

# 台灣地區劍線蟲 *Xiphinema insigne* 之變異性

陳殿義<sup>1</sup> 倪蕙芳<sup>2</sup> 顏志恒<sup>3</sup> 程永雄<sup>2</sup> 蔡東纂<sup>4,5</sup>

1 台中縣 行政院農業委員會農業試驗所

2 嘉義市 行政院農業委員會農業試驗所嘉義分所

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 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 93 年 5 月 13 日

## 摘要

陳殿義、倪蕙芳、顏志恒、程永雄、蔡東纂 2004. 台灣地區劍線蟲 *Xiphinema insigne* 之變異性. 植病會刊 13: 127-142.

自 1998 至 2002 年止，在台灣地區採集荔枝、枇杷、梨、百慕達草及麻竹之根圈土樣，以改良式柏門氏漏斗分離法共計分離到 10 群 (populations) *Xiphinema insigne*。依據幼蟲的 4 個前後齡期及其雌蟲間的替代齒針和功能性齒針之長度呈現相當吻合，並且其全口針和替代齒針的長度都具有明顯區隔的情形，證明鑑定樣本中無混雜其他形態相類似的劍線蟲種類。根據雌蟲的陰門位置、全口針及尾部的長度等三項測量值，這 10 群劍線蟲都可被區分成不同的二個群集 (group)。而由 rDNA 的 ITS-1 和 ITS-2 的大小和差異度比較分析所區分成的二個群集 (Xins1, 2 和 Xins7, 8) 和前述三項各別形態測量值所分群的結果並非一致。此外 10 個群間之第一和第二齡期幼蟲時的形態測量值皆差異不大，因此我們認為這 10 群劍線蟲皆為同種，但有種內變異的現象，而其 rDNA 序列的種內變異性程度為 0 - 3.02 %。*X. insigne* 雄蟲的唇部形狀及形態測量值皆和其所屬群之雌蟲相同，惟其尾部形態變異較大，蟲體末端的補助突起數目為 5 - 8 個。台灣地區之鑑定群和其他世界各地有關 *X. insigne* 雌蟲的形態測量值資料有些許不同，其中主要的差異在於蟲體和全口針的長度。

關鍵詞：劍線蟲、變異性、核糖體 DNA、內轉錄區間序列

## 緒言

劍線蟲 *Xiphinema insigne* Loss, 1949 的模式產地 (Type locality) 位於現今的斯里蘭卡 (Sri - Lanka, 舊名為錫蘭, Ceylon) 的 Kurunegala 地區，其模式棲息地 (Type habitat) 為刺番荔枝 (soursop, *Anona muricala* L.)、可可椰子 (coconut, *Cocos nucifera* L.) 及草 (grasses, 學名未知) 等三類植物的根部<sup>(29)</sup>。*X. indicum* Siddiqi, 1959 和 *X. insigne* 在形態上最為相近，其模式產地為印度的 Aligarh 地方，模式棲息地為植物 *Grewia asiatica* L. 的根部<sup>(41)</sup>，而 Siddiqi 氏比較二者的主要差異在於前者的全口針 (total stylet) 長度較長 (158 - 167 和 146 - 159 mm) 和尾腺口 (caudal pores) 的數目 (3 對比 7 對)。隨後 Tarjan 和 Luc 二氏<sup>(43)</sup>將 Siddiqi 氏所提供的 4 個 *X. indicum* 雌蟲副模標本 (paratypes) 和 Loss 氏所僅有的 4 個 *X. insigne* 雌蟲合模標本 (syntypes) 進行比較後發現，*X. indicum* 的全口針長度範圍為 155 - 164

mm，其平均值為 160  $\mu$ m；相對地，*X. insigne* 則分別為 137 - 161  $\mu$ m 和 150  $\mu$ m，此一結果顯示，二者的全口針長度範圍明顯重疊，而其平均值則有明顯差異，但是 Tarjan 和 Luc 二氏自 *X. insigne* 的合模標本中所選定的選模標本 (lectotype) [Loos 氏在 *X. insigne* 的命名過程中並未自合模標本中選定其全模標本 (holotype)<sup>(31)</sup>]，其全口針長度為 161  $\mu$ m，而此一長度值和 *X. indicum* 的平均值相當接近。另外他們也發現 *X. indicum* 的尾部 (tail) 的長度平均值雖然比 *X. insigne* 為小 (80 對 97  $\mu$ m)，但是 C' 值相當接近 (3.9 對 4.4)；至於 Loos 氏當初所描述的 7 個尾腺口是指尾部兩面的總數目，因此二種間的尾腺口數量應無顯著差別。綜合以上三種主要形態的比較並無顯著不同，以及對於同一種線蟲可能會因不同寄主、環境及地理分佈而產生形態變異的認知，Tarjan 和 Luc 二氏<sup>(43)</sup>因此將 *X. indicum* 認定為是 *X. insigne* 的同種異名 (synonym)，而此一結果隨

後也受到 Cohn 和 Sher 二氏<sup>(11)</sup>及 Loof 和 Maas 二氏<sup>(28)</sup>的認同。

Cohn 氏<sup>(10)</sup>最先發表在以色列 (Israel) 所採集到的 *X. insigne* 雄蟲標本，隨後 Saigusa 和 Yamamoto 二氏<sup>(40)</sup>在日本也記錄許多雌蟲及一隻雄蟲的形態測量值，但是這些來自日本的線蟲樣本都具有較長的體長及尾部。Southey 氏<sup>(4)</sup>雖然也認同上述 Tarjan 和 Luc 二氏的主張，但是他趨向於將 *X. insigne* 依形態差異分成二型，即為 "indium type" 和 "long-tail type"，而其代表群則分別為前述 Siddiqi 氏所鑑定命名 *X. indicum* 的 16 隻雌蟲標本，以及在日本所分離的 3 隻雌蟲標本，此二型劍線蟲的最主要差別為尾部長度，其平均值分別為 82 和 130  $\mu\text{m}$ 。另外 Bajaj 和 Jairajpuri 二氏<sup>(4)</sup>在印度所分離鑑定的 23 群 *X. insigne*，主要依功能性齒針 (functional odontostyle) 和尾部的長短也可輕易地將其區隔為 2 個群集 (group)，其中 18 個群被歸類為 "indicum-form"，其功能性齒針較長，但是尾部較短，而其餘 5 群被歸類為 "insigne-form"，其該二項特徵和前述相反。上述 2 個群集間雖然在雌蟲和 4 個齡期幼蟲的許多形態特徵上有所不同，但是隨著鑑定樣本數量的增加，其唇部 (lip region) 的形狀、功能性齒針和尾部的長度等都出現重疊的情形，無法將此 2 群集加以真正區隔，因此，Bajaj 和 Jairajpuri 二氏最後認為 *X. insigne* 是一個具有廣大形態變異的劍線蟲種類<sup>(4)</sup>。同樣地，Luc 和 Southey 二氏<sup>(31)</sup>也認為只依據可獲得的少數 *X. insigne* 模式標本 (type specimens)，而且其中出現如此大的形態變異，若想在這一複合群 (population complex) 當中區分並命名許多新的劍線蟲種類或重新界定 *X. insigne* *Loss sensu stricto* 誠屬不可行，因此他們建議解決此一問題的辦法是唯有自原模式產地 (type locality) 採取新的線蟲樣本，並參考原選模標本，如此方能將 *X. insigne* 的分類依據重新加以界定。

近年來，在寄生性線蟲的診斷鑑定和親緣演化關係的應用研究上，核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 都扮演重要的角色<sup>(18,19,23,32,33,34)</sup>。Powers 氏等<sup>(36)</sup>以 Vrain 氏等<sup>(45)</sup>所設計分別位於 18S 和 28S 之 3' 和 5' 端保守序列上之通用性引子對 (universal primers)，針對多數的植物病原線蟲屬 (genus) 皆可增幅出包含完整 ITS-1、ITS-2 和 5.8S 基因，以及部分 18S 和 28S 基因的 rDNA 片段，而其大小依不同線蟲屬而略有不同，且多數屬內不同種之長度大致相同，但其中根腐線蟲 (*Pratylenchus* spp.) 和矮化線蟲 (*Tylenchorhynchus* spp.) 等二個屬內則呈現大小不一的情形。在包囊線蟲 (*Heterodera* spp., *Globodera* spp.) 方面，分析比較部分 rDNA (ITS-1, ITS-2) 核苷酸序列的相似度或 PCR-RFLP 的圖譜差異情形，可以區分不同種類或相同種但不同地區來源分離群 (isolates) 間的差異程度<sup>(6,15,16,42,44)</sup>，甚至探討單一個別線蟲體內 (intra-individual) 之 rDNA 序列是否發生異質化 (heterogeneity) 的情形<sup>(6)</sup>。依前述相同的理論和方法，有關根瘤線蟲<sup>(50)</sup>、假根瘤線蟲<sup>(21)</sup>、根腐線

蟲<sup>(35)</sup>、穿孔線蟲<sup>(14,23)</sup>、刺線蟲<sup>(7)</sup>、莖線蟲<sup>(22,48)</sup>、葉芽線蟲<sup>(22)</sup>及劍線蟲<sup>(1,25,26,45,46)</sup>等的研究成果亦顯示出利用 rDNA 成為生物體基因標誌 (gene marker) 的無比潛力。本研究的主要目的在於建立台灣地區劍線蟲 *X. insigne* 的雌蟲、雄蟲及其各齡期幼蟲的完整形態鑑定資料，並輔以 rDNA 片段序列的差異度比對分析，據以探討該種線蟲在不同地區或寄主植物的環境下可能的不同種內形態和其 rDNA 序列的變異性程度。

## 材料與方法

在本研究中關於 *Xiphinema insigne* 之供試群的分離方法，雌蟲、雄蟲及各齡期幼蟲的形態鑑定的方法、步驟和原則，以及線蟲總量 DNA 抽取、rDNA 片段之增幅、rDNA 序列之選殖和解序、各群之一致性序列 (consensus sequence) 獲得的方式、序列之 ITS-1 和 ITS-2 區間之推估及其差異度計算分析等之參數設定值和方法皆和陳氏等<sup>(2)</sup>之報告相同。至於各群雌蟲間之形態測量值差異分析是以 SAS 統計分析軟體 GLM 程序 (1999, V8.2) 進行變方分析。

