4 ± 0.7a (12.3-14.4)	14.3 ± 1.0a (12.8-15.5)	15 (12-17)	13 ± 0.63 (12-14)	14.0 ± 1.2 (13-16)
c'	2.6 ± 0.3b (2.1-3.0)	3.1 ± 0.4a (2.5-3.7)	2.8 ± 0.3ab (2.4-3.3)	2.8 (2.4-3.2)	2.7 ± 0.22 (2.4-3)	2.9 ± 0.2 3
Spicule (μm)	24.0 ± 1.2a (22.0-25.3)	24.2 ± 1.3a (21.7-25.3)	23.6 ± 1.1a (22.0-25.0)	23 (22-24)	24 ± 1.16 (23-25)	24.6 ± 1.2 (22-25.5)
Stylet (μm)	19.5 ± 0.9a (18.7-21.0)	18.9 ± 0.6ab (18.0-20.0)	18.6 ± 0.6b (17.7-19.7)	18 (17-19)	19 ± 0.3 (18-20)	20.0 ± 0.7 (19-21)
m	51.1 ± 1.9a (47.4-54.3)	48.3 ± 1.0b (47.0-49.7)	49.8 ± 1.3ab (47.9-51.9)	-	-	-
ODG (μm)	2.6 ± 0.3 (n=8) c (2.0-2.8)	3.0 ± 0.2 (n=7) ab (2.7-3.3)	3.3 ± 0.4 (n=6) a (3.0-3.7)	-	-	-
O	13.3 ± .4c (10.7-15.0)	16.0 ± 1.3ab (14.7-18.0)	17.3 ± 1.5a (15.8-19.5)	-	-	-
EP (μm)	87 ± 5a (80-94)	86 ± 7a (75-97)	93 ± 6a (80-103)	-	90 (87-93)	-
P	14.6 ± 0.7a (13.6-15.7)	13.9 ± 1.3a (11.6-16.4)	14.2 ± 1.0a (13.0-15.8)	-	-	-
Tail (μm)	43 ± 4a (38-48)	46 ± 4a (40-53)	46 ± 3a (40-50)	-	39 (38-41)	74.3 ± 6.9 (65.5-81)
ABW (μm)	16 ± 1a (15-18)	15 ± 1a (13-17)	17 ± 1a (15-18)	-	-	-

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

^{4,5,6} See table 3.

Tann5、Tann7、Tann8、Tann9 及 Tlev1 (雌蟲、雄蟲) 等 6 處矮化線蟲的部分形態測量平均值和其種內其他多數群間有顯著性地差異，但因其餘特徵項目之平均值與其他各群間差異不顯著，以及其中 4 群線蟲 (Tann3 和 Tann9 未定序) 的 rDNA 片段原始序列和其代表性序列的相同度達 98.7 % 以上，因此認定本研究依形態測量值所歸類的 10 個及 9 個矮化線蟲族群分別均為同一種

矮化線蟲，而上述 6 群之部分形態測量值的較大差異屬於其種內變異範圍內。比較二種矮化線蟲的 rDNA 代表性序列，*Tylenchorhynchus annulatus* 和 *T. leviterminalis* 的序列大小雖然皆為 1198 bp，但二種間的相同度僅為 91.1 %。至於二者 ITS-1、ITS-2 及 5.8S 的序列相同度 (大小)，依序分別為 88.1 % (493 bp 和 490 bp)、83.9 % (237 bp 和 240 bp) 及 98.8 % (162

bp)。截至目前，GenBank (NCBI, National center for biotechnology information, U.S.) 序列資料庫中，總計登錄 7 種矮化線蟲，其中 5 種矮化線蟲為其 28S 或 18S 基因的部分序列資料，其用途主要在線蟲屬以上分類層級的親緣演化 (phylogenetics) 分析⁽²⁴⁾，而本研究為首次登錄 *T. annulatus* 和 *T. leviterminalis* 的 rDNA 片段序列資料，可做為該二種矮化線蟲的分子標誌。

