Xia S Z, Sun H, Yang Y Y, *et al*. Morphological redescription and molecular determination of *Eustrongylides tubifex*, a newly recorded nematode species in China [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2026, 50(3): 032616. [夏深圳, 孙赫, 杨圆圆, 等. 我国线虫新纪录种管状胃瘤线虫的形态重述及分子测定 [J]. 水生生物学报, 2026, 50(3): 032616.]

数据论文

我国线虫新纪录种管状胃瘤线虫的形态重述及分子测定

夏深圳[1] 孙 赫[1] 杨圆圆[1] 李志恒[1] 马玉兰[1] 柳 方[1] 杨钰盟[1]
时伟琦[1] 岳 城[1] 郝翠兰[1, 3*] 郭 威[2, 4*]

(1. 新疆农业大学动物医学学院, 乌鲁木齐 830052; 2. 新疆农业大学生命科学学院, 乌鲁木齐 830052; 3. 新疆草食动物新药研究与创制重点实验室, 乌鲁木齐 830052; 4. 新疆极端环境生物生态适应与进化重点实验室, 乌鲁木齐 830052)

摘要: 为明确新疆吐鲁番地区大草湖细眼高原鲅(*Triplophysa microphthalm*)肠道寄生胃瘤线虫(*Eustrongylides* sp.)(幼虫)的种类, 本研究通过感染家鸭实验获得胃瘤线虫的成虫, 并进行形态学观察和鉴定, 同时结合核糖体内转录间隔区(Internal transcribed spacer, ITS)序列进行分子鉴定。结果表明所获虫体形态特征与管状胃瘤线虫(*Eustrongylides tubifex*)一致, 头部外圈唇乳突比内圈唇乳突大, 雄虫尾部边缘有凸起且角质层折边较小, 卵壁厚且有多个凹陷; 通过测序获得该虫体18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA序列(945 bp), 经BLAST比对未发现一致序列, 与伊格诺图斯胃瘤线虫(*Eustrongylides ignotus*, GenBank: GQ215524)相似性为97.39%; 分子遗传距离指出本研究胃瘤线虫与伊格诺图斯胃瘤线虫(*Eustrongylides ignotus*, GenBank: GQ215524)亲缘关系最为接近, 遗传距离为0.017。本研究在国内细眼高原鲅体内发现管状胃瘤线虫(*Eustrongylides tubifex*), 不仅为胃瘤线虫的中间宿主范围的相关研究做出补充, 也为胃瘤线虫病的防控提供了基础数据。

关键词: 形态; ITS rDNA; 新纪录; 管状胃瘤线虫

中图分类号: Q959.15 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2026)03-032616-11

doi: 10.3724/1000-3207.2025.2025.0224 CSTR: 32229.14.SSSWXB.2025.0224

胃瘤线虫属(*Eustrongylides*)隶属于嘴刺目(Enoplida)、膨结科(Dioctophmidae)[1], 其具有复杂的生命周期[2], 第一中间宿主是寡毛类, 第二中间宿主是鱼类[3], 终末宿主为鸭类[4]及食肉鸟类[5]。1987年, 沈守训等[6]首次在山东微山湖斑头秋沙鸭(*Mergus albells*)的腺胃内发现了秋莎胃瘤线虫(*Eustrongylides mergorum*), 为我国新记录种。1909年Rautela[7]首次将胃瘤线虫属(*Eustrongylides*)归入膨结科(Dioctophymatidae), 并系统整理管状胃瘤线虫(*Eustrongylides tubifex*)、乳突胃瘤线虫(*Eustrongylides papillosus*)、秀丽胃瘤线虫(*Eustrongylides elegans*)、非洲胃瘤线虫(*Eustrongylides africanus*)、普通胃瘤线虫(*Eustrongylides excisus*)[8]、多乳突胃瘤线虫(*Eustrongylides perpapillatus*)和伊格诺图斯胃瘤线虫(*Eustrongylides ignotus*)等物种, 但他指出仅依赖形态特征难以准确区分这些物种, 且多数分类

收稿日期: 2025-06-27; **修订日期:** 2025-09-12

基金项目: 新疆维吾尔自治区重点研发任务专项(2023B02012, 2025B02020-2); 国家自然科学基金(32403085); 自治区“天池英才”引进计划-青年博士(2022年度); 自治区高校基本科研业务费(XJEDU2023P055); 中国博士后基金(339494); 新疆农业大学大学生创新项目(dxscx2025091)资助 [Supported by the Key Research and Development Program for Special Project of Xinjiang (2023B02012, 2025B02020-2); National Natural Science Foundation of China (32403085); “Tianchi Talent” Introduction Program-Young Doctoral Fellows (2022) of the Autonomous Region; Basic Research Funds for Higher Education Institutions of the Autonomous Region (XJEDU2023P055); China Postdoctoral Science Foundation (339494); Xinjiang Agricultural University’s Undergraduate Innovation Project (dxscx2025091) funding.]

作者简介: 夏深圳(2000—), 男, 硕士研究生; 主要研究方向为水生动物保护学。E-mail: 2049314177@qq.com

通信作者: 郝翠兰, E-mail: haocuilan@126.com 郭威, E-mail: guowei612@xjau.edu.cn *共同通信作者

©The Author(s) 2026. This is an open access article under the CC-BY 4.0 License (https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

地位存疑, 后续研究主要集中在管状胃瘤线虫、伊格诺图斯胃瘤线虫和普通胃瘤线虫中。目前国内仅报道过伊格诺图斯胃瘤线虫(*E. ignotus*), 其主要中间宿主为黄鳝(*Monopterus albus*)、翘嘴鲌(*Culter alburnus* Basilewsky)和花鳚(*Hemibarbus maculatus* Bleeker)等[9], 我国尚未见普通胃瘤线虫(*E. excisus*)和管状胃瘤线虫(*E. tubifex*)的报道。

目前胃瘤线虫在世界各地均有分布[10, 11], 在我国主要分布于长江流域及南方地区[12], 其感染宿主范围与地理分布持续扩展, 已在多个地区、多个物种中被报道, 如中国的扬子鳄(*Alligator sinensis*)[13]、秘鲁的食虫鸟[14]、巴西的蟾蜍(*Toad*)[15]和水蛇(*Natrix annularis Hallowell*)[16]、保加利亚多瑙河的虾虎鱼(*Ctenogobius giurinus*)[17]、意大利的河鲈(*Perca fluviatilis*)[18]及墨西哥的海鲈(*Perca fluviatilis*)[19]体内发现胃瘤线虫。跨区域风险表现为宿主从鸟类、鱼类扩展至鳄、蛇及蟾蜍等, 且水体污染与候鸟迁徙加剧了胃瘤线虫传播的复杂性。

目前我国的研究主要涉及胃瘤线虫的种群动态[20]、基因多样性[21]、病理变化[22]和新的宿主[23]等方面。本研究以新疆吐鲁番地区细眼高原鳅(*Triplophysa microphthalm*)体内寄生的胃瘤线虫为研究对象, 通过人工感染实验及PCR扩增其内转录间隔区(Internal transcribed spacer, ITS)序列, 并进行序列及系统发育分析, 鉴定其为管状胃瘤线虫, 为胃瘤线虫的分类、鉴定、诊断及群体遗传学等方面的研究奠定基础并提供理论指导。

