

Liu C X, Xu W X, Song J S, *et al.* Morphological and molecular phylogenetic study of two oxytrichid ciliates from the middle and lower reaches of the Yangtze River [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2026, 50(3): 032614. [刘晨旭, 许文欣, 宋京顺, 等. 长江中下游两种尖毛虫的形态学与分子系统发育研究 [J]. 水生生物学报, 2026, 50(3): 032614.]

数据论文

长江中下游两种尖毛虫的形态学与分子系统发育研究

刘晨旭^{1,2*} 许文欣^{2*} 宋京顺^{1,2} 黄洁² 罗晓甜²

(1. 大连海洋大学水产与生命学院, 大连 116023; 2. 中国科学院水生生物研究所湖泊与流域水安全
全国重点实验室, 武汉 430072)

摘要: 本研究综合利用活体观察、蛋白银染色和核糖体小亚基DNA (SSU rDNA)序列分析等方法, 对采自武汉东湖和荆州洪湖养殖鱼塘的两种腹毛类纤毛虫, 印度原毛虫*Architricha indica* Gupta *et al.*, 2006和原始厚膜虫*Crassohymena primicirrata* (Berger & Foissner, 1987) Omar *et al.*, 2025, 进行了形态学及系统学研究。其中原始厚膜虫为中国新记录种, 印度原毛虫为华中地区新记录种。本研究新采集的印度原毛虫武汉种群与已报道的印度原始种群及上海种群在活体形态、皮层颗粒特征、额-腹-横棘毛模式、缘棘毛数目(3列右缘和2列左缘)和背触毛模式(4列背触毛和2列背缘触毛)上高度一致。但武汉种群表现出更广的形态变异范围: 口后腹棘毛数目(1—5 vs. 3); 横棘毛数目(4—6 vs. 5)。此外, 武汉种群体型较大[(150—180) μm $\times$ (50—80) μm vs. 印度种群140 μm , 上海种群(100—140) μm $\times$ (30—40) μm]。尽管存在这些差异, 但三个种群的关键特征参数范围存在重叠, 应视为种内差异。原始厚膜虫的洪湖种群在第4列背触毛长度和小核数目等特征上与奥地利种群一致, 但是与韩国种群存在一定差异, 补充了该物种在不同地理分布区间的形态多样性信息。分子系统学结果进一步支持了这两个种的分类鉴定: 印度原毛虫武汉种群与上海种群的SSU rDNA序列相似度为99.76%, 仅有4个碱基差异, 两者在系统发育树中稳定地聚在一起; 原始厚膜虫洪湖种群与两个韩国种群的SSU rDNA序列完全一致, 三者系统发育树中稳定地聚为一支。通过形态学重描述和分子序列分析, 丰富了尖毛虫科Oxytrichidae Ehrenberg, 1830的系统分类信息, 同时为认识长江中下游淡水湿地纤毛虫的区域分布格局和多样性提供了新的证据。

关键词: 形态学; 系统发育; SSU rDNA; 淡水纤毛虫

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2026)03-032614-12

doi: 10.3724/1000-3207.2025.2025.0305 **CSTR:** 32229.14.SSSWXB.2025.0305



纤毛虫(Ciliophora)是原生动物中结构复杂、多样性极高的类群之一^[1], 广泛分布于海水、淡水、土壤等多种生境, 可营底栖、周丛或浮游生活。纤毛虫食性多样, 以细菌、藻类、有机碎屑或其他原生动物为食, 同时又是轮虫、小型甲壳类的优良饵料。在微食物网中, 纤毛虫占有重要的生态

地位, 可维持生态系统中物质的循环与能量流动, 并在水质监测和净化方面发挥着重要的作用^[2-5]。

腹毛亚纲(Hypotrichia)纤毛虫是纤毛门中结构最为复杂、特化程度最高的分类阶元。腹毛亚纲纤毛虫通常背腹扁平, 少数种类虫体呈圆柱状。其纤毛器高度特化: 腹面特化为成簇的棘毛(用于支

收稿日期: 2025-09-05; **修订日期:** 2025-10-14

基金项目: 国家自然科学基金(32370475); 中国科学院生物分类学科学家岗位(CAS-TAX-24-037)资助 [Supported by the National Natural Science Foundation of China (32370475); the Biological Taxonomist, Chinese Academy of Sciences (CAS-TAX-24-037)]

作者简介: 刘晨旭, 硕士研究生; 研究方向为淡水湿地纤毛虫多样性。E-mail: liuchenxu@ihb.ac.cn 许文欣, 特别研究助理; 研究方向为腹毛亚纲纤毛虫多样性。E-mail: xuwenxin@ihb.ac.cn *共同第一作者

通信作者: 罗晓甜, 副研究员; 研究方向为纤毛虫多样性。E-mail: luoxiaotian@ihb.ac.cn

撑和爬行)和口区的小膜状结构(用于捕食);背面退化为短的背触毛。此外,该类群的纤毛图式呈现出极高的多样性^[6-12]。其中,尖毛虫科(Oxytrichidae)是腹毛亚纲中包含物种数最多的科级阶元之一,已报道的物种超过200种^[13-16]。

自20世纪80年代末期以来,我国研究者对海水、淡水及土壤等多种生境中的腹毛亚纲纤毛虫开展了较为系统的区系调查及系统进化研究。然而,相关研究多集中在微山湿地、白洋淀湿地等典型淡水区域,针对长江中下游地区的淡水腹毛亚纲纤毛虫的研究仍较为欠缺^[17-23]。