## 結果

### *Xiphinema insigne* 雌蟲的形態鑑定

在台灣中部的八個地區，以及南部的新化鄉和東部的鹿野鄉等二個地區，分別在荔枝、麻竹、枇杷、梨及高爾夫球場果嶺上的百慕達草等 5 種寄主植物的根圈土中，分離鑑定出 10 群的 *X. insigne* (表一)。*X. insigne* 雌蟲之各項形態測量值 (morphometrics) 和其形態特徵分別如表二和圖一所示。在蟲體長度 (L) 方面，各群間的長度平均值相差不大，其中最大和最小值分別為 2.13 mm (Xins3) 和 2.41 mm (Xins6)，而且二者的範圍值間有明顯重疊；在 a、b 和 c 值方面，10 群間的平均值皆相當接近，但是有少數個體的 c 值顯然相對較大 (Xins4, 7, 8, 9)；在 c' 值方面，Xins8 的平均值最小 (4.75)，但其範圍值和其它群仍有重疊，同樣地，Xins4, 7, 8, 9 等 4 群內有少數個體，其 c' 值相對明顯較小；在陰門位置 (V %) 方面，Xins1 - 7 等 7 群的百分比平均值介於 30.0 - 32.0%，其範圍值則介於 26.4 - 34.6%，相對地，Xins8 - 10 等 3 群的陰門位置稍微往後移，其平均值介於 34.2 - 34.7%，而其範圍值平均介於 32.0 - 40.1%；在全口針方面，Xins1, 5, 9 等 3 群的長度明顯比其餘 7 群為短，其平均值介於 149.7 - 151.5  $\mu\text{m}$ ，且其範圍最大值未超過 158.3  $\mu\text{m}$ ，而其它群的長度平均值則介於 157.4 - 163.0  $\mu\text{m}$ ；相對地，Xins1, 5, 9 等 3 群的功能性齒針也較其它 7 群為短，其平均值介於 88.6-90.3  $\mu\text{m}$ ，而其它群為介於 95.3-102.0  $\mu\text{m}$ ；在齒針延長部方面，10 群間相差無幾，其長度平均值介於 60.1-64.0  $\mu\text{m}$ ；在尾部

表一、本研究供試 *Xiphinema insigne* 群的代號、寄主植物及其來源地區Table 1. The list of geographical populations of *Xiphinema insigne* investigated in this study

Population (Code)	Host	Locality
Xins1	Litchi ( <i>Litchi chinensis</i> Sonn.)	Tsautuen Jen, Nantou County
Xins2	Litchi ( <i>Litchi chinensis</i> Sonn.)	Taichung City (1)
Xins3	Litchi ( <i>Litchi chinensis</i> Sonn.)	Taichung City (2)
Xins4	Bamboo ( <i>Bambusa</i> sp.)	Taichung City
Xins5	Bamboo ( <i>Bambusa</i> sp.)	Shinhua Jen, Tainan County
Xins6	Loquat ( <i>Eriobotrya japonica</i> Lindl.)	Shinshe Shiang, Taichung County
Xins7	Loquat ( <i>Eriobotrya japonica</i> Lindl.)	Guoshing Shiang, Nantou County
Xins8	Loquat ( <i>Eriobotrya japonica</i> Lindl.)	Luye Shiang, Taitung County
Xins9	Bermuda-grass ( <i>Cynodon dactylon</i> Pers.)	Daya Shiang, Taichung County (On green of golf course)
Xins10	Pear ( <i>Pyrus pyrifolia</i> var. <i>yokoyama</i> )	Heping Shiang, Taichung County

方面，其長度平均值以 Xins8 為最小 (109.0  $\mu\text{m}$ )，其中在 Xins4, 7, 8, 9 等 4 群內有部分個體的尾部顯著較短，其最短者分別只有 71, 79, 63 和 87  $\mu\text{m}$ ；在肛門位置的體寬 (anal body width) 方面，各群間皆相當一致。*X. insigne* 雌蟲靜止時，其蟲體向腹部呈弓形彎曲 (圖一、A)；唇部 (lip region) 呈半圓球型 (hemispherical)，其和頭部蟲體間有稍微凹縮 (slight constriction) (圖一、B)；尾部呈長圓錐形 (elongate-conical)，其長度變異頗大 (圖一、C, D, E, F)。

### *Xiphinema insigne* 之各齡期幼蟲的形態鑑定

在台灣地區所分離鑑定的 10 個 *X. insigne* 群中都包含 4 個不同齡期的幼蟲，其中 4 個代表群的各项形態測量值如表三中所述。在蟲體體長方面，各群皆隨著齡期的增加，其長度平均值呈現階梯狀地明顯增大，但是有部分的群內 (Xins2, 5, 6, 9, 10)，其 4 個前後齡期之間的範圍值有重疊的狀況。另外 10 群間的第一和第二齡期幼蟲體長的差異程度不大，但是到第三和第四齡期時，其長度才出現比較明顯的不同；在 a, b, c 和 c' 值方面，其中 a 和 b 值在各群相同齡期間皆相當一致，而 c 值方面則只有 Xins9 的各齡期比其餘群明顯較大，至於在 c' 值方面，除了 Xins5, 6 等 2 群是隨著齡期增加而呈現遞減外，其餘 8 群皆呈現出隨著齡期增加而變大再變小的情形。另外 Xins8, 9 等 2 群的 c' 值和其餘群在 4 個齡期間皆有較大的差別；在全口針的長度方面，各群中皆隨著齡期增加而呈現階梯狀增長，而且前後齡期間的範圍值皆無重疊發生。和其雌蟲一樣地，Xins1, 5, 9 等 3 群的第三和第四齡期的全口針也明顯比其他 7 群為短，但是在第一和第二齡期時其差異不大；在功能性齒針的長度方面，其情形和在全口針的狀況雷同，只是 Xins4, 5, 6, 9 等 4 群的範圍值在前後齡期間出現重疊現象；於齒針延長部方面，各群間的長度差異不若其功能性齒針明顯，同樣地只有 Xins1, 5, 9 等 3 群的第四

齡期和其他群有較大的差別；在替代齒針方面，其情形和功能性齒針的狀況一樣，但其中只有 Xins10 的第二和第三齡期的範圍值有重疊情形；在尾部方面，各群的長度皆隨著齡期增加而加長 (圖一、G, H, I, J)，其中 Xins8, 9 等 2 群的 4 個齡期的長度平均值明顯比其他 8 群為小，但是其範圍值有重疊情形；於肛門位置體寬方面，各群皆顯現隨著齡期增加而逐漸變寬的現象，而且 10 群間的平均值相當接近。

### *Xiphinema insigne* 雄蟲的形態鑑定

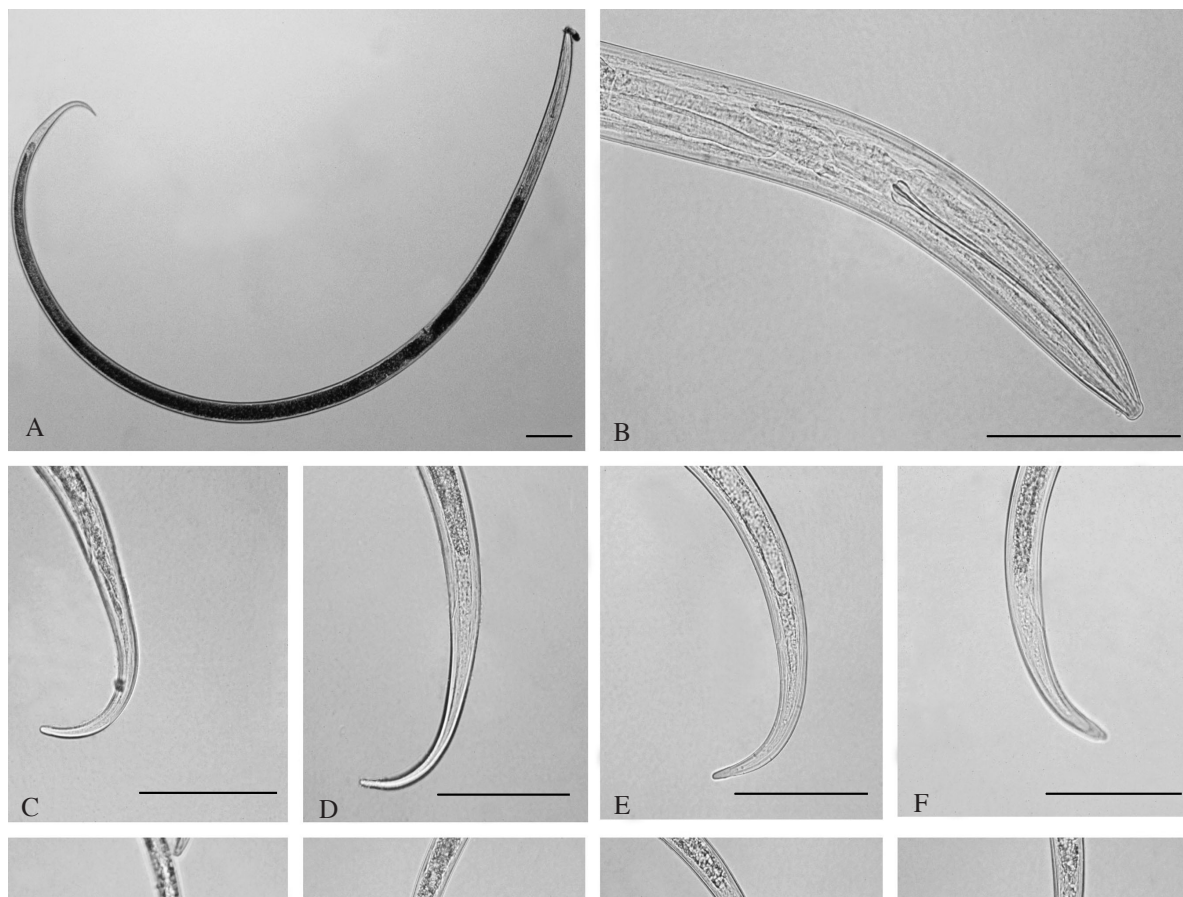
目前僅在 Xins2, 4, 7, 8, 9 等 5 個在田間所分離之群中發現雄蟲共計 15 隻。溫室的 2 個盆栽柑橘茂谷品種上所進行再培養保存的 Xins8 群，其雄蟲的數量頗多，有關這些雄蟲的主要形態測量值和外觀形態特徵分別如表四和圖二及圖三所示。在蟲體的長度方面，6 群間的差異不大，但其中 Xins8 的再培養群中，蟲體最短者僅有 1.69 mm；在 a 和 b 值方面，6 群間沒有明顯差異，但是在 c 和 c' 值上則有較大的變異；在全口針的長度方面，Xins2, 4, 7, 8 等 4 群共計 11 隻雄蟲，其個別的長度皆相當接近，而 Xins9 的 2 隻雄蟲，其長度則明顯較前者為短，但是 Xins8 的再培養群中有個體只有 145.8  $\mu\text{m}$ ，而且其平均值為 155.7  $\mu\text{m}$ ；在功能性齒針和齒針延長部的長度方面，Xins2, 4, 7, 8 等 4 群的個別值間的差異不大，而 Xins9 的功能性齒針之長度比前述 4 群為短，但是在齒針延長部方面則相當接近，同樣地，Xins8 的再培養群中有部分個體，其功能性齒針的長度和 Xins9 相當一致；在尾部的長度方面，其變異情形頗大，其中在 Xins8 的再培養群中，其長度範圍介於 40 - 79  $\mu\text{m}$ 。另外在其形態上，部分個體尾端的指狀突起相當明顯；在肛門位置的體寬方面，前 4 群都差異極小，只有在 Xins8 的再培養群中有少數個體和 Xins9 頗為相近；在交接刺的長度方面，6 群間的差異程度不明顯；在補助突起 (supplements) 的數目方面，部分個體因尾端太