1 材料与方法

1.1 样品采集及转染实验

2024年6月至2025年6月, 在新疆吐鲁番大草湖共采集到190尾细眼高原鳅, 其中40尾活体细眼高原鳅被送至新疆农业大学水生动物病害与防治实验室暂养。市场购得健康家鸭12只, 进行适应性饲养与健康预处理, 将健康的家鸭随机分为感染组和对照组。感染组家鸭饲喂胃瘤线虫(幼虫)及饲料, 对照组家鸭饲喂饲料。感染组持续饲喂并观察11d, 在12d对所有家鸭实施安乐死并解剖, 在感染组家鸭的腺胃内共收集到线虫成虫13条, 对照组家鸭经解剖未检出线虫。将所获得的线虫用生理盐水冲洗后, 放入95%乙醇中, 随后保存于–20℃冰箱待用, 选取雌虫和雄虫各1条用2.5%戊二醛保存, 用于扫描电镜观察。

1.2 形态学鉴定

取10条形态完整的虫体, 采用水封片法封片, 用于光学显微镜检观察形态结构。并选取雌虫和雄虫各1条用于电镜观察, 扫描电镜制样方法: 将虫体用2.5%戊二醛固定12h, 再用1%锇酸固定6h, 经各级乙醇脱水, 乙酰异戊酯置换, 临界点干燥, 喷金镀膜, 扫描电镜(日本日立Hitachi: SU8100)观察并拍照。

1.3 DNA的提取、PCR扩增与测序

随机选取保存在95%乙醇中的3条线虫, 用蒸馏水除去其表面的乙醇, 放置TE缓冲液6h后, 使用DNA提取试剂盒(北京全式金生物技术有限公司)进行DNA提取。

PCR扩增体系为25 μL, 其中12.5 μL 2×Easy-*Taq* PCR SuperMix, 8.5 μL dd H_2O, 18S-F(5′-TTGGATGATTCGGTGAGGT-3′)/ 28S-R(5′-AACCGCTTAGTAATATGCT-3′[24])各1 μL和2 μL模板DNA, 每次反应均设阴性对照以排除DNA被污染。PCR扩增反应条件: 94℃预变性5min; 94℃变性30s, 55℃退火30s, 72℃延伸30s, 共35个循环;72℃终延伸8min, 终止于4℃。PCR产物经1.5%琼脂糖电泳, 将阳性PCR产物回收纯化, 送往上海生物工程技术公司进行测序。将测序结果进行拼接, 并在NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)中进行Blast比对。

1.4 同源性分析和遗传系统发育分析

对管状胃瘤线虫18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA序列(945 bp; GenBank登录号: PQ519610)进行分析。在GenBank中获取更多鱼类线虫18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA基因(表 1), 在MEGA 7.0.2软件计算序列中碱基含量, 选用双参数模型(Kimura-2-parameter model, K2P)计算各物种间遗传距离。利用贝叶斯法(Bayesian inference, BI)和最大似然法(maximum likelihood, ML)构建系统发育树, 将序列导入PhyloSuite v1.2.3[25, 26]软件中, 使用Extract提取数据, 使用MAFFT进行多重序列比对, 随后使用Gblocks进行修剪, 使用ModelFinder选择最佳拟合分区模型: SYM+F+G4, MrBayes用于贝叶斯法(BI)树的构建, 使用默认参数, 包括4个马尔科夫(MCMC)链, 每运算1000代对树形进行马尔科夫链(Markov chains)抽样, 去掉初始25%采样, 基因序列组成的数据集运行500000代; 基于最大似然法(ML)进化树的构建在IQ-TREE进行运算, 自举法(Bootstrap)1000次。在iTOL网站(https://itol.embl.de/)中对系统进化树结果进行美化修饰, 并标注贝叶斯后验概率(Posterior probability, BPP)和最大似然自举值(Bootstrap values, BS)。

1.5 动物伦理批准

本实验符合实验动物伦理和野生动物采样许可, 所有程序均符合有关法律。该研究通过新疆农

业大学实验动物福利伦理委员会许可(许可证编号2023045)。

表 1　GenBank数据库中线虫18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA基因序列信息

Tab. 1　18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA gene information for nematode in the GenBank database

寄生虫Parasite	GenBank登录号GenBank accession	序列长度Sequence length (bp)
普氏毛细线虫*Pearsonema plica*	KF836607	4367
管状胃瘤线虫*Eustrongylides tubifex*	PQ519610	945
伊格诺图斯胃瘤线虫*Eustrongylides ignotus*	GQ215524	1049
胃瘤线虫未定种*Eustrongylides* sp.	PP934748	903
普通胃瘤线虫*Eustrongylides excisus*	OP830361	870
藤本嗜子宫线虫*Philometra fujimotoi*	DQ076690	1300
棒头嗜子宫线虫*Philometra clavaeceps*	DQ076696	1291
前驼形线虫*Procamallanus signi*	HM545907	1288
杜父鱼驼形线虫*Camallanus cotti*	OM850429	759
平纳带巾线虫*Cucullanus pinnai pinnai*	OP942399	902
安德森氏针蛔线虫*Raphidascaris andersoni*	MK141032	927
马克罗里针蛔线虫*Raphidascaris macrouri*	KR232377	740
长刺针蛔线虫*Raphidascaris longispicula*	JN102362	941
简单异尖线虫*Anisakis simplex*	PP189872	970
伯兰异尖线虫*Anisakis berlandi*	MK325187	857
鲁道夫对盲囊线虫*Contracaecum rudolphii*	PV746210	772
鲁道夫对盲囊线虫B型 *Contracaecum rudolphii B Bullini*	OR263246	882
鲁道夫对盲囊线虫D型 *Contracaecum rudolphii D Bullini*	PV893033	876
鲁道夫对盲囊线虫A型 *Contracaecum rudolphii A Bullini*	OR263228	883
吉氏对盲囊线虫*Contracaecum gibsoni*	PP953634	811
有孔对盲囊线虫*Contracaecum osculatum*	PQ861054	1422
多乳突对盲囊线虫E *Contracaecum aff multipapillatum E*	ON723788	833
多乳突对盲囊线虫E *Contracaecum aff multipapillatum E*	OL830809	800
本地毛形线虫*Trichinella nativa*	KP307962	3521

2　结果

2.1　管状胃瘤线虫(*Eustrongylides tubifex*)形态

该虫为大型线虫, 呈线状, 中间粗壮, 两端渐细, 具有胃瘤线虫成虫的典型形态(图 1), 体长2.49—2.78 cm, 体中部宽2.68—3.88 mm; 神经环处体宽230—342 μm、神经环头端距48—78 μm (表 2)。体表角质层薄, 具有明显的横向环纹, 头端和尾端的环纹尤为清晰(图 2和图 3)。雌虫、雄虫头部形态一致, 头部顶端均有两圈唇乳突, 外圈乳突: 6个, 较大, 基宽, 顶端呈乳突状, 由两个侧唇乳突、两个亚腹唇乳突和两个亚背唇乳突组成。内圈乳突: 6个, 较小, 基窄, 顶端呈刺状, 排列方式与外圈一致, 内外圈的唇乳突间有散在的扁平乳突(图 2和图 4)。头部口腔狭窄、短, 被角质层覆盖。成熟雌虫的尾部末端可见肛门和乳突群, 光镜下可见其子宫, 阴门位于肛门末端(图 3); 成熟雄虫的尾部末端膨大呈肌肉质宫腔, 无缺口, 开口边缘凸起且角质层折边较小, 内部侧壁可见小凸起, 光镜下可见硬化交合刺从尾部伸出(图 5)。虫卵呈椭圆形、淡黄色、壁厚, 表面不规则。综上, 本研究胃瘤线虫特征: 头部有两圈唇乳突, 外圈唇乳突于内圈唇乳突, 雄虫尾部边缘有凸起且角质层折边较小, 卵壁厚且有多个凹陷, 该结果与Rautela等报道的管状胃瘤线虫的形态学一致, 因此, 经形态学鉴定为管状胃瘤线虫(*Eustrongylides tubifex*)。