本研究对采自武汉东湖和荆州洪湖养殖鱼塘的两种淡水尖毛类纤毛虫利用活体观察、蛋白银染色技术、标记基因测序手段,开展了形态学和系统发育学研究,提供了详细的形态学描述、显微图像资料及SSU rDNA序列,并探讨了其系统发育地位。本工作丰富了对长江中下游淡水湿地腹毛亚纲纤毛虫物种多样性的认知,并为我国纤毛虫多样性研究和标记基因库的完善做出了贡献。

1 数据采集和处理方法

1.1 数据采集地描述

印度原毛虫(*Architricha indica*)采集自湖北省武汉市东湖(表1);原始厚膜虫(*Crassohymena primicirrata*)采集自湖北省荆州市洪湖养殖鱼塘(表2)。

1.2 数据标本采集与培养

通过直接采集湖水/鱼塘水的方法将样本取回

表1 印度原毛虫采样点基本信息

项目Item	信息内容Information content
采样点地理位置Sampling site location	武汉市东湖Lake Donghu, Wuhan
采样点经纬度Longitude and latitude of sampling site	30°33'38"N; 114°19'10"E
采样点海拔Elevation of sampling site	25.3 m
采样时水温Water temperature at sampling time	5℃
采样时间Sampling time	2019.2.21

表2 原始厚膜虫采样点基本信息

Tab. 2 Basic information of sampling site for *Crassohymena primicirrata*

项目Item	信息内容Information content
采样点地理位置Sampling site location	荆州市洪湖养殖鱼塘Honghu Aquaculture Pond, Jingzhou
采样点经纬度Longitude and latitude of sampling site	29°49'50"N; 113°19'46"E
采样点海拔Elevation of sampling site	70.1 m
采样时水温Water temperature at sampling time	8.5℃
采样时间Sampling time	2021.4.16

后,首先将采集回来的原位水(含有目标纤毛虫及各种藻类)分装至培养皿中,于室温(约20℃)下培养。为了获得无污染的单一物种培养株系,取若干目标虫体置于含法国富维克矿泉水的培养皿中进行纯培养,添加大米粒以促进细菌增殖(细菌为纤毛虫的主要食物)。

1.3 形态数据采集

用蔡司AxioPlan 2成像显微镜,100—1000倍放大倍数下,通过明场和微分干涉对活体细胞进行观察和测量。采用Bouin固定液固定细胞,再进行蛋白银染色,以显示纤毛图式和细胞核结构^[24]。蛋白银粉末的制备方法参照Pan等^[25]。绘图以显微照片为模板,使用Adobe Photoshop软件完成处理。名词术语主要参照Berger^[13]、Song和Xu^[26],分类系统参照Lynn^[27]。

1.4 分子数据采集与处理

利用微吸管分离出单只印度原毛虫及原始厚膜虫细胞,使用蒸馏水将其清洗5次。按照说明书流程,用DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Hilden, Germany)提取基因组DNA。使用通用引物18S-F (5'-ACCTGGTTGATCCTGCC-3')和18S-R (5'-GATCCTTCTGCAGGTTTCAC-3')^[28]扩增SSU rDNA序列。聚合酶链式反应(PCR)使用Q5[®] Hot Start High-Fidelity 2X Master Mix DNA聚合酶,反应程序为:98℃初始变性30s;随后进行35个循环的扩增(98℃, 10s; 58℃, 20s; 72℃, 1min);最后72℃延伸2min。PCR扩增产物经1%琼脂糖凝胶电泳检测后,送至武汉擎科生物科技有限公司武汉分公司完成双向测序,序列拼接后提交至GenBank数据库。

系统发育分析使用55条SSU rDNA序列(53条来自GenBank数据库,2条为本实验研究新获得),其中51条是腹毛亚纲代表性物种序列。2条寡毛亚纲:侧扁急游虫(*Strombidium apolatum*)、东方新游虫(*Novistrombidium orientale*)和2条环毛亚纲:小近拟盗虫(*Parastrombidinopsis minima*)、尖尾拟盗虫(*Strombidinopsis acuminata*)序列作为外类群。上述序列使用MAFFT程序进行序列比对,参数设置默认,然后使用Bioedit v.7.0两端截平比对区域。利用IQ-TREE v.2.0软件构建最大似然(Maximum likelihood, ML)树,选择GTR+I+G模型,节点置信值来自10000迭代重复抽样^[29]。贝叶斯树(Bayesian inference, BI)利用MrBayes on XSEDE v3.2.7a软件构建^[30],选择GTR+I+G模型^[29],MCMC模拟运行10000000代,每100代取样1次,前10000棵树舍弃,剩余的树用来计算后验概率。使用MEGA 11软件调整树形^[31]。

2 数据样本描述

2.1 形态学描述

印度原毛虫 *Architricha indica* Gupta et al., 2006 (图 1 和表 3)

活体大小(150—180) $\mu\text{m} \times$ (50—80) μm , 长宽

比为3:1; 蛋白银染色后大小约(113—163) $\mu\text{m} \times$ (50—88) μm (表 4)。虫体长椭圆形, 两端钝圆, 背腹扁平 (图 1C)。虫体柔软但不具有伸缩性。伸缩泡靠近虫体左缘位于虫体约前1/3处 (图 1D)。细胞质无色, 细胞质中有许多不规则晶体颗粒和食物泡, 食物泡中有细菌等食物, 使虫体在低倍镜下呈黑色