過彎曲而無法觀察計數(圖二、E),其中Xins2的二隻雄蟲皆有6個(圖二、C, D),而Xins9的2隻雄蟲分別為8和7個(圖三、C, D),另外Xins8於溫室再培養後所分離到的29隻雄蟲,其補助突起數目為5-8個。

### Xiphinema insigne 群間的rDNA片段序列比較

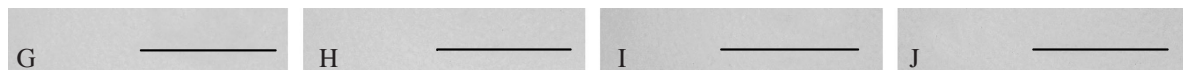
由Xins1、Xins2、Xins7和Xins8等4群劍線蟲所增幅的rDNA片段,除Xins2為2087個鹼基對(base pair, bp)外,其餘3群皆為2088 bp,而4個群ITS-1、5.8S和ITS-2的序列大小和其間的差異度百分比如表五中所列。在ITS-1序列的長度方面,Xins1和Xins2等2群集,其長度比Xins7和Xins8分別少了10和11個bp,但是在ITS-2方

面,前者2群比後者2群反而多了10個bp,至於5.8S基因方面,4群皆為160 bp;在序列差異度的百分比方面,ITS-1之間皆少於3.02,ITS-2之間都低於2.23,而在5.8S基因方面,除Xins7和Xins8等2群間為0外,其餘都未超過2.5。由以上ITS-1和ITS-2的序列的長度和其差異度比對結果顯示,4群間可區分成Xins1, 2和Xins7, 8等2個群集,而在18S基因的部分序列上,2群集間皆無差異,但是在28S基因的部分序列上則有4個位置的鹼基不相同(結果未顯示)。有關上述*X. insigne*的2個群集之rDNA片段的完整序列和其ITS-1、5.8S和ITS-2的序列區間資料已完成登錄於GenBank資料庫中,其登錄序號(Accession number)為AY553980(Xins2)和AY563427(



圖一、台灣地區 *Xiphinema insigne* 之雌蟲和幼蟲：A, 雌蟲靜止時形態和陰門位置 (Xins2)；B, 雌蟲頭部前端的全口針和唇部 (Xins2)；C 和 D (Xins2), E (Xins8) 和 F (Xins9), 雌蟲的尾部；G, H, I 和 J (Xins2) 分別為第一、二、三及四齡期幼蟲的尾部；比例尺長度 = 90 微米。

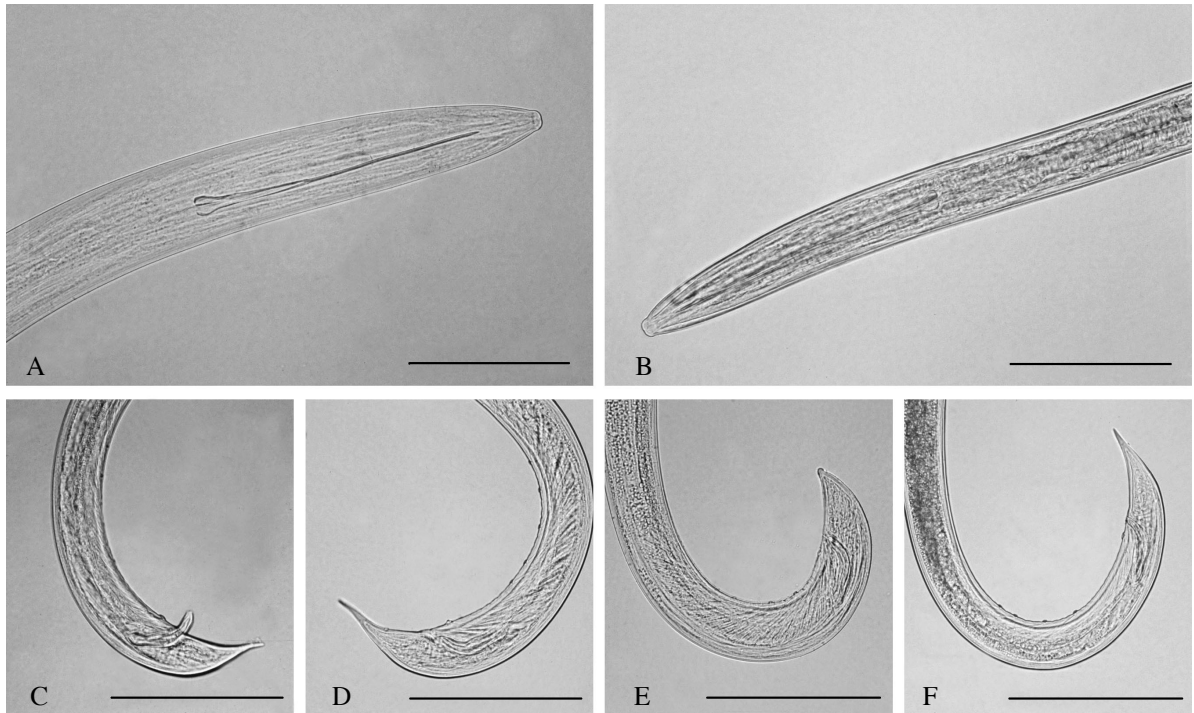
Fig. 1. *Xiphinema insigne* (female and juvenile) from Taiwan: A, Female habitus (Xins2); B, Anterior region of female (Xins2); C and D (Xins2), E (Xins8) and F (Xins9), female tails; G, H, I and J (Xins2), Tails of the first, second, third and fourth stage of juveniles, respectively. Scale bar = 90  $\mu$ m.



圖一、台灣地區 *Xiphinema insigne* 之雌蟲和幼蟲：A, 雌蟲靜止時形態和陰門位置 (Xins2)；B, 雌蟲頭部前端的全口針和唇部 (Xins2)；C 和 D (Xins2), E (Xins8) 和 F (Xins9), 雌蟲的尾部；G, H, I 和 J (Xins2) 分別為第一、二、三及四齡期幼蟲的尾部；比例尺長度 = 90 微米。

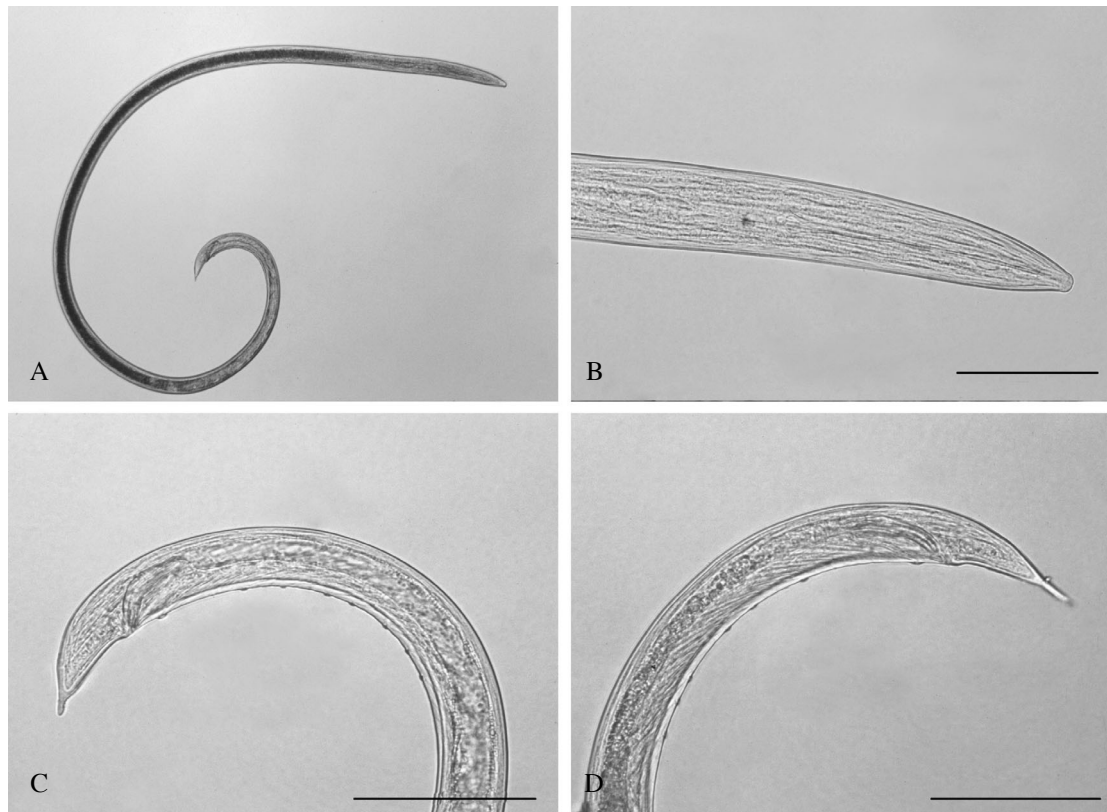
Fig. 1. *Xiphinema insigne* (female and juvenile) from Taiwan: A, Female habitus (Xins2); B, Anterior region of female (Xins2); C and D (Xins2), E (Xins8) and F (Xins9), female tails; G, H, I and J (Xins2), Tails of the first, second, third and fourth stage of juveniles, respectively. Scale bar = 90  $\mu$ m.





圖二、台灣地區 *Xiphinema insigne* 之雄蟲：A (Xins2, 壓扁), B (Xins7), 頭部前端；C 和 D (Xins2), E (Xins1), F (Xins7), 尾部之形態及交接刺；比例尺長度 = 90 微米。

Fig. 2. *Xiphinema insigne* male from Taiwan: A, (Xins2, flatted), B (Xins7), Anterior region; C & D (Xins2), E (Xins1), F (Xins7), Shape of tail and spicule; Scale bar = 90  $\mu$  m.



圖三、台灣地區 *Xiphinema insigne* 之雄蟲 (Xins9)：A, 靜止時形態；B, 頭部前端；C 和 D, 尾部和交接刺之形態；比例尺長度 = 90 微米。

Fig. 3. *Xiphinema insigne* male from Taiwan (Xins9): A, Male habitus; B, Anterior region; C and D, Shape of tail and spicule; Scale bar = 90  $\mu$  m.