2.2　序列分析

通过对管状胃瘤线虫进行测序, 将所得序列上传至GenBank数据库(登录号: PQ519610)。对获得的序列进行分析, 结果指出该序列为18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA, 其中18S rDNA(1—92 bp)为部分序列, ITS1-5.8S-ITS2 rDNA为完整序列, 位点分别位于93—495、496—595和596—927 bp, 28S rDNA为部分序列, 位点位于928—945 bp, 将该序列进行Blast比对, 结果显示该序列与伊格诺图斯胃瘤线虫(登录号: GQ215524)相似性为97.39%, 并与伊格诺图斯胃瘤线虫在ITS1 rDNA的400—479 bp区域均存在碱基缺失, 本研究虫体的18S-ITS1-5.8S-ITS2-

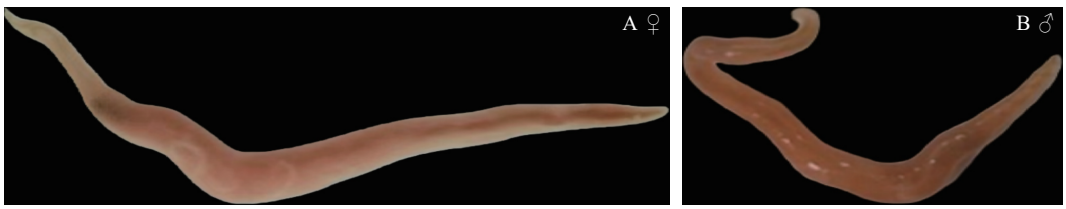


图 1　管状胃瘤线虫成虫雌虫(A)雄虫(B)外部形态

Fig. 1　Morphology of adult female (A) and male (B) of the *Eustrongylides tubifex*

28S rDNA序列与伊格诺图斯胃瘤线虫共有18个变异位点(图 6)。

2.3 线虫遗传距离分析

通过对管状胃瘤线虫(*E. tubifex*)的遗传距离进行分析, 结果指出该虫与胃瘤线虫、毛细线虫、嗜子宫线虫、驼形线虫和鲁道夫对盲囊线虫的遗传距离为0.017—1.844 (表 3)。管状胃瘤线虫与胃瘤线虫属的物种遗传距离相对较近, 与伊格诺图斯胃瘤线虫和普通胃瘤线虫遗传距离分别为0.017和0.202; 与普氏毛细线虫(*Pearsonema plica*)的遗传距离为1.013; 与藤本嗜子宫线虫(*Philometra fujimotoi*)遗传距离为1.013; 与鲁道夫对盲囊线虫D型(*Contracaecum rudolphii D*)的遗传距离为0.995。分子序列和遗传距离结果显示本研究线虫应隶属于胃瘤线虫属, 分子数据支持形态学结果。

表 2 管状胃瘤线虫成虫特征数据表

Tab. 2 Characteristic data of adult *Eustrongylides tubifex*

特征Feature	雌虫Female	雄虫Male
数目Number (n)	3	3
总长度Length (cm)	3.83(2.91—4.49)	2.82(2.78—2.82)
口长Lance length (μm)	24(21—27)	22.6(22—23)
神经环头端距Neural loop head-to-tail distance (μm)	68(65—78)	51(48—52)
神经环处体宽Neural ring body width (μm)	312(268—342)	253(230—274)
体中部宽度Midbody width (mm)	3.61(3.13—3.88)	2.76(2.68—2.74)
食管长Esophageal length (mm)	6.8(7.4—8.2)	6.3(6.0—6.4)

2.4 系统进化分析

基于24个鱼类线虫的18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA基因, 使用BI和ML方法构建系统发育树, 以线虫动物门(Nematoda)刺嘴纲(Enoplea)旋毛虫目(Trichinellida)旋毛虫科(Trichinellidae)旋毛虫属(*Trichinella*)中本地毛形线虫(*Trichinella nativa*)为外类群。结果如图 7所示, BI和ML方法构建的系统

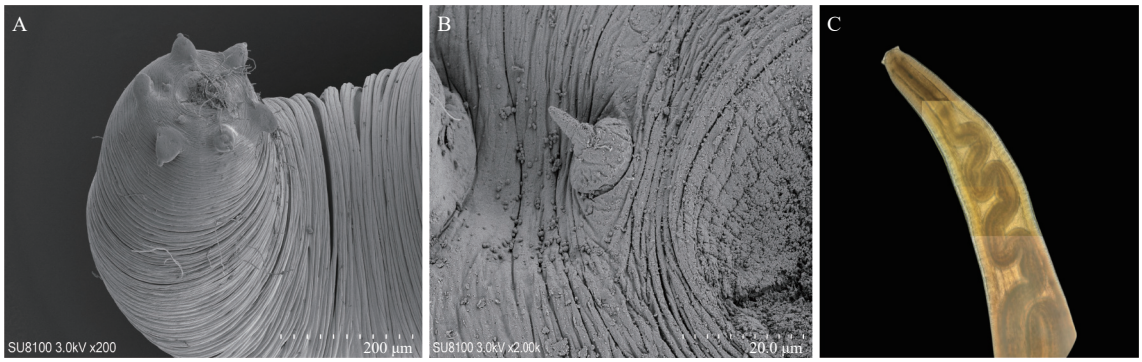


图 2 管状胃瘤线虫雌虫头端形态

Fig. 2 Morphological characteristics of the cephalic extremity of female *Eustrongylides tubifex*

A. 6个外圈乳突状唇乳突和6个内圈针状唇乳突(刻度尺 200 μm); B. 内圈针状唇乳突(刻度尺 20 μm); C. 虫体头部(10×)

A. Six outer ring papillary lip papillae and six inner ring needle-like lip papillae (scale bar=200 μm); B. Inner ring needle-like lip papillae (scale bar=20 μm); C. Cephalic extremity (10×)

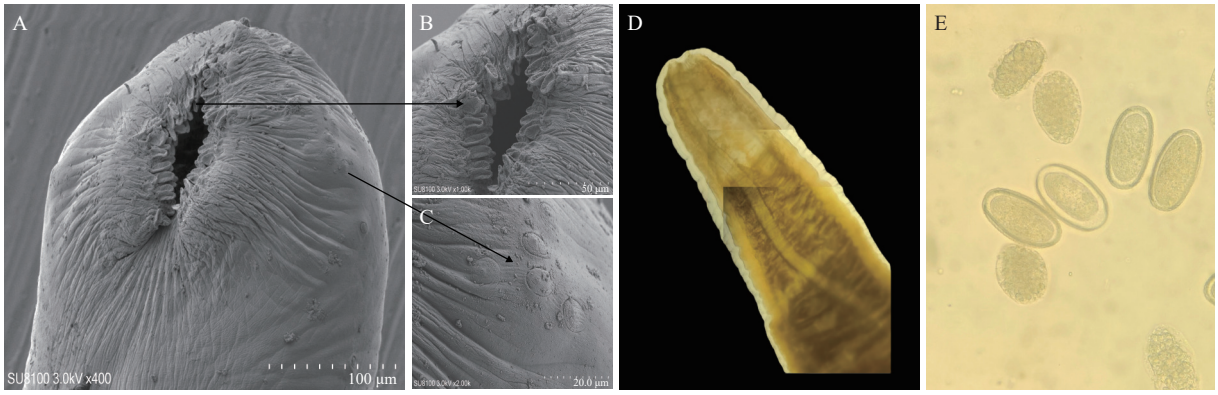


图 3 管状胃瘤线虫雌虫尾端形态

Fig. 3 Morphology of the caudal extremity of female *Eustrongylides tubifex*

A. 雌虫的尾部(刻度尺 100 μm); B. 尾部肛门(刻度尺 50 μm); C. 尾部凸起(刻度尺 20 μm); D. 虫体尾部(10×); E. 卵(100×)

A. Caudal extremity of the female (scale bar=100 μm); B. Anus (scale bar=50 μm); C. Protuberance on the caudal extremity(scale bar=20 μm); D. Caudal extremity (10×); E. Egg(100×)