在本研究中，由台灣地區所分離鑑定的 10 個 *T. annulatus* 雌蟲供試族群，其形態測量值的範圍與在美國夏威夷 (Hawaii) 的餘模標本 (Paralectotypes) 群相當接近，但是後者的範圍較小，但皆在供試族群的測量值範圍內；和美國路易斯安那 (Louisiana) 群的各项測量平均值相較，本研究所測數據與之更為吻合，其原因可能和線蟲樣本數的多寡有關，故此發表之測量值更具代表性。另和林氏⁽¹⁶⁾ 先前在台灣地區水稻田所分離的 *T. martini* (= *T. annulatus*) 的測量值範圍亦相當吻合 (♀ n=20, L=0.6-0.7 mm, a=30-33, b=4.3-5.5, c=13-15, V=55-57 %, Stylet length= 0.016-0.020 mm)。Fielding 氏⁽⁸⁾ 於鏡檢約 8 萬隻 *T. annulatus* 蟲體中，未發現雄蟲，而本研究從 10 個供試族群中亦未檢視到雄蟲，此一結果和雌蟲生殖系統中缺少受精囊的情形頗為相符。

在 *T. leviterminalis* 的鑑定上，台灣地區 9 群供試族群和印度的副模標本 (paratypes) 群及中國大陸南京地區的鑑定群比對，顯示供試族群的 V 項平均值明顯較小外 (51.2-52.3 vs. 54)，其餘各項測量值間的差異不明顯；供試族群與日本者之比對，二者的 V 項平均值相當接近 (51.2-52.3 vs. 52.9)，但前者的 ODG 項平均值普遍較大，唯 Tlev5 和日本群頗相近 (2.6 μm vs. 2.5 μm)；另供試族群的 EP 項平均值比日本者小 (84-94 μm vs. 100.2 μm)。*T. leviterminalis* 雄蟲相當普遍，3 個供試群和副模標本群間只有 a 項的平均值，存在較大差異 (28.8-30.8 vs. 36)，至於供試族群與中國大陸和日本的鑑定群相較，只有 Tail 項的平均值，存有較大差異 (43-46 μm vs. 39 μm vs. 74.3 μm)，但其中日本群的尾部長度明顯超出許多。

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較，本研究已對台灣地區此二種矮化線蟲的形態變異範圍已有了更確切的認知，但和餘模標本、副模標本及部分國外鑑定的比較群比較顯示，其部分測量值間仍存在若干不同程度的差異，而此不確定的差異究竟是因世界不同地區的地理環境或作物種類不同所影響，抑或是檢視樣本的數量及測量方法等不同原因所致，則有待進一步澄清；但經由分析更多矮化線蟲種類的 rDNA 片段序列資料，

輔佐了解形態上可允許之差異範圍，將幫助我們以後形態鑑定的工作。

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. Bridge, J. 1986. *Tylenchorhynchus dubius* In: C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 4, No. 51. Commonwealth Institute of Parasitology, St. Albans, England. 4 pp.
2. 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.
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. 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.
5. 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)
6. 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)
7. 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)
8. Fielding, M. J. 1956. *Tylenchorhynchus martini*, a new nematode species found in the sugarcane and rice fields of Louisiana and Texas. Proc. Helminth. Soc. Wash. 23: 47-48.