表二、台灣地區 *Xiphinema insigne* 雌蟲之形態測量值及與其餘模標本 (Paralectotypes) 之比較Table 2. Morphometrics and comparisons of *Xiphinema insigne* females collected in Taiwan and Sri-Lanka

Character <sup>1</sup>	Locality Host (Code)				
	Tsautuen Litchi (Xins1)	Taichung Litchi (Xins2)	Taichung Litchi (Xins3)	Taichung Bamboo (Xins4)	Shinhua Bamboo (Xins5)
n	25	30	15	34	35
L (mm)	2.21 <sup>2</sup> efgh <sup>3</sup> (2.00-2.41)	2.26 defg (2.05-2.51)	2.13 gh (1.88-2.26)	2.39 abcd (2.13-2.67)	2.33 bcdef (2.09-2.54)
a	61.7 bcdef (49.4-73.6)	58.0 efg (51.8-64.9)	59.9 cdefg (54.0-64.6)	62.7 abcdef (51.6-75.5)	65.3 abc (59.2-71.5)
b	6.48 cdef (5.85-7.03)	6.58 bcdef (5.91-7.35)	6.41 cdef (5.95-6.97)	6.78 abcd (5.92-7.84)	6.87 abc (6.19-8.47)
c	16.4 fg (13.7-18.7)	16.3 fg (13.6-17.6)	17.2 defg (14.5-19.1)	18.5 cdef (15.9-31.3)	19.7 bcde (17.54-22.0)
c'	6.25 ab (5.36-7.14)	6.33 ab (5.59-7.52)	5.89 ab (5.09-6.57)	6.07 ab (3.38-7.33)	5.45 bcd (4.50-7.26)
V %	31.2 bcd (28.8-33.2)	30.3 cde (26.4-32.9)	30.5 cde (28.5-33.4)	30.1 de (27.5-33.1)	30.0 de (26.9-32.9)
Total stylet ( $\mu$ m)	150.3 e (143.3-157.5)	158.3 cd (146.7-166.7)	158.8 bcd (153.3-165.8)	157.4 cd (146.7-166.7)	151.5 e (143.3-158.3)
Functional odontostyle ( $\mu$ m)	90.2 f (85.8-95.8)	97.2 cde (85.0-105.0)	98.5 bcd (94.2-102.5)	95.3 de (87.5-101.7)	90.3 f (80.8-94.1)
Odontophore ( $\mu$ m)	60.1 de (57.5-63.3)	61.0 cde (59.2-64.2)	60.3 de (55.0-64.2)	62.1 cd (58.3-65.0)	61.2 cde (57.5-64.2)
Tail ( $\mu$ m)	136.0 abcd (118.0-150.0)	139.0 abc (119.0-173.0)	125.0 defgh (108.0-143.0)	131.0 bcdef (71.0-148.0)	119.0 efgh (105.0-138.0)
Anal body width ( $\mu$ m)	22.0 cde (20.00-23.0)	22.0 cde (20.0-24.0)	21.0 de (19.0-23.0)	22.0 de (18.0-25.0)	22.0 cde (19.0-24.0)

Xins8)。

## 討 論

劍線蟲 *Xiphinema insigne* 為一世界性廣泛分佈的線蟲種類，但是由於其最初鑑定命名所憑據之雌蟲模式標本的數量太少，且該標本間的形態變異程度頗大<sup>(31)</sup>，而且又相當缺少雄蟲及各齡期幼蟲的形態測量值等輔助鑑定的資料<sup>(38)</sup>，因此關於該種劍線蟲在形態上可能的種內變異性程度並不清楚，以致後續相關鑑定研究報告的爭議頗多<sup>(13,24,30)</sup>。在進行劍線蟲種類的變異性研究時，其前提必需先確定最初來自田間之供試線蟲群的鑑定樣本中只包含一種劍線蟲<sup>(2)</sup>，其判別方法為將自不同地區或作物所分離的各劍線蟲群中，以隨機方式挑取足量的各齡期幼蟲樣本進行全口針、功能性齒針及替代齒針的長度測量，其中前後齡期幼蟲間的替代齒針和功能性齒針的長度必需呈現吻合的情形<sup>(3,8,12)</sup>。在本研究中，各群內前後齡期間的替代齒針

和功能性齒針的長度平均值及其範圍皆相當吻合，而且這 10 群劍線蟲的全口針、功能性齒針和替代齒針的長度平均值皆呈現出隨著齡期增加而成階梯狀的成長，其中全口針長度的範圍值在 4 個前後齡期間都無重疊現象發生，而功能性齒針和替代齒針亦僅有少數群內有重疊情形，由此一結果我們確定這 10 群中都只存在一種劍線蟲，沒有混雜其他形態類似的劍線蟲種類<sup>(2)</sup>。

在台灣地區所分離鑑定的 10 群 *X. insigne*，其雌蟲的各項形態測量值中以陰門位置 (V %)、全口針及尾部的長度等三項的變異程度較為明顯，而且依該三項測量值都分別可將這 10 群劍線蟲區分為 2 個不同群集，其中依陰門位置的百分比平均值所區分的 2 個群集分別為 Xins1 - 7 和 Xins8 - 10 (30.0-32.0 % 和 34.2-34.7 %)；依全口針的長度平均值可區分為 Xins2, 3, 4, 6, 7, 8, 10 和 Xins1, 5, 9 (157.4 - 163.0  $\mu$ m 和 149.7 - 151.5  $\mu$ m)；依尾部的長度平均值可區分為 Xins1, 2, 3, 4, 6, 7, 10 和 Xins5, 8, 9 (125 - 139  $\mu$ m 和 109 - 119  $\mu$ m)，由此一結果顯示，該三項測量值於各群間

表二、台灣地區 *Xiphinema insigne* 雌蟲之形態測量值及與其餘模標本 (Paralectotypes) 之比較 (續)Table 2. Morphometrics and comparisons of *Xiphinema insigne* females collected in Taiwan and Sri-Lanka (Cont'd)

Character	Locality						Sri Lanka <sup>4</sup> (paralectotypes)
	Host (Code)						
	Shinshe Loquat (Xins6)	Guoshing Loquat (Xins7)	Luye Loquat (Xins8)	Daya Bermuda-grass (Xins9)	Heping Pear (Xins10)		
n	29	30	20	47	15		4
L (mm)	2.41 abc (2.07-2.84)	2.31 bcdef (1.95-2.51)	2.28 cdefg (2.02-2.49)	2.33 bcdef (2.14-2.51)	2.36 abcde (2.15-2.51)		2.24, 2.02 2.20, 2.32
a	60.3 cdefg (52.8-66.2)	63.4 abcde (56.3-76.1)	57.5 efg (51.9-64.3)	59.3 efg (49.4-67.8)	60.8 bcdefg (53.8-66.0)		55, - 50, 66
b	6.74 abcde (5.89-7.82)	6.73 abcde (5.74-7.61)	6.39 def (5.80-7.32)	6.57 bcdef (5.83-7.77)	6.38 def (5.83-7.17)		-
c	19.3 bcde (14.3-22.4)	17.4 defg (14.4-28.6)	21.4 a (18.0-32.1)	20.0 bcd (15.7-26.2)	18.8 bcdef (17.5-20.4)		20, 20 26, 21
c'	5.39 cd (4.26-7.24)	6.25 ab (4.16-7.47)	4.75 e (3.00-5.74)	5.25 cd (3.95-6.73)	5.33 cd (4.48-5.78)		4.8, - 3.8, 5.1
V %	32.0 bc (28.4-34.2)	30.8 cde (28.1-34.6)	34.5 a (32.9-36.9)	34.7 a (32.2-37.1)	34.2 a (32.0-40.1)		30, 29.0 29.6, 32.4
Total stylet ( $\mu$ m)	162.9 ab (150.0-168.3)	161.1 abc (154.2-165.0)	163.0 ab (158.3-167.5)	149.7 e (144.2-158.3)	162.3 ab (158.3-169.2)		161, 160 154, 156
Functional odontostyle ( $\mu$ m)	99.4 bc (90.0-105.0)	98.0 bcde (92.5-102.5)	102.0 a (95.9-106.6)	88.6 f (83.3-95.0)	98.3 bcd (94.1-104.2)		102, 98 95, 94
Odontophore ( $\mu$ m)	63.5 ab (60.0-68.3)	63.1 abc (60.0-69.2)	61.0 cde (51.7-63.3)	61.1 cde (56.7-65.0)	64.0 ab (61.7-67.5)		59, 62 59, 62
Tail ( $\mu$ m)	126.0 defg (104.0-152.0)	134.0 abcde (79.0-155.0)	109.0 i (63.0-132.0)	117.0 efgh (87.0-148.0)	126.0 cdefg (112.0-139.0)		110, 101 84, 109
Anal body width ( $\mu$ m)	23.0 ab (19.0-28.0)	22.0 de (19.0-23.0)	23.0 abc (21.0-25.0)	22.0 bcd (20.0-25.0)	24.0 ab (22.0-26.0)		-

<sup>1</sup> n = no. of nematodes; L = body length; a = body length / the maximum body width; b = body length / the distance from lips to the base of esophageal gland; c = body length / the length of tail; c' = tail length / anal body width; V (%) = the distance of vulva from anterior end / body length and then multiplied by 100; total stylet = length of functional odontostyle plus odontophore; tail = length of anus position to the body posterior end; anal body width = body width at the anus position.

<sup>2</sup> Measurements in the form: mean (min. - max.), "-" = No data.

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

<sup>4</sup> Luc, M., and Southey, J. F. 1980<sup>(31)</sup>

沒有必然的關聯性，且各別 2 群集間的上述三項範圍值皆有重疊情形。另外在齒針延部方面，10 群間的長度平均值皆相當接近；在幼蟲的形態鑑定方面，雖然前述 10 群雌蟲依其全口針長度可區分為 2 個群集，但是在其幼蟲的第一和第二齡期階段，2 群集間的長度差異不大，直到第三齡期後，其間的差異才逐漸明顯。同樣地，功能性齒針和替代齒針的長度亦有前述全口針之狀況，但是和雌蟲同樣地，其齒針延長部的長度在 10 群的相同齡期間都相當接近。在尾部的長度方面，其情形和雌蟲一樣可區分為相同的 2 個群集，其中只有第一齡期間的差異較小，自第二齡期後的差異程度則逐漸顯現。

在雄蟲的形態鑑定方面，Xins2 採集點中未發現其他種類的劍線蟲，而且全口針長度和其雌蟲相當接近，因此推論該 2 隻雄蟲為 *X. insigne* 之雄蟲無誤。另 Xins8 群中同時發現有 *X. diffusum* (未發表資料)，然因兩者之形態特徵差別頗大，所以該 3 隻雄蟲亦應為 *X. insigne*，而 Xins4, 7, 9 等 3 群中雖然皆混雜有 *X. elongatum* (未發表資料)，但是前二群的雄蟲，其全口針長度都相當接近於其雌蟲，且各有觀察到 1 隻雄蟲具有 5 個補助突起，另 Xins9 的 2 隻雄蟲，其全口針長度和其雌蟲相當，但也和其中的 *X. elongatum* 雌蟲差異不大，但因其具有 7 和 8 個補助突起，尾端的指狀突起明顯，而且其唇部形狀為半圓球形，和 *X.*

表三、台灣地區 *Xiphinema insignne* 群之各齡期幼蟲的形態測量值  
 Table 3. Morphometrics of the 4 juvenile stages of *Xiphinema insignne* isolated from Taiwan