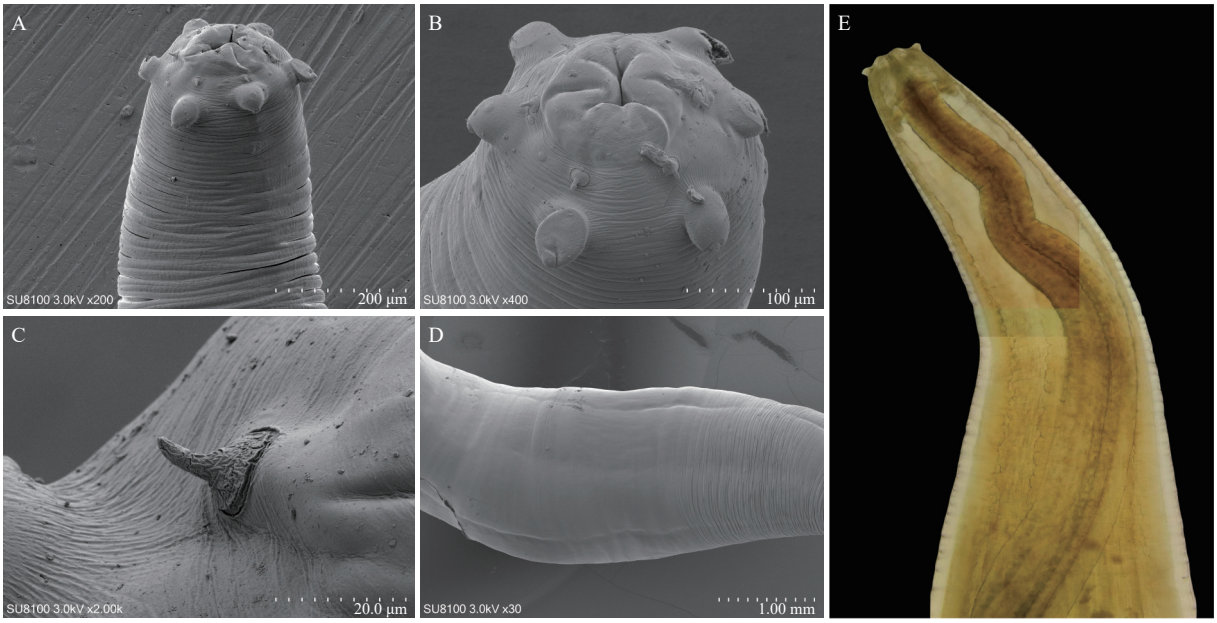


图 4　管状胃瘤线虫雄虫头端形态

Fig. 4　Morphology of the head end of male *Eustrongylides tubifex*

A和B. 6个外圈乳突状唇乳突和6个内圈针状唇乳突(图A刻度尺 200 μm, 图B刻度尺100 μm); C. 内圈针状唇乳突(刻度尺 20 μm); D. 线虫中部(刻度尺 1 mm); E. 虫体头部(10×)

A and B. Six outer ring nipple-like labial papillae and six inner ring needle-like labial papillae (Fig. A. scale bar=200 μm, Fig. B. scale bar=100 μm); C. Inner ring needle-like labial papillae (scale bar=20 μm); D. Mid-section of the *Eustrongylides tubifex* (scale bar=1 mm); E. Cephalic extremity (10×)

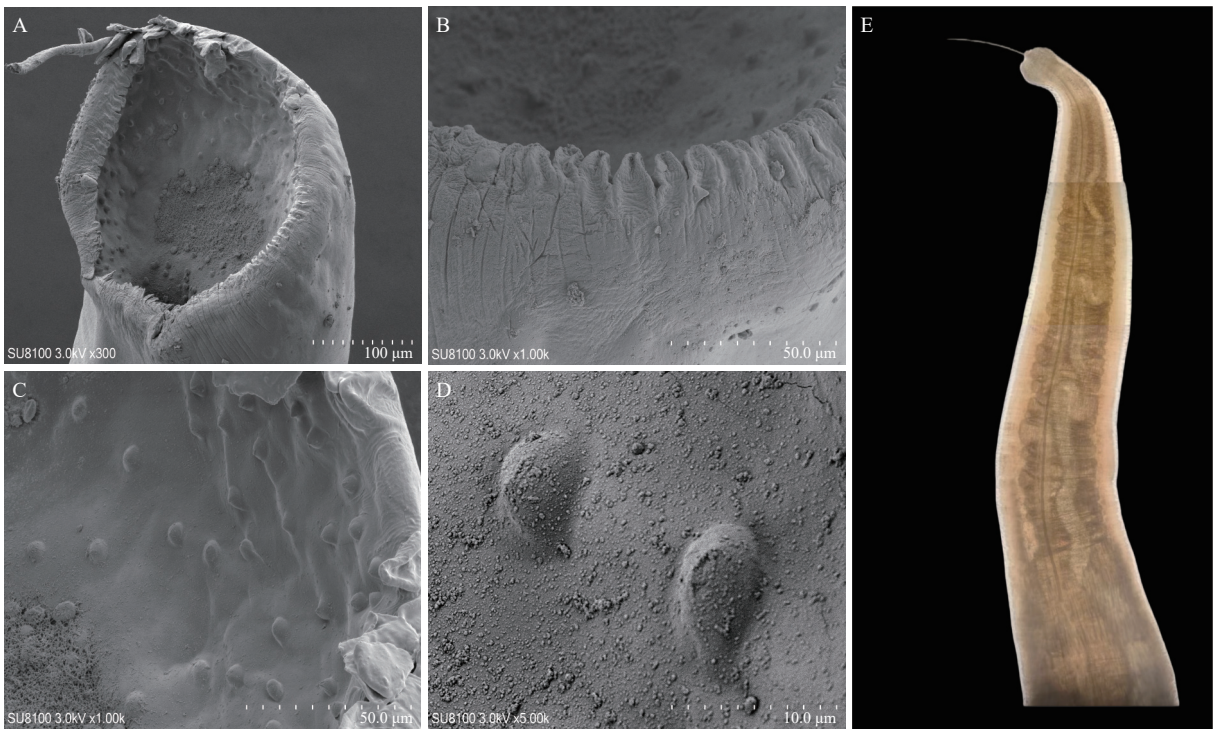


图 5　管状胃瘤线虫雄虫尾端形态

Fig. 5　Morphology of the caudal extremity of male *Eustrongylides tubifex*

A. 雄虫尾部(刻度尺100 μm); B. 内缘隆起和凸起边缘(刻度尺50 μm); C和D. 尾部内部侧壁和侧壁凸起(图C刻度尺50 μm, 图D刻度尺10 μm); E. 雄虫尾部(10×)

A. Caudal extremity of Male (scale bar=100 μm); B. Inner edge elevation and raised edger (scale bar=50 μm); C and D. Internal lateral wall of the copulatory bursa and small protrusions on the lateral wall (Fig. C. scale bar=50 μm, Fig. D. scale bar=10 μm); E. Caudal extremity of male (10×)