9. Fortuner, R., and Luc, M. 1987. A reappraisal of *Tylenchina* (Nemata). 6. The family Belonolaimidae Whitehead, 1960. *Rev. Nématol.* 10: 183-203.
10. Hoste, H., Chilton, N. B., Gasser, R. B., and Beveridge, I. 1995. Differences in the second internal transcribed spacer (ribosomal DNA) between five species of *Trichostrongylus* (Nematoda: Trichostrongylidae). *Int. J. Parasitol.* 25: 75-80.
11. 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.
12. 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)
13. 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)
14. Hung, G. —C., Chilton, N. B., Beveridge, I., McDonnell, A., Lichtenfels, J. R., and Gasser, R. B. 1997. Molecular delineation of *Cylicocycylus nassatus* and *C. ashworthi* (Nematoda: Strongylidae). *Int. J. Parasitol.* 27: 601-605.
15. 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)
16. Lin, Y. Y. 1970. Studies on the rice root parasitic nematodes in Taiwan. *Journal of Agriculture and Forestry* 19: 63-77.
17. Loof, P. A. A. 1974. *Tylenchorhynchus claytoni* In: C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 3, No. 39. Commonwealth Institute of Helminthology, St. Albans, England. 2 pp.
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., and Harris, T. S. 1997. The rDNA internal transcribed spacer region as a taxonomic marker for nematodes. *J. Nematol.* 29: 441-450.
20. Siddiqi, M. R. 1972. *Tylenchorhynchus cylindricus* In: C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 1, No. 7. Commonwealth Institute of Helminthology, St. Albans, England. 2 pp.
21. Siddiqi, M. R. 1976. *Tylenchorhynchus annulatus (T. martini)*. In: C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 6, No. 85. Commonwealth Institute of Helminthology, St. Albans, England. 4 pp.
22. Siddiqi, M. R., Mukherjee, B., and Dasgupta, M. K. 1982. *Tylenchorhynchus microconus* n. sp. *T. crassicaudatus leviterminalis* n. subsp. and *T. coffeae* Siddiqi & Basir, 1959 (Nematoda: Tylenchida). *Syst. Parasitol.* 4: 257-262.
23. Siddiqi, M. R. 1986. Tylenchida, Parasites of plants and insects. Farnham Royal: CAB international, 645 pp.
24. Subbotin, S. A., Sturhan, D., Chizhov, V., Vovlas, N., and Baldwin, J. G. 2006. Phylogenetic analysis of Tylenchida Thorne, 1949 as inferred from D2 and D3 expansion fragments of the 28S rRNA gene sequences. *Nematology* 8: 455-474.
25. Talavera, M., Watanabe, T., and Mizukubo, T. 2002. Description of *Tylenchorhynchus shimizui* n. sp. from Paraguay and notes on *T. leviterminalis* Siddiqi, Mukherjee & Dasgupta from Japan (Nematoda: Tylenchida: Telotylenchidae). *Syst. Parasitol.* 51: 171-177.
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. Vovlas, N., and Cheng, H. 1988. Morpho-anatomy of *Tylenchorhynchus leviterminalis* from the People's Republic of China. *Nematol. mediterr.* 16: 149-152.

ABSTRACT

Chen, D. Y.¹, Ni, H. F.², Yen, J. H.³, and Tsay, T. T.^{4,5}. 2006. Identification of stunt nematode *Tylenchorhynchus annulatus* and a new recorded *Tylenchorhynchus leviterminalis* (Nematoda: Belonolaimidae) in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 15: 251-262 (¹ Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan; ² Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, TARI, Taiwan; ³ Agricultural Extension Center, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan; ⁴ Department of Plant Pathology, NCHU, Taichung, Taiwan; ⁵ Corresponding author, E-mail: tttsay@nchu.edu.tw , Fax: +886-4-22876712)

Soil samples collected from the rhizosphere of rice, sugarcane, corn, banana, and bamboo in Taiwan yielded 10 populations of *Tylenchorhynchus annulatus* (Cassidy, 1930) Golden, 1971 and 9 populations of *T. leviterminalis* Siddiqi, Mukherjee & Dasgupta, 1982., and the latter was a new record in 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 these two stunt nematode were also provided. The representative sequences of rDNA fragment for these two species had the size of 1198 bp were the first submitted to GenBank.

Key words: stunt nematode, identification, ribosomal DNA, *Tylenchorhynchus annulatus*, *Tylenchorhynchus leviterminalis*