Character <sup>1</sup>	Locality Host (Code)																
	Tsautuen Litchi (Xins1)								Guoshing Loquat (Xins7)								
	J1	J2	J3	J4	J1	J2	J3	J4	J1	J2	J3	J4	J1	J2	J3	J4	
Stages																	
n	22	20	23	23	26	26	26	26	26	26	26	26	26	26	18	18	
L (mm)	0.75 ± 0.05 <sup>2</sup> (0.69-0.87)	0.97 ± 0.05 (0.88-1.07)	1.26 ± 0.07 (1.17-1.45)	1.69 ± 0.11 (1.48-1.86)	0.74 ± 0.04 (0.68-0.85)	1.02 ± 0.05 (0.93-1.09)	1.36 ± 0.08 (1.22-1.50)	1.73 ± 0.10 (1.54-1.92)	40.2 ± 2.68 (35.0-45.8)	44.7 ± 3.19 (37.5-50.0)	51.1 ± 5.46 (42.3-60.5)	55.9 ± 5.21 (48.0-69.2)	41.0 ± 3.04 (35.5-46.5)	47.8 ± 2.80 (41.6-53.0)	52.9 ± 4.61 (43.3-60.0)	58.5 ± 4.64 (50.3-69.1)	
a																	
b	3.88 ± 0.27 (3.48-4.39)	4.14 ± 0.27 (3.80-4.65)	4.54 ± 0.33 (3.93-5.15)	5.22 ± 0.55 (4.43-6.79)	3.84 ± 0.29 (3.48-4.72)	4.25 ± 0.29 (3.70-4.95)	4.88 ± 0.47 (4.06-5.64)	5.42 ± 0.46 (4.28-6.17)	9.22 ± 0.58 (8.37-10.61)	10.18 ± 0.55 (9.00-11.06)	11.36 ± 0.55 (10.64-12.76)	13.24 ± 0.80 (11.56-14.75)	9.32 ± 0.47 (8.21-10.12)	10.25 ± 0.58 (9.49-11.98)	11.75 ± 0.67 (10.40-13.04)	13.61 ± 0.96 (12.42-15.56)	
c																	
c'	6.85 ± 0.49 (6.25-7.80)	7.14 ± 0.49 (6.27-7.92)	7.32 ± 0.39 (6.53-7.86)	6.77 ± 0.42 (6.00-7.53)	6.95 ± 0.64 (6.00-8.30)	7.07 ± 0.68 (6.07-8.67)	7.03 ± 0.53 (6.22-8.00)	6.97 ± 0.45 (6.00-7.67)	Total stylet ( $\mu\text{m}$ )	73.3 ± 2.05 (69.2-78.3)	91.7 ± 1.81 (89.2-95.0)	109.8 ± 2.87 (105.8-116.7)	130.5 ± 3.84 (123.3-136.7)	74.4 ± 1.18 (71.7-76.7)	97.5 ± 2.58 (91.7-101.7)	118.0 ± 2.03 (115.0-121.70)	138.1 ± 2.63 (134.2-145.0)
Functional odontostyle ( $\mu\text{m}$ )	39.9 ± 2.12 (36.7-46.6)	52.2 ± 1.84 (50.0-57.5)	64.4 ± 2.10 (60.8-68.4)	77.7 ± 3.29 (73.3-83.4)	40.4 ± 1.11 (38.3-42.5)	55.5 ± 2.16 (51.7-59.2)	69.3 ± 1.69 (66.6-73.4)	82.7 ± 2.20 (79.2-89.2)	Functional odontostyle ( $\mu\text{m}$ )	33.5 ± 0.91 (31.7-35.0)	39.5 ± 1.58 (36.7-42.5)	45.4 ± 2.04 (40.8-48.3)	52.8 ± 2.22 (48.3-56.7)	34.0 ± 1.09 (32.5-35.8)	42.1 ± 1.15 (39.2-43.3)	48.7 ± 0.88 (47.5-50.0)	55.4 ± 1.35 (51.7-57.5)
Odontophore ( $\mu\text{m}$ )	53.0 ± 1.43 (50.0-55.0)	65.8 ± 2.73 (60.8-71.7)	76.6 ± 1.80 (73.3-80.0)	93.6 ± 2.74 (88.3-98.3)	54.6 ± 1.21 (52.5-56.7)	70.1 ± 1.87 (65.5-74.2)	83.9 ± 2.64 (77.5-90.0)	99.8 ± 3.05 (95.8-105.0)	Replacement odontostyle ( $\mu\text{m}$ )	82.0 ± 4.0 (75.0-88.0)	95.0 ± 4.0 (90.0-100.0)	111.0 ± 6.0 (98.0-123.0)	128.0 ± 9.0 (112.0-143.0)	80.0 ± 4.0 (73.00-90.0)	99.0 ± 4.0 (91.0-107.0)	116.0 ± 4.0 (108.0-125.0)	128.0 ± 7.0 (108.0-138.0)
Tail ( $\mu\text{m}$ )	12.0 ± 1.0 (10.0-14.0)	13.0 ± 1.0 (12.0-15.0)	15.0 ± 1.0 (14.0-18.0)	19.0 ± 1.0 (18.0-20.0)	12.0 ± 1.0 (10.0-13.0)	14.0 ± 1.0 (12.0-16.0)	17.0 ± 1.0 (14.0-18.0)	18.0 ± 1.0 (18.0-20.0)	Anal body width ( $\mu\text{m}$ )	12.0 ± 1.0 (10.0-14.0)	13.0 ± 1.0 (12.0-15.0)	15.0 ± 1.0 (14.0-18.0)	19.0 ± 1.0 (18.0-20.0)	12.0 ± 1.0 (10.0-13.0)	14.0 ± 1.0 (12.0-16.0)	17.0 ± 1.0 (14.0-18.0)	18.0 ± 1.0 (18.0-20.0)



表三、台灣地區*Xiphinema insigne* 群之各齡期幼蟲的形態測量值 (續)

Table 3. Morphometrics of the 4 juvenile stages of *Xiphinema insigne* isolated from Taiwan (Cont'd)

Character	Locality											
	Lyu					Daya						
	Litchi (Xins8)					Loquat (Xins9)						
Stages	J1	J2	J3	J4	J1	J2	J3	J4	J1	J2	J3	J4
n	17	18	24	14	6	16	17	15				
L (mm)	0.74 ± 0.05 (0.67-0.82)	0.98 ± 0.07 (0.88-1.12)	1.34 ± 0.07 (1.19-1.54)	1.71 ± 0.07 (1.57-1.83)	0.76 ± 0.05 (0.68-0.83)	1.00 ± 0.06 (0.86-1.09)	1.40 ± 0.11 (1.18-1.74)	1.87 ± 0.13 (1.59-2.07)				
a	39.4 ± 3.77 (33.5-50.0)	43.4 ± 2.96 (39.1-48.7)	47.9 ± 3.43 (41.6-57.8)	52.8 ± 2.71 (48.0-57.0)	37.5 ± 2.06 (34.0-39.5)	41.9 ± 2.95 (37.4-46.7)	49.5 ± 3.31 (45.67-55.2)	54.3 ± 3.97 (46.8-61.3)				
b	3.91 ± 0.30 (3.45-4.39)	4.25 ± 0.38 (3.72-4.91)	4.87 ± 0.31 (4.25-5.48)	5.21 ± 0.36 (4.58-5.87)	3.95 ± 0.33 (3.71-4.61)	4.15 ± 0.25 (3.58-4.54)	5.05 ± 0.42 (4.07-6.00)	5.70 ± 0.30 (5.24-6.41)				
c	10.2 ± 0.62 (8.9-11.3)	11.5 ± 0.47 (10.9-12.8)	13.1 ± 0.61 (11.9-14.6)	15.4 ± 1.10 (13.77-17.81)	11.1 ± 0.74 (10.1-12.3)	12.0 ± 0.70 (10.4-13.2)	14.6 ± 2.02 (12.2-20.0)	16.9 ± 1.11 (15.0-18.8)				
c'	5.99 ± 0.41 (5.54-7.09)	5.84 ± 0.44 (5.27-6.77)	6.00 ± 0.32 (5.42-6.47)	5.55 ± 0.46 (4.57-6.47)	5.32 ± 0.55 (4.43-5.85)	5.90 ± 0.33 (5.25-6.54)	5.57 ± 0.53 (4.22-6.47)	5.52 ± 0.30 (4.86-6.00)				
Total stylet ( $\mu$ m)	74.4 ± 1.33 (73.3-77.0)	93.8 ± 2.03 (90.8-99.2)	116.7 ± 1.91 (112.5-120.0)	141.1 ± 1.95 (138.3-143.3)	70.4 ± 1.48 (68.3-72.5)	90.2 ± 2.58 (85.8-93.3)	109.1 ± 2.20 (105.8-113.3)	130.0 ± 2.82 (125.0-134.2)				
Functional odontostyle ( $\mu$ m)	42.9 ± 1.44 (40.0-45.4)	54.7 ± 1.43 (52.5-58.4)	70.7 ± 1.83 (67.5-74.2)	86.8 ± 2.00 (83.3-90.9)	37.9 ± 0.91 (36.6-39.2)	50.5 ± 2.05 (46.6-54.1)	62.3 ± 2.05 (59.1-66.6)	75.4 ± 3.20 (68.3-80.8)				
Odontophore ( $\mu$ m)	31.5 ± 0.96 (30.0-33.3)	39.1 ± 1.03 (37.5-40.8)	45.9 ± 1.82 (44.2-50.0)	54.3 ± 1.49 (50.8-57.5)	32.5 ± 0.72 (31.7-33.3)	39.7 ± 1.68 (36.7-43.3)	46.8 ± 0.97 (45.0-48.3)	54.6 ± 1.16 (51.7-56.7)				
Replacement odontostyle ( $\mu$ m)	53.9 ± 2.50 (45.3-56.7)	70.8 ± 2.93 (66.7-75.0)	86.1 ± 1.97 (82.5-90.0)	104.2 ± 4.49 (94.2-111.7)	51.4 ± 0.87 (50.0-52.5)	62.7 ± 1.90 (58.3-66.7)	76.0 ± 1.80 (74.2-80.0)	91.2 ± 1.80 (89.20-95.0)				
Tail ( $\mu$ m)	73.0 ± 5.0 (67.0-83.0)	86.0 ± 7.0 (75.0-98.0)	103.0 ± 4.0 (94.0-110.0)	111.0 ± 7.0 (96.0-123.0)	69.0 ± 6.0 (62.0-76.0)	84.0 ± 3.0 (77.0-92.0)	97.0 ± 7.0 (76.0-103.0)	111.0 ± 5.0 (103.0-122.0)				
Anal body width ( $\mu$ m)	12.0 ± 1.0 (11.0-14.0)	15.0 ± 1.0 (13.0-18.0)	17.0 ± 1.0 (15.0-19.0)	20.0 ± 1.0 (18.0-22.0)	13.0 ± 1.0 (12.0-14.0)	14.0 ± 1.0 (13.0-16.0)	17.0 ± 1.0 (15.0-18.0)	20.0 ± 1.0 (18.0-22.0)				

<sup>1</sup> stages = the first (J1), second (J2), third(J3) and fourth(J4) developing stages of juveniles, the others see table 2.