发育树较为相似, 所有分支均得到了较高的支持, 仅有部分节点的支持值存在微小差异。BI和ML的系统发育树指出本研究所用线虫共分为两个分支, 第一个进化支Clade Ⅰ由无尾觉器亚纲(Aphasmidia)中的毛细科(Capillariidae)和膨结科(Dioctophymidae)组成。本研究测定的管状胃瘤线虫与伊格诺图斯胃瘤线虫聚为一支, 普通胃瘤线虫和胃瘤线虫未定种聚为一支, 以上两个进化支互为姐妹支, 结果指出胃瘤线虫属的物种整体聚为一支, 为一个单系群, 随后又与毛细线虫属的普氏毛细线虫(*Pearsonema plica*)聚为一支(Clade Ⅰ)。进化支Clade Ⅱ由尾觉器亚纲(Phasmidia)中的嗜子宫科(Philometridae)、驼形科(Camallanidae)、带巾科(Cucullanidae)、针蛔虫科(Raphidascarididae)和异

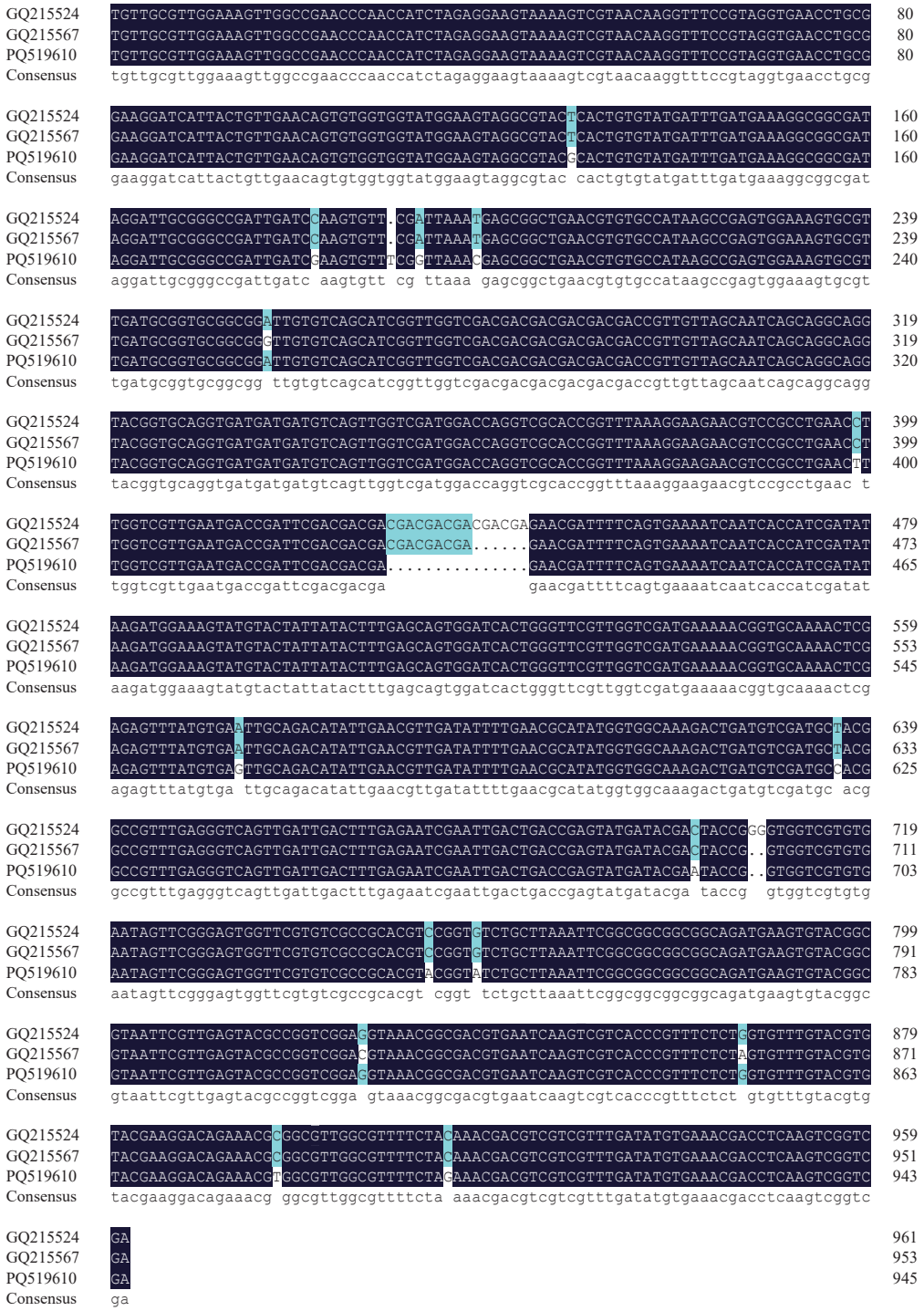


图 6 管状胃瘤线虫18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA序列对比

Fig. 6 Sequence alignment of 18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA sequences of *Eustrongylides tubifex*

表 3　基于18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA的线虫遗传距离分析

Tab. 3　Genetic distance analysis of nematodes based on 18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA

物种名Species name	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
管状胃瘤线虫*Eustrongylides tubifex.*																							
伊格诺图斯胃瘤线虫*Eustrongylides ignotus*	0.017																						
普通胃瘤线虫*Eustrongylides excisus*	0.202	0.207																					
胃瘤线虫未定种*Eustrongylides sp.*	0.199	0.204	0.002																				
藤本嗜子宫线虫*Philometra fujimotoi*	1.013	1.051	1.085	1.075																			
棒头嗜子宫线虫*Philometra clavaeceps*	1.070	1.097	1.136	1.133	0.651																		
前驼形线虫*Procamallanus sigani*	1.122	1.159	1.207	1.196	0.799	0.723																	
普氏毛细线虫*Pearsonema plica*	1.013	0.982	1.164	1.153	1.136	1.154	1.173																
杜父鱼驼形线虫*Camallanus cotti*	1.844	1.847	1.649	1.642	1.210	1.327	1.461	2.100															
平纳带巾线虫*Cucullanus pinnai pinnai*	0.976	1.003	1.085	1.087	0.788	0.805	0.735	0.978	1.575														
安德森针蛔线虫*Raphidascaris andersoni*	0.916	0.937	0.965	0.966	0.781	0.745	0.707	1.003	1.601	0.543													
马克罗里针蛔线虫*Raphidascaris macrouri*	1.037	1.068	1.098	1.100	0.818	0.729	0.706	1.077	1.425	0.510	0.263												
长刺针蛔线虫*Raphidascaris longispicula*	0.998	1.024	1.053	1.050	0.791	0.729	0.692	1.044	1.450	0.522	0.271	0.117											
简单异尖线虫*Anisakis simplex*	1.143	1.145	1.116	1.118	0.995	0.829	0.753	1.246	1.400	0.766	0.646	0.593	0.588										
伯兰异尖线虫*Anisakis berlandi*	1.150	1.152	1.109	1.111	0.988	0.829	0.748	1.238	1.410	0.771	0.650	0.597	0.592	0.004									
鲁道夫对盲囊线虫*Contracaecum rudolphii*	0.985	0.970	1.029	1.038	0.786	0.739	0.654	1.137	1.441	0.518	0.439	0.430	0.388	0.503	0.511								
鲁道夫对盲囊线虫D *Contracaecum rudolphii D*	0.995	0.979	1.039	1.048	0.798	0.746	0.631	1.148	1.426	0.522	0.430	0.413	0.374	0.499	0.506	0.019							
鲁道夫对盲囊线虫A *Contracaecum rudolphii A*	0.979	0.964	1.030	1.039	0.782	0.750	0.646	1.137	1.483	0.529	0.434	0.410	0.375	0.503	0.511	0.017	0.015						
鲁道夫对盲囊线虫B *Contracaecum rudolphii B*	0.987	0.971	1.030	1.039	0.787	0.738	0.655	1.147	1.444	0.517	0.438	0.431	0.388	0.499	0.506	0.002	0.017	0.015					
吉布森对盲囊线虫*Contracaecum gibsoni*	0.980	0.965	0.977	0.986	0.728	0.714	0.632	1.126	1.417	0.522	0.412	0.400	0.366	0.482	0.478	0.108	0.120	0.113	0.108				
有口对盲囊线虫*Contracaecum osculatum*	1.050	1.027	1.040	1.049	0.802	0.738	0.670	1.194	1.499	0.567	0.490	0.416	0.411	0.504	0.504	0.171	0.181	0.171	0.171	0.144			
多乳突对盲囊线虫E *Contracaecum aff multipapillatum E*	0.995	1.016	0.979	0.981	0.785	0.731	0.653	1.197	1.389	0.632	0.446	0.424	0.427	0.534	0.534	0.218	0.227	0.219	0.218	0.193	0.207		
多乳突对盲囊线虫E *Contracaecum aff multipapillatum E.*	0.995	1.016	0.979	0.981	0.785	0.731	0.653	1.197	1.389	0.632	0.446	0.424	0.427	0.534	0.534	0.218	0.227	0.219	0.218	0.193	0.207	0.000	
本地毛形线虫*Trichinella nativa*	1.102	1.113	1.030	1.039	0.979	1.132	1.029	1.740	1.487	1.205	1.197	1.126	1.122	1.314	1.314	1.000	1.004	1.010	0.989	0.948	0.976	1.080	1.080

尖科(Anisakidae)组成。

3 讨论

全世界已报道3个胃瘤线虫有效种, 分别为管状胃瘤线虫、伊格诺图斯胃瘤线虫和普通胃瘤线虫, 目前, 中国仅记录一种, 为伊格诺图斯胃瘤线虫(*E. ignotus*)。熊凡等[27]对我国中南部长江、珠江、闽江3个主要水系及其附近湖泊进行调查, 发现胃瘤线虫在闽江流域分布广泛, 并成功鉴定黄鳝体内的胃瘤线虫为伊格诺图斯胃瘤线虫(*E. ignotus*), 其形态主要特征为头部共有两圈唇乳突, 其中外圈为小唇乳突, 内圈为大唇乳突。在本研究中, 管状胃瘤线虫头部也有两圈唇乳突, 但外圈唇乳突大, 内圈唇乳突较小。此外, 该管状胃瘤线虫的雌性经第四期幼虫发育至成虫后, 平均体长增加19%, 平均体宽扩大了10倍, 以上原因可能与雌虫承担着更重要的生育功能有关[28]。

Fastzkie等[29]对绿头鸭(*Anas platyrhynchos*)进行了胃瘤线虫感染实验, 并从感染的绿头鸭体内成功获得6个雄性和10个雌性胃瘤线虫, 经鉴定为管状胃瘤线虫(*E. tubifex*), 并对其形态进行了再描述。Asakawa等[30]在日本神户市兵库县小鹞鹞(*Tachybaptus ruficollis*)的腺胃中也发现过胃瘤线虫, 通过电子显微镜观察指出该胃瘤线虫前端具有两圈唇乳突, 且外圈唇乳突显著大于内圈唇乳突, 这一形态特征与管状胃瘤线虫(*E. tubifex*)一致, 因此日本发现的胃瘤线虫也被鉴定为管状胃瘤线虫。本研究获取的胃瘤线虫成虫也表现出头部外圈唇乳突显著大于内圈乳的特征, 与Fastzkie等[21]、Asakawa等[30]获得的管状胃瘤线虫形态基本一致, 由此可见, 成虫头部内圈和外圈唇乳突大小一直是鉴定此物种的关键特征, 表明本研究胃瘤线虫为管状胃瘤线虫。本研究与已报道的管状胃瘤线虫的体长、食道长、最大体宽等形态数据中描述存在一定差异, 这可能与终末宿主的体型有关[27]。

近年来, 核糖体DNA的内转录间隔区(ITS, 包括ITS 1和ITS 2)一直作为寄生虫分类鉴定的分子标记[31, 32], 该基因在线虫中也得到了广泛应用, 例如许丹娜等[33]从陕西秦岭地区1只朱鹮(*Nipponia nippon*)的腺胃中分离到线虫, 并利用*ITS*基因将其鉴定到胃瘤线虫, 暂时命名为朱鹮胃瘤线虫(*Eustrongylides nipponianippon*)。杨日华等[34]对黄鳝体内感染的线虫进行了ITS序列分析, 也成功把黄鳝体内的线虫鉴定到胃瘤线虫属, 因该虫体为幼虫, 未能实现种级鉴定。本研究同样对细眼高原鳅体内的胃瘤线虫进行了18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA的测定, 支持其隶属于胃瘤线虫属, 但因缺乏一致性序列, 未能鉴定到种。这些结果表明, ITS基因虽可作为胃瘤线虫属鉴定的理想遗传标记, 但目前因胃瘤线虫有效种及其分析序列有限, 尚无明确的种间遗传阈值作为分子鉴定依据[26]。胃瘤线虫的幼虫形态极其相似, 种间鉴定仍需依赖成虫的形态特征, Jean等[29]的研究指出管状胃瘤线虫是胃瘤线虫属中唯一内圈唇乳突小于外圈唇乳突的物种, 而伊

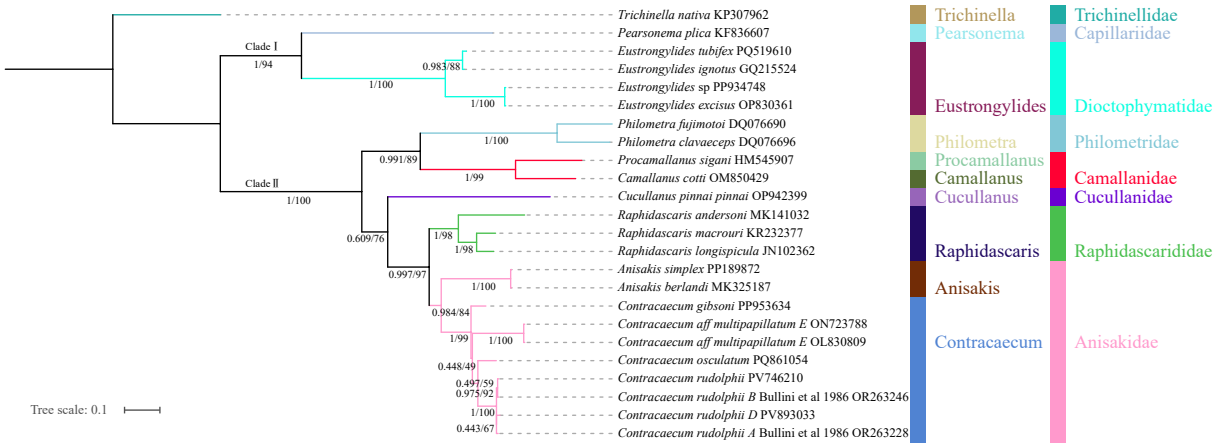


图 7 基于18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S数据并采用贝叶斯法和最大似然法构建的系统发育树

Fig. 7 Based on the 18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S data, phylogenetic trees were constructed using both Maximum Likelihood and Bayesian methods

贝叶斯树的支持度为后验概率, 以0—1区间小数呈现, ML树的支持度采用自举检验, 以百分比形式呈现, 图中所有分支节点均按: 贝叶斯后验概率/ML自举支持率的格式标注

The support values in the Bayesian tree are presented as posterior probabilities within the 0–1 range, while the support values in the ML tree are derived from bootstrap tests and displayed as percentages. In Fig. 7, all branch nodes are labeled in the format: Bayesian posterior probability/ML bootstrap support rate