<sup>2</sup> Measurements in the form: mean ± SD (min.- max.)

表四、台灣地區 *Xiphinema insignis* 雄蟲之形態測量值及其和千里達及中國大陸等群之比較  
 Table 4. Morphometrics and comparisons of *Xiphinema insignis* males isolated from Taiwan, Trinidad and Mainland China

Character <sup>1</sup>	Locality Host (Code)								
	Taichung Litchi (Xins2)	Taichung Bamboo (Xins4)	Guoshing Loquat (Xins7)	Luye Loquat (Xins8)	Daya Bermuda-grass (Xins9)	Luye <sup>2</sup> Loquat	Trinidad <sup>3</sup> Citrus	China <sup>4</sup> Magnolia	
n	2	3	5	3	2	29	1	9	
L (mm)	2.37, 2.52 (2.45-2.52)	2.49 (2.45-2.52)	2.33 (2.28-2.38)	2.37 (2.34-2.42)	2.14, 2.33	2.15 ± 0.20 <sup>5</sup> (1.69-2.58)	2.27	2.58 ± 0.15 (2.32-2.80)	
a	55.1, 53.6	62.6 (58.4-68.1)	65.1 (61.6-68.0)	60.9 (59.0-63.2)	54.9, 63.0	64.2 ± 4.47 (53.3-72.7)	63.1	71 ± 5.3 (63-81)	
b	6.24, 6.63	6.74 (6.45-7.00)	6.31 (5.95-6.63)	6.19 (6.05-6.37)	6.29, 6.47	6.16 ± 0.36 (5.28-6.73)	7.0	6.7 ± 0.5 (6.1-7.7)	
c	33.4, 42.0	46.8 (44.6-49.2)	40.7 (39.7-41.5)	33.8 (29.3-37.5)	35.1, 43.2	38.2 ± 9.05 (24.9-56.5)	29.1	38 ± 4.8 (30-49)	
c'	2.37, 2.07	1.81 (1.59-1.96)	1.99 (1.83-2.14)	2.52 (2.25-2.96)	2.44, 2.00	2.19 ± 0.43 (1.48-3.16)	3.0	2.4 ± 0.4 (1.9-3.0)	
Total stylet ( $\mu$ m)	160.0, 168.3 (161.7-166.7)	163.9 (161.7-166.7)	162.7 (160.0-166.7)	161.7 (160.0-163.3)	146.7, 148.3	155.7 ± 4.01 (145.8-166.7)	161	165 ± 5 (156-171)	
Functional odontostyle ( $\mu$ m)	95.8, 100.0 (98.3-100.9)	99.7 (98.3-100.9)	98.8 (97.5-102.5)	99.7 (96.7-101.7)	85.9, 86.6	95.0 ± 3.63 (85.0-103.4)	100	102 ± 4.1 (93-107)	
Odontophore ( $\mu$ m)	64.2, 68.3 (60.8-66.7)	64.2 (60.8-66.7)	63.8 (62.5-65.0)	61.9 (60.0-63.3)	60.8, 61.7	60.73 ± 2.19 (56.7-63.3)	61	63 ± 1.3 (61-65)	
Tail ( $\mu$ m)	71.0, 60.0 (51.0-55.0)	53.0 (51.0-55.0)	57.0 (55.0-60.0)	71.00 (63.0-80.0)	61.0, 54.0	59.0 ± 11.00 (40.0-79.0)	78	69 ± 10 (57-83)	
Anal body width ( $\mu$ m)	30.0, 29.0 (29.0-32.0)	30.0 (29.0-32.0)	29.0 (28.0-30.0)	28.0 (27.0-30.0)	25.0, 27.0	27.0 ± 1.0 (24.0-31.0)	-	29 ± 1.1 (27-31)	
Spicule ( $\mu$ m)	45.0, 49.2 (42.5-50.0)	47.2 (42.5-50.0)	48.2 (45.0-50.8)	50.3 (47.5-52.5)	45.8, 45.0	49.1 ± 2.34 (45.0-53.3)	50	49 ± 1.6 (47-52)	

<sup>1</sup> See table 2.

<sup>2</sup> Xins8 subcultured on two potted citrus in green house of TARI from 2002/ 8/15 to 2003/9/15.

<sup>3</sup> Hunt, D. J., and Singh, N. D. 1984<sup>(20)</sup>

<sup>4</sup> Robbins *et al.*, 2000<sup>(39)</sup>

<sup>5</sup> Measurements in the form: mean ± SD (min. - max.), "-" = No data.

表五、台灣地區 *Xiphinema insigne* 之 rDNA (ITS-1, 5.8S, ITS-2) 大小及其序列差異度百分比Table 5. The size of rDNA ITS-1, 5.8S, ITS-2 and the pairwise percentage dissimilarities among the four geographical populations of *Xiphinema insigne* isolated from Taiwan

Population (Code)	No. of bases	ITS-1 (%)			No. of bases	5.8S (%)			No. of bases	ITS-2 (%)		
		Xins1	Xins2	Xins7		Xins1	Xins2	Xins7		Xins1	Xins2	Xins7
Xins1	1112	-	-	-	160	-	-	-	508	-	-	-
Xins2	1111	0.63	-	-	160	1.88	-	-	508	0.79	-	-
Xins7	1122	2.66	2.93	-	160	2.5	1.63	-	498	2.23	1.42	-
Xins8	1122	2.75	3.02	0.09	160	2.5	1.63	0	498	2.23	1.42	0

*elongatum* 雌蟲有異，因此該 2 隻雄蟲也應為 *X. insigne*。另外，Xins8 於溫室再培養所分離的 29 隻雄蟲，其補助突起的數目為 5 至 8 個。另外以上各群雄蟲的唇部形狀和其雌蟲一樣皆為明顯的半圓球形。由以上雌蟲、雄蟲及 4 個齡期幼蟲的形態測量值比對分析結果，我們認為該 10 群劍線蟲為同一種劍線蟲 *X. insigne*，而其形態的變異性程度顯然較 *X. elongatum* 為大<sup>(2)</sup>。

在 4 個供試群間的 rDNA 片段的序列比對方面，雖然依 ITS-1 和 ITS-2 的序列長度及其差異度百分比可明顯將該 4 群區分成 2 個群集 (Xins1, 2 和 Xins7, 8)，但是此一區分結果和上述雌蟲依陰門位置百分比值及全口針和尾部的長度等 3 項形態測量值所分別區分的 2 個群集，其間的關聯性並非完全一致。4 個群間 ITS-1 和 ITS-2 的序列差異度介於 0-3.02 % 之間，其值的變異範圍雖然明顯較 *X. elongatum* 的群間為大 (0-1.34 %)<sup>(2)</sup>，但是其中 Xins8 和 *X. elongatum* 的序列 (2083 bp, GenBank Accession No: AY524971) 間，前述該二個區間在相同電腦軟體和分析參數設定值下的序列差異度分別達到 32.73 和 42.66 %，另外 5.8S 基因間為 0.63 %，而此一在形態特徵及 rDNA 片段長度上頗為相近的二種劍線蟲間，其序列的差異度值遠較其群間為大，因此我們認為上述 ITS-2 中 3.02 % 的差異度仍應屬於 *X. insigne* 的種內變異範圍。

台灣地區的 10 群 *X. insigne* 和該種劍線蟲的 4 個餘模標本 (paralectotypes) (表二) 進行比對的結果顯示，二者的各項測量值中只有尾部的長度和 c' 值明顯的差別，其中後者 4 個尾部長度值皆相對較後者為短，相對地，c' 值也較小，但是該二項測量值都明顯地包含在前者的範圍值中，其中又以和 Xins8 最為相近。*X. indicum* 的 9 隻副模標本和 *X. insigne* 餘模標本的最主要差異在於前者的尾部顯然較後者為短 [77 (74 - 83)  $\mu\text{m}$ ]，另外 Bajaj 和 Jairajpuri 二氏將印度地區的 23 群 *X. insigne* 分成 indicum-form (populations 1 - 18) 和 insigne-form (population 19 - 23) 等 2 個群集<sup>(4)</sup>，而兩者的主要差別再於前者的尾部較短，但是功能性齒針則較後者為長，其中 insigne-form 群集的功能性齒針的長度和 Xins1, 5, 9 等 3 群最為接近，而其尾部長度平均值介於這 10 群之間，而且其範圍值幾乎含括這 10

群劍線蟲，另外雖然在本研究中的 Xins4, 7, 8, 9 等 4 群中亦有少數個體的尾部長度 (63, 71, 79, 87, 87, 97  $\mu\text{m}$  等) 和 indicum-form 群集相當，但是其功能性齒針長度並未特別比其同群中其他具尾部較長的個體為長，而且其他測量值都介於所屬群的各項範圍值中，因此其尾部長度上的變化應屬於群內 (intra-population) 的變異範圍，該少數個體應不是屬於 *X. insigne* 內的所謂 'indicum-form'。由於上述 Bajaj 和 Jairajpuri 二氏所列的 indicum-form 群集中共計包括各地區 18 個群的 138 隻樣本，且各群的尾部長度範圍值變異不大，而且其功能性齒針的長度和 *X. indicum* 的副模標本大致相當 (104, 94 - 110 mm 和 102, 98 - 105 mm)，因此關於在印度所分離鑑定的 *X. indicum* 是否為 *X. insigne* 的同種異名，其真實性著實仍有疑慮，而其解決之道可以在原採集地點重新採集地模標本 (topotypes)，進行和 *X. insigne* 的 rDNA 片段序列差異性比對分析。

台灣島和中國大陸、東南亞及東北亞地區在地緣上最為相近。Razak 和 Loof 二氏<sup>(37)</sup>於馬來西亞的香蕉和大王椰子樹 (Royal palm) 各分離到一群的 *X. insigne*，其中作者將後一群依其尾部長短將線蟲樣本區分成 short-tailed 和 long-tailed 二型，其中前者的功能性齒針和尾部的長度 (92 vs 113  $\mu\text{m}$ ) 和 Xins9 最為接近，而後者的功能性齒針的長度 (96  $\mu\text{m}$ ) 則介於本研究的 10 群間，但整體而言，這 2 群的前述二項測量值和蟲體長度都和台灣地區的 10 群 *X. insigne* 相當接近。在中國大陸方面，Wang 氏等<sup>(47)</sup>於四川省 (Sichuan) Jiangjin 地區的柑橘上所分離的 16 隻 *X. insigne* 雌蟲，其主要測量值如下：L = 2.30 (1.79 - 2.59)；V % = 33 (30 - 37)；c' = 5.7 (4.7 - 6.3)；functional odontostyle = 96.1 (91.4 - 101.9) mm；total stylet = 157.4 (150.2 - 163.8)  $\mu\text{m}$ ；tail = 127.8 (99.1 - 145.8)  $\mu\text{m}$ 。前述各項的平均值及其範圍都包含在台灣地區的 10 群間，而 Zheng 和 Brown 二氏<sup>(49)</sup>於浙江省 (Zhejiang) 的杭州 (Hangzhou) 地區分離到 5 群的 *X. insigne*，其中在玉蘭花 (Yulan magnolia) 上所分離的 10 隻雌蟲，其蟲體長度顯然較長 (2.57  $\mu\text{m}$ )。另外在相同報告中表一第 3 群的 4 隻雌蟲 (unidentified host)，其 V % 之平均值和範圍為 [37.9 (34.2 - 42.1)]，全口針長度為 [170 (166.4 - 172.8)  $\mu\text{m}$ ]，此二項測量值顯然和前述差異過大，

至於其他 3 群的各项測量值皆相當接近於 Xins8 和 Xins10 等 2 群，而且其陰門位置都稍微後移(33.5-35.0%)。另外 Robbins 氏等<sup>(39)</sup>同樣在杭州地區的 Yulan magnolia 上分離到 25 隻雌蟲，其蟲體更長 [2.61 (2.24 - 2.87)  $\mu\text{m}$ ]，且全口針稍長 [165 (158 - 171)  $\mu\text{m}$ ]，其餘測量值則相差不明顯。在 Luc 和 Southey 二氏<sup>(31)</sup>的報告中，其中在泰國柑橘上 (population 9 的該種劍線蟲群，其各項測量值最接近於 Xins10，而在菲律賓的甘蔗上 (Population 6) 所分離的雌蟲，只有其蟲體一項顯著較長 [2.68 (2.44 - 3.09)  $\mu\text{m}$ ]，但是在日本盆景植物上 ('bonsai' tree, population 3) 所發現的 6 隻雌蟲，其蟲體不僅較長 [2.74 (2.58 - 2.94)  $\mu\text{m}$ ]，而且全口針更長 [(171 (167 - 175)  $\mu\text{m}$ )。在韓國，Choi 氏等<sup>(9)</sup>認為其所鑑定的 10 隻雌蟲，其各項測量值最接近於前述日本的 'bonsai' 群。

在 Luc 和 Southey 二氏的報告中亦顯示，在美國東岸的北卡羅來那州 (North Carolina, N.C.) 的 Raleigh 地區 (population 4) 和其西岸的加州 (California, Ca.) 的佛雷斯諾 (Fresno) 地區 (population 5) 所分離的雌蟲，其各項測量值與上述在日本和韓國所發現的雌蟲群甚為相近，而在非洲東岸西印度群島上的模里西斯 (Mauritius) (population 7) 和在南美洲東北角的千里達 (Trinidad)<sup>(20)</sup>，其雌蟲和台灣地區群的唯一差異分別為具有較長的蟲體 [2.52 (2.30 - 2.65) mm] 和稍長的尾部 [149 (136 - 171)  $\mu\text{m}$ ]。在南非地區<sup>(17)</sup>，其 2 隻雌蟲的體長分別為 2.78 和 2.72 mm，而 V % 為 39.9 和 40.4，此二項測量值明顯和上述的各群有極大差距，尤其是後一項。由以上在世界各地所分離鑑定的 *X. insigne* 雌蟲群的比較結果顯示，其形態的變異性相當大，其中以雌蟲的體長和其全口針的長度二項最明顯，但是若以台灣島地區為中心，其變異性的程度和地理位置的遠近似乎沒有顯著關連，而此一現象可能和各地區間長久以來植物種苗的買賣遷移最有關係。

有關幼蟲形態鑑定的研究相當缺乏，及至目前僅在菲律賓和中國大陸有比較完整的參考資料，其中在菲律賓的甘蔗上所分離的幼蟲，其 4 個齡期的蟲體長度和本研究群間相差無幾，不若其雌蟲有顯著較長的體長 [2.68 (2.44 - 3.09) mm]，而其功能性齒針和替代齒針的長度則最接近於 Xins1, 5, 9 等 3 群。至於在中國大陸上所鑑定的幼蟲<sup>(49)</sup>，其 3 個齡期的體長 (缺第一齡期) 和前述菲律賓群的情形一樣，都只有到雌蟲的成熟階段，其蟲體才顯著稍長 [2.57 (2.35 - 2.80) mm]，至於其功能性齒針和替代齒針的長度則相反地最接近於前述 3 群以外的其餘 7 群。另外其 3 個前後齡期及其雌蟲間的替代齒針和功能性齒針的長度平均值及其範圍都相當吻合。

由於大部分劍線蟲種類的生殖方式是屬於孤雌生殖 (parthenogenesis)<sup>(31)</sup>，其中 *X. insigne* 似乎亦如此，因為及至目前全世界僅有少數地區有關於其雄蟲的報告，而且供鑑定的樣本數目大多很少 (表四)，同樣地，我們至今也

只在 Xins2, 4, 7, 8, 9 等 5 群的田間分離群中發現到共計 15 隻雄蟲，但是其中的 Xins8 在溫室的 '茂谷' 柑橘品系的盆栽實生苗上進行繁殖保存約一年後，雄蟲的發現比率明顯提高不少，其蟲體的長度變異範圍擴大，而且總口針長度的範圍 (145.80 - 166.70  $\mu\text{m}$ ) 擴大到幾乎含括其他 9 群雌蟲的範圍值 (143.30 - 169.20  $\mu\text{m}$ )，而此一現象是否為線蟲為因應寄主適應性 (host adaptation) 和族群基因構造 (population genetic structure, PGS)<sup>(5)</sup> 本身所衍生的演化 (evolution) 過渡現象，此一問題值得往後予以探討。另外 Robbins 氏等<sup>(39)</sup>最近亦發表在中國大陸杭州的浙江大學校園內的 Yulan Magnolia 根圍土中也分離到異常多的 9 隻雄蟲 (表四)，而該群中雄雌的比率為 1: 13.1，但是他們檢查其中 118 隻雌蟲的生殖系統管道 (genital tracts) 中都沒有發現雄蟲的精子。至於其形態的測量值和其雌蟲差異不大，其中又以和美國加州佛雷斯諾地區所發現的雄蟲最為接近<sup>(31)</sup>。

Luc 氏等<sup>(30)</sup>認為在印度所分離、鑑定及命名的 *X. neodimorphicaudatum* Khan, 1982 和 *X. tugewai* Darekar and Khan, 1983 等 2 種劍線蟲 *X. insigne* 的同種異名，其主要依據分別只有 1 隻和 2 隻雌蟲副模標本的鑑定資料，其中前者的齒針延長部的長度只有 50  $\mu\text{m}$ ，而且其原始鑑定報告中的 12 隻雌蟲副模標本<sup>(24)</sup>，其前述該測量值的範圍為 40 - 55  $\mu\text{m}$  (無平均值資料)；另後者的功能性齒針的長度值為 113 和 116  $\mu\text{m}$ ，但是其原始鑑定報告中 4 隻雌蟲副模標本的該項測量值範圍為 85 - 92  $\mu\text{m}$ <sup>(13)</sup>。另外 Zheng 氏等<sup>(49)</sup>認為在泰國所分離的 *X. savaryi* Lamberti, Troccoli & Agostinelli, 1997 亦為 *X. insigne* 的同種異名，但是其 15 隻雌蟲副模標本的體長為 2.6 (2.4 - 2.7) mm，齒針延長部的長度為 66.0 (64.0 - 68.7)  $\mu\text{m}$ <sup>(27)</sup>。由以上的數據顯示，該三種劍線蟲各別的前述測量項目中，其測量值和表二中 *X. insigne* 的餘模標本及本研究供試 10 群間都有明顯的差異，因此其是否皆為 *X. insigne* 的同種異名，著實仍有疑慮，而其解決之道唯有提高其雌蟲的鑑定樣本數量、附帶提供雄蟲及各齡期幼蟲的形態測量資料及 rDNA 序列差異度的比較分析，如此方能更客觀地檢視其鑑定的正確性，同時也更能認知劍線蟲 *X. insigne* 的變異性。

## 謝辭

本研究承行政院農業委員會經費補助，並承本所農藝組試驗統計研究室呂秀英研究員和呂椿棠助理研究員協助數據統計分析，謹申謝意。

## 引用文獻

1. 倪蕙芳、程永雄、陳瑞祥、蔡東纂、陳殿義. 2003. 利用 rDNA-RFLP 技術鑑識台灣常見劍線蟲植物病原線蟲。

- 植病會刊 12: 235-241。
2. 陳殿義、倪蕙芳、顏志恒、程永雄、蔡東纂. 2004. 台灣地區劍線蟲*Xiphinema elongatum*之變異性. 植病會刊 13: 45-60。
  3. Alkemada, J. R. M., and Loof, P. A. A. 1989. Observations on the ontogeny of some *Xiphinema* species (Nematoda: Dorylaimida). Med. Fac. Landbouww. Rijksuniv. Gent 54: 1177-1186.
  4. Bajaj, H. K., and Jairajpuri, M. S. 1977. Variability within *Xiphinema insigne* populations from India. Nematologica 23: 33-46.
  5. Blouin, M. S., Yowell, C. A., Courtney, C. H., and Dame, J. B. 1995. Host movement and the genetic structure of populations of parasitic nematodes. Genetics 141: 1007-1014.
  6. Bulman, S. R., and Marshall, J. W. 1997. Differentiation of Australasian potato cyst nematode (PCN) populations using the polymerase chain reaction (PCR). New Zealand J. Crop Horti. Sci. 25, 123-129.
  7. Cherry, T., Szalanski, A. L., Todd, T. C., and Powers, T. O. 1997. The internal transcribed spacer region of *Belonolaimus* (Nemata: Belonolaimidae). J. Nematol. 29:23-29.
  8. Cho, M. R. and Robbins, R. T. 1990. Observations of all postembryonic stages of *Xiphinema coxi coxi* (Nematoda: Longidoridae). J. Nematol. 22:69-78.
  9. Choi, Y. E., Choi, Y. S., and Cho, M. R. 1992. Nematodes associated with forest trees in Korea III. A new species of *Xiphinemella* Loos, 1950, and four unrecorded species of *Xiphinema* Cobb, 1913. Korean J. Appl. Entomol. 31:416-426.
  10. Cohn, E. 1969. The occurrence and distribution of species of *Xiphinema* and *Longidorus* in Israel. Nematologica 15:179-192.
  11. Cohn, E., and Sher, S. A. 1972. A contribution to the taxonomy of the genus *Xiphinema* Cobb, 1913. J. Nematol. 4:36-65.
  12. Coomans, A., and De Coninck, L. 1963. Observations on spear-formation in *Xiphinema*. Nematologica 9:85-96.
  13. Darekar, K. S., and Khan, E. 1983. *Xiphinema tugewai* sp. n. and *Longidorus paramirus* sp. n. (Longidoroidea: Nematoda) from Maharashtra, India. Ind. J. Nematol. 12:153-157.
  14. Fallas, G. A., Hahn, M. L., Fargette, M., Burrows, P. R., and Sarah, J. L. 1996. Molecular and biochemical diversity among isolates of *Radopholus* spp. from different areas of the world. J. Nematol. 28:422-430.
  15. Ferris, V. R., Ferris, J. M., and Faghihi, J. 1993. Variation in spacer ribosomal DNA in some cyst-forming species of plant parasitic nematodes. Fundam. Appl. Nematol. 16: 177-184.
  16. Ferris, V. R., Ferris, J. M., Faghihi, J., and Ireholm, A. 1994. Comparisons of isolates of *Heterodera avenae* using 2-D PAGE protein patterns and ribosomal DNA. J. Nematol. 26: 144-151.
  17. Heyns, J. 1991. The genus *Xiphinema* in southern Africa. XXII. *X. miekeae* spec. nov., with notes on *X. clavatum* Heyns, 1965, *X. setariae* Luc, 1958 and *X. insigne* Loos, 1949 (Nematoda: Longidoridae). Phytophylactica 23:207-211.
  18. 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.
  19. 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.
  20. Hunt, D. J., and Singh, N. D. 1984. *Xiphinema costaricense* Lamberti & Tarjan, 1974 and *X. insigne* Loos, 1949, from Trinidad. Rev. Nematol. 7:19-22.
  21. Ibrahim, S. K., Baldwin, J. G., Roberts, P. A., and Hyman, B. C. 1997. Genetic variation in *Nacobbus aberrans*: an approach toward taxonomic resolution. J. Nematol. 29: 241-249.
  22. Ibrahim, S. K., Perry, R. N., Burrows, P. R. and Hooper, D. J. 1994. Differentiation of species and populations of *Aphelenchoides* and of *Ditylenchus angustus* using a fragment of ribosomal DNA. J. Nematol. 26:412-421.
  23. Kaplan, D. T., Thomas, W. K., Frisse, L. M., Sarah, J. L., Stanton, J. M., Speijer, P. R., Marin, D. H., and Opperman, C. H. 2000. Phylogenetic analysis of geographically diverse *Radopholus similis* via rDNA sequence reveals a monomorphic motif. J. Nematol. 32:134-142.
  24. Khan, E. 1982. *Inagreiuis gloriosus* gen. n. sp. n. and descriptions of three new species of *Xiphinema* Cobb, 1913 along with report on *X. radicolica* T. Goodey, 1936 and *X. elongatum* Schuurmans Stekhoven & Teunissen, 1938 (Nematoda: Longidoroidea) from India. Ind. J. Nematol. 11: 189-204.
  25. Knoetze, R., Burger, J. T. and Meyer, A. J. 2000. Discrimination of some *Xiphinema* species from South