格诺图斯胃瘤线虫和普通胃瘤线虫则表现出内圈唇乳突明显大于外圈; 在雄虫尾部结构上, 管状胃瘤线虫和普通胃瘤线虫的角质层折边均较小, 伊格诺图斯胃瘤线虫的角质层折边则较大; 此外, 普通胃瘤线虫雄虫尾部腹侧有一个显著的缺口, 该特征在管状胃瘤线虫和伊格诺图斯胃瘤线虫中均未观察到[35]。综上, 本研究首次在细眼高原鳅中采集到胃瘤线虫, 通过人工培育获得成虫, 该虫形态头部外圈唇乳突大于内圈唇乳突, 雄虫尾部边缘有凸起, 且角质层折边较小, 与Measures[36]的结果一致, 可鉴定为管状胃瘤线虫, 且分子系统进化关系结果支持其属级分类地位。

(作者声明本文符合出版伦理要求)

参考文献:

[1] Tang L, Zeng B P, Wang W B, *et al*. Cloning and Identification of NADH Dehydrogenase Subunit I in Two Species of Freshwater Fish *Eustrongylides* sp. [C]. 2013 Annual Conference of the China Society of Fisheries, Hefei, China, 2013: 20. [唐琳, 曾伯平, 王文彬, 等. 两种淡水鱼类胃瘤线虫NADH脱氢酶亚基 I 的克隆与鉴定 [C]. 2013年中国水产学会学术年会论文摘要集, 合肥, 2013: 20.]

[2] Di Maggio M, Coltraro M, Tinacci L, *et al*. Mapping the occurrence of *Eustrongylides* spp. in fish species caught from six lakes in Central Italy (Tuscany and *Latium* regions): Implications for local fishery supply chains [J]. *Heliyon*, 2024, **10**(9): e30733.

[3] Wang W B, Wang J R, Zeng B P, *et al*. Population biology of *Eustrongylides* sp. in the host finless eel *Monopterus albus* [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2004, **28**(5): 535-539. [王文彬, 王京仁, 曾伯平, 等. 黄鳝体内胃瘤线虫的种群生物学研究 [J]. 水生生物学报, 2004, **28**(5): 535-539.]

[4] Wu J Y. A report on a case of duck gastric tumor nematode disease caused by feeding fresh eel leftovers [J]. *Fujian Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2004, **26**(4): 27. [吴景央. 一起因饲用鲜鳝鱼下脚料引发鸭胃瘤线虫病的报告 [J]. 福建畜牧兽医, 2004, **26**(4): 27.]

[5] Zhou H C, Fan G L, Lin Q, *et al*. The pathological observations of crested ibi's *Eustrongyloides* sp. [J]. *Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry*, 2001, **29**(5): 27-29. [周宏超, 范光丽, 林青, 等. 朱鹮胃瘤线虫病的病理学观察 [J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2001, **29**(5): 27-29.]

[6] Shen S X. *Eustrongylides mergorum*, a new record of nematode in China [J]. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 1981, **6**(3): 242. [沈守训. 秋沙胃瘤线虫在我国的发现 [J]. 动物分类学报, 1981, **6**(3): 242.]

[7] Rautela A S, Malhotra S K. Nematode fauna of high altitude avian hosts in Garhwal Himalayan Ecosystems I. *Eustrongylides spinispiculum* n. sp. and revised key to the species of genus *Eustrongylides* Jagerskiold (1909) [J]. *Kisaengch'unghak Chapchi the Korean Journal of Parasitology*, 1984, **22**(2): 242-247.

[8] Xiong F. Study on life history, harm and host specificity of gastric cancer nematode [D]. Wuhan: Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, 2009. [熊凡. 胃瘤线虫的生活史、危害及宿主特异性研究 [D]. 武汉: 中国科学院水生生物研究所, 2009.]

[9] Editorial Committee of Fauna Sinica, Chinese Academy of Sciences, Zhu Y D. Fauna Sinica [M]. Beijing: Science Press, 2001. [中国科学院中国动物志编辑委员会主编. 朱元鼎等编著. 中国动物志-圆口纲 软骨鱼纲 [M]. 北京: 科学出版社, 2001.]

[10] Morey G A M, Rojas C A T, Marin G A R, *et al*. Occurrence of *Eustrongylides* sp. (Nematoda: Dioctophymatidae) in fish species collected in the Peruvian Amazonia and its implications for public health [J]. *Acta Parasitologica*, 2022, **67**(3): 1432-1439.

[11] Fusco M A, de Sousa Rizzo-Valente V, Vizzoni V F, *et al*. An outbreak of the nematode parasite *Eustrongylides* spp. (Nematoda: Dioctophymatidae) in a zebrafish (*Danio rerio*) facility [J]. *Zebrafish*, 2023, **20**(3): 126-130.

[12] Peng B, Chen X L, Yang G Y, *et al*. Investigation on helminth infections in monopterusalbusin Sichuan Province [J]. *Progress in Veterinary Medicine*, 2014, **35**(12): 164-167. [彭彬, 陈晓利, 杨光友, 等. 四川省黄鳝体内寄生蠕虫感染状况调查 [J]. 动物医学进展, 2014, **35**(12): 164-167.]

[13] Shuai Y, Zhou Y, Yi P, *et al*. Case Report: The first record of *Eustrongylides* sp. infection in the Chinese Alligator (*Alligator sinensis*) [J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2025(12): 1579738.

[14] Morey G A M, Llanos S G R, Chu L A R, *et al*. Zoonotic parasites in Hoplosternum littorale acquired in the market of santa Clara, in the city of Iquitos, Loreto-Peru [J]. *Acta Parasitologica*, 2025, **70**(2): 78.

[15] Campião K M, da Luz Rico J A, de Souza Monteiro G, *et al*. High prevalence and concomitant infection of *Ranavirus* and *Eustrongylides* sp. in the invasive American Bullfrog in Brazil [J]. *Parasitology International*, 2024(100): 102875.

[16] Oliveira M C, Ferreira-Silva C, Silva R J, *et al*. Water snakes have a high diversity of parasites in anthropized environments [J]. *Urban Ecosystems*, 2024, **27**(5): 1435-1449.

[17] Zaharieva R G, Zaharieva P G, Kirin D A. Ecological study on helminths of three species of Gobiidae from the Danube River, Bulgaria [J]. *Helminthologia*, 2023, **60**(1): 63-72.

[18] Franceschini R, Guardone L, Armani A, *et al*. Five-years management of an emerging parasite risk (*Eustrongylides*

sp., Nematoda) in a fishery supply chain located on Trasimeno Lake (Italy) [J]. *Food Control*, 2022(136): 108858.

[19] Garrido-Olvera L, García-Prieto L, Osorio-Sarabia D, *et al*. Parasites with zoonotic potential found in commercially important fish in Tamaulipas, Northeastern Mexico [J]. *Parasitology International*, 2022(88): 102550.

[20] Cen J, Xia N B, Luo X, *et al*. Study on biological characteristics of eustrongyloides from eel in Hunan Province [J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2014, **41**(5): 244-247. [岑静, 夏宁波, 罗旭, 等. 湖南省黄鳝源胃瘤线虫生物学特性研究 [J]. 中国畜牧兽医, 2014, **41**(5): 244-247.]

[21] Huang H C, Wang Z Y, Lin J, *et al*. Polymorphism of the mitochondrial cox1 gene of *Eustrongylides* spp. from *Monopterus albus* [J]. *Journal of Southwest University (Natural Science Edition)*, 2016, **38**(5): 7-12. [黄汉成, 王芝英, 林洁, 等. 黄鳝胃瘤线虫线粒体cox1基因的多态性研究 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2016, **38**(5): 7-12.]