- Africa by rDNA-RFLP analysis. African Plant Prot. 6:25-30.
26. Lamberti, F., Sabova, M., DE Luca, F., Molinari, S., Agostinelli, A., Coiro, M. I., and Valocká, B. 1999. Phenotypic variations and genetic characterization of *Xiphinema* populations from Slovakia (Nematoda: Dorylaimida). Nematol. Medit. 27: 261-275.
  27. Lamberti, E., Troccoli, A., and Agostinelli, A. 1997. Two new species of *Xiphinema* (Nematoda, Dorylaimida) from Thailand. Nematol. Medit. 25:239-247.
  28. Loof, P. A. A., and Maas, P. W. Th. 1972. The genus *Xiphinema* (Dorylaimida) in Surinam. Nematologica 18:92-119.
  29. Loos, C. A. 1949. Notes on free living and plant-parasitic nematodes of Ceylon. No: 5. J. Zool. Soc. India 1: 23-29.
  30. Luc, M., Loof, P. A. A. and Brown, D. J. F. 1984. On the systematics of eleven *Xiphinema* species (Nematoda: Longidoridae) described from India. Rev. Nématol. 7:399-405.
  31. Luc, M., and Southey, J. F. 1980. Study of biometrical variability in *Xiphinema insigne* Loos, 1949, and *X. elongatum* Schuurmans Stekhoven & Teunissen, 1938; description of *X. savanicola* n. s.p (Nematoda: Longidoridae) and comments on thelytokous species. Rev. Nématol. 3:243-269.
  32. Nasmith, C. G., Speranzini, D., Jeng, R. and Hubbes, M. 1996. RFLP analysis of PCR amplified ITS and 26S ribosomal RNA genes of selected entomopathogenic nematodes (Steinernematidae, Heterorhabditidae). J. Nematol. 28:15-25.
  33. 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.
  34. Nguyen, K. B., Maruniak, J., and Adams, B. J. 2001. Diagnostic and phylogenetic utility of the rDNA internal transcribed spacer sequences of Steinernema. J. Nematol. 33:73-82.
  35. Orui, Y. 1996. Discrimination of the main *Pratylenchus* species (Nematoda: Pratylenchidae) in Japan by PCR-RFLP analysis. Appl. Entomol. Zool. 31:505-514.
  36. 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.
  37. Razak, A. R., and Loof, P. A. A. 1998. The genus *Xiphinema* Cobb, 1913 (Nematoda: Longidoridae) in western Malaysia. Fundam. Appl. Nematol. 21:413-428.
  38. Robbins, R. T., Brown, D. J. F., Halbrendt, M., and Vrain, T. C. 1996. Compendium of juvenile stages of *Xiphinema* species (Nematoda: Longidoridae). Russ. J. Nematol. 4:163-171.
  39. Robbins, R. T., Zheng, J. W., and Brown, D. J. F. 2000. Observations on a *Xiphinema insigne* population with several males from Hangzhou, China. J. Nematol. 32:253-257.
  40. Saigusa, T., and Yamamoto, Y. 1971. Distribution and hosts of a dagger nematode, *Xiphinema insigne* Loos, detected on export Lily bulb. Res. Bull. Pl. Prot. Serv. Japan 9:27-38.
  41. Siddiqi, M. R. 1959. Studies on *Xiphinema* spp. (Nematoda: Dorylaimoidea) from Aligarh (North India) with comments on the genus *Longidorus* Micoletzky, 1922. Proc. Helminth. Soc. Wash. 26:151-163.
  42. Szalanski, A. L., Sui, D. D., Harris, T. S., and Powers, T. O. 1997. Identification of cyst nematodes of agronomic and regulatory concern with PCR-RFLP of ITS-1. J. Nematol. 29: 255-267.
  43. Tarjan, A. C., and Luc, M. 1963. Observations on *Xiphinema insigne* Loos, 1949 and *Xiphinema elongatum* Schuurmans Stekhoven & Teunissen, 1938 (Nematoda: Dorylaimidae). Nematologica 9:163-172.
  44. Thiéry, M., and Mugniery, D. 1996. Interspecific rDNA restriction fragment length polymorphism in *Globodera* species, parasites of Solanaceous plants. Fundam. Appl. Nematol. 19: 471-479.
  45. Vrain, T. C., Wakarchuk, D. A., Levesque, C. A., and Hamilton, R. I. 1992. Intraspecific rDNA restriction fragment length polymorphism in the *Xiphinema americanum* group. Fundam. Appl. Nematol. 15:563-573.
  46. Wang, X., Bosselut, N., Castagnone, C., Voisin, R., Abad, P., and Esmenjaud, D. 2003. Multiplex polymerase chain reaction identification of single individuals of the Longidorid nematodes *Xiphinema index*, *X. diversicaudatum*, *X. vuittenezi*, and *X. italiae* using specific primers from ribosomal genes. Phytopathology 93:160-166.
  47. Wang, S., Chiu, W. F., Yu, C., Li, C., and Robbins, R. T. 1996. The occurrence and geographical distribution of longidorid and trichodorid nematodes associated with vineyards and orchards in China. Russ. J. Nematol. 4:145-153.
  48. Wendt, K. R., Vrain, T. C., and Webster, J. M. 1993.



- Separation of three species of *Ditylenchus* and some host races of *D. dipsaci* by restriction fragment length polymorphism. *J. Nematol.* 25:555-563.
49. Zheng, J. and Brown, D. J. F. 1999. *Xiphinema insigne* Loos, 1949 and *X. hunaniense* Wang & Wu, 1992 from Hangzhou, China, and synonymization of *X. savaryi* Lamberti, Troccoli & Agostinelli, 1997 with *X. insigne*, and *X. siamense* Lamberti, Troccoli & Agostinelli, 1997 with *X. radicolica* Goodey, 1936 (Nematoda: Longidoridae). *Russ. J. Nematol.* 7:127-137.
50. Zijlstra, C., Lever, A. E. M., Uenk, B. J. and Van Silfhout, C. H. 1995. Differences between ITS regions of isolates

## ABSTRACT

Chen, D. Y.<sup>1</sup>, Ni, H. F.<sup>2</sup>, Yen, J. H.<sup>3</sup>, Cheng, Y. H.<sup>2</sup>, and Tsay, T. T.<sup>4,5</sup>. 2004. Variability within *Xiphinema insigne* populations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13:127-142. (<sup>1</sup> Plant Pathology Division, Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan, R.O.C.; <sup>2</sup> Department of Plant Protection, Chia Yi Agricultural Experiment Station, ARI, Taiwan; R.O.C.; <sup>3</sup> Agricultural Extension Center, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan, R.O.C.; <sup>4</sup> Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan, R.O.C.; <sup>5</sup> Corresponding author, E-mail: TTTsay@nchu.edu.tw, Fax: +886-4-22876712)

Ten geographical populations of *Xiphinema insigne* were isolated from the rhizosphere of litchi, loquat, pear, Bermuda-grass and bamboo using modified Baermann funnel method during 1998 to 2002 in Taiwan. According to the matchable length of replacement odontostyle and functional odontostyle, the evident gap of replacement odontostyle and total stylet length between the four successive stages of juvenile and its female, it was assured that examined specimens of each population were not mixed with other morphological similar *Xiphinema* species. Although, based on each of the three items of the position of vulva (V%), the length of total stylet and tail of the morphometrics of females, the 10 populations could be divided into two groups, respectively, but which were different to each other. Comparing the size and pairwise percentage dissimilarity of rDNA (ITS-1 and ITS-2), the four tested populations also were separated into two groups (Xins1, 2 vs Xins7, 8), but however it didn't coincide with the results conducted by each of the above three items. Also the morphometrics for the first and second stages of juvenile among the 10 populations were very similar to each other. After all, judging from the above three viewpoints, we recognized that these 10 populations with somehow morphological variance were one species — *X. insigne*, and which with intraspecific variation of ITS-1 and ITS-2 ranged from 0 to 3.02 %. The shape of lip region and the morphometrics of *X. insigne* males were almost identical with the females, but its tail shape with more variance, and the numbers of supplements were 5 to 8. Compared to some published reports, the morphometrics of *X. insigne* specimens identified in Taiwan had showed two main differences, the length of female body and total stylet. However, collecting more morphometric data of the juveniles, males and the sequences of rDNA of *X. insigne* around the world should be the only feasible method to decide that whether these differences were intraspecific or interspecific variation.

Key words: internal transcribed spacer (ITS), ribosomal DNA (rDNA), Variability, *Xiphinema insigne*

of root-knot nematodes *Meloidogyne hapla* and *M.*

*chitwoodi*. Phytopathology 85:1231-1237.