[22] Jia X X, Lu H D, Zhang X J, *et al*. PCR analysis and morphology of the fourth-stage larvae of *Eustrongylides ignotus* and histopathology of two infected fishes in freshwater lake [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2019, **26**(5): 971-983. [贾相相, 陆宏达, 张小俊, 等. 寄生于两种湖泊淡水鱼的伊格诺图斯胃瘤线虫Ⅳ期幼虫PCR分析、形态结构和组织病理 [J]. 中国水产科学, 2019, **26**(5): 971-983.]

[23] Xia S Z, Zhang L, Yang Y Y, *et al*. Population dynamics and distribution of *Eustrongylides* sp. in *Triplophysa microphthalm* [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2025, **49**(7): 072505. [夏深圳, 张丽, 杨圆圆, 等. 细眼高原鳅寄生胃瘤线虫的种群动态及分布模式研究 [J]. 水生生物学报, 2025, **49**(7): 072505.]

[24] Xiong F, Li W X, Wu S G, *et al*. Molecular phylogeny and host specificity of the larval *Eustrongylides* (Nematoda: Dioctophmidae) from freshwater fish in China [J]. *The Journal of Parasitology*, 2013, **99**(1): 137-144.

[25] Zhang D, Gao F, Jakovlić I, *et al*. PhyloSuite: an integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2020, **20**(1): 348-355.

[26] Zhao D, Ye T, Gao F L, *et al*. PhyloSuite v2: The development of an all-in-one, efficient and visualization-oriented suite for molecular dating analysis and other advanced features [J]. *iMeta*, 2025, e70095.

[27] Xiong F, Wang G T, Wu S G, *et al*. Development of *Eustrongylides ignotus* (Nematoda: Dioctophmida) in domestic ducks (*Anas platyrhynchos* domestica (L.)) [J]. *The Journal of Parasitology*, 2009, **95**(5): 1035-1039.

[28] Berland R, Wortis H H. Origins and functions of B-1 cells with notes on the role of CD5 [J]. *Annual Review of Immunology*, 2002(**20**): 253-300.

[29] Jean Sprinkle Fastzkie J L C. A redescription of *Eustrongylides tubifex* (Nitzsch 1819) Jägerskiöld 1909 (Nematoda: Dioctophymatidae) from mallards (*Anas platyrhynchos*) [J]. *The Journal of Parasitology*, 1977, **63**(4): 707-712.

[30] Asakawa M, Kimoto Y, Murata K. First record of *Eustrongylides tubifex* (Dioctophymatidae) from little grebe, *Tachybaptus ruficollis* in Japan [J]. *Journal of Veterinary Medical Science*, 1997, **59**(10): 955-956.

[31] Gardes M, Bruns T D. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-application to the identification of mycorrhizae and rusts [J]. *Molecular Ecology*, 1993, **2**(2): 113-118.

[32] Duan L C, Liu W, He X, *et al*. Cloning and Sequence analysis of ITS and 5.8S rDNA of *Eustrongylides* sp. in *Monopterus albus*: Eleventh Conference of Chinese Society of Veterinary Parasitology [C]. Wuhan, Hubei, China, 2011, 332. [段柳春, 刘伟, 何鑫, 等. 黄鳝胃瘤线虫ITS及5.8S rDNA的克隆及序列分析: Eleventh Conference of Chinese Society of Veterinary Parasitology [C]. 中国湖北武汉, 2011, 332.]

[33] Xu D N, Li J Y, Guo R H, *et al*. Identification of *Eustrongylides* sp. from stomach of *Nipponia nippon* [J]. *Progress in Veterinary Medicine*, 2025, **46**(4): 95-99. [许丹娜, 李京宇, 郭如海, 等. 朱鹮源胃瘤线虫的鉴定 [J]. 动物医学进展, 2025, **46**(4): 95-99.]

[34] Yang R H, Tian H F, Zou L S, *et al*. Polymorphism of the internal transcribed spacer sequences of *Eustrongylides* spp. in *Monopterus albus* [J]. *Acta Parasitologica et Medica Entomologica Sinica*, 2025, **32**(1): 60-64. [杨日华, 田焕福, 邹林森, 等. 黄鳝胃瘤线虫ITS序列的多态性研究 [J]. 寄生虫与医学昆虫学报, 2025, **32**(1): 60-64.]

[35] Donald F Coyner M G S. Epizootiology of *Eustrongylides ignotus* in *Florida*: transmission and development of larvae in intermediate hosts [J]. *The Journal of Parasitology*, 2003, **89**(2): 290-298.

[36] Measures L N. Revision of the genus *Eustrongylides* Jagerskiold, 1909 (Nematoda: Dioctophymatoidea) of piscivorous birds. [J]. *Canadian Journal of Zoology.*, 1988, **66**(4): 885-895.

MORPHOLOGICAL REDESCRIPTION AND MOLECULAR DETERMINATION OF *EUSTRONGYLIDES TUBIFEX*, A NEWLY RECORDED NEMATODE SPECIES IN CHINA

XIA Shen-Zhen[1], SUN He[1], YANG Yuan-Yuan[1], LI Zhi-Heng[1], MA Yu-Lan[1], LIU Fang[1], YANG Yu-Meng[1], SHI Wei-Qi[1], YUE Cheng[1], HAO Cui-Lan[1, 3] and GUO Wei[2, 4]

(1. *College of Veterinary Medicine*, *Xinjiang Agricultural University*, *Urumqi* 830052, *China*; 2. *College of Life Sciences*, *Xinjiang Agricultural University*, *Urumqi* 830052, *China*; 3. *Xinjiang Key Laboratory of New DrugResearch and Development for Herbivores*, *Urumqi* 830052, *China*; 4. *Xinjiang Key Laboratory of Biological Ecological Adaptation and Evolution of Extreme Environments*, *Urumqi* 830052, *China*)

Abstract: This study aimed to identify the species of the larval *Eustrongylides* sp. nematodes parasitizing the intestine of *Triplophysa microphthalmus* in the Dacao Lake of Turpan area, Xinjiang, the adult *Eustrongylides* through experimental infection of domestic ducks. The parasites were identified based on morphological observation and molecular analysis of the internal transcribed spacer (ITS) sequence. The results indicated that the morphological characteristics of the obtained worms were consistent with *Eustrongylides tubifex*, including larger outer labial papillae compared to inner ones, raised margins on the male tail with smaller cuticular folds, and thick-walled eggs with multiple depressions. Molecular analysis of the 18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S rDNA sequence (945 bp) revealed the highest similarity (97.39%) and the closest genetic distance (0.017) to *Eustrongylides ignotus* (GenBank: GQ215524). This study represents the first report of *Eustrongylides tubifex* in *Triplophysa microphthalmus* in China, which contributing to the understanding of the intermediate host range of *Eustrongylides* and providing fundamental data for the prevention and control of eustrongylidosis.

Key words: Morphology; ITS rDNA; New record; *Eustrongylides tubifex*

数据库(集)基本信息简介	
数据库(集)名称	管状胃瘤线虫形态
数据库(集)作者	夏深圳, 孙赫, 杨圆圆, 李志恒, 马玉兰, 柳方, 杨钰盟, 时伟琦, 岳城
数据库(集)通信作者	郝翠兰 (E-mail:haocuilan@126.com), 郭威 (E-mail:guowei612@xjau.edu.cn）
数据时间范围	2024年06月10日至2025年10月09日
文件大小	74.56 MB
数据格式	ppt
数据链接(ScienceDB)	https://www.scidb.cn/detail dataSetId=cd2cfc738f4d4b87b01c3de5d06cbf1a#detail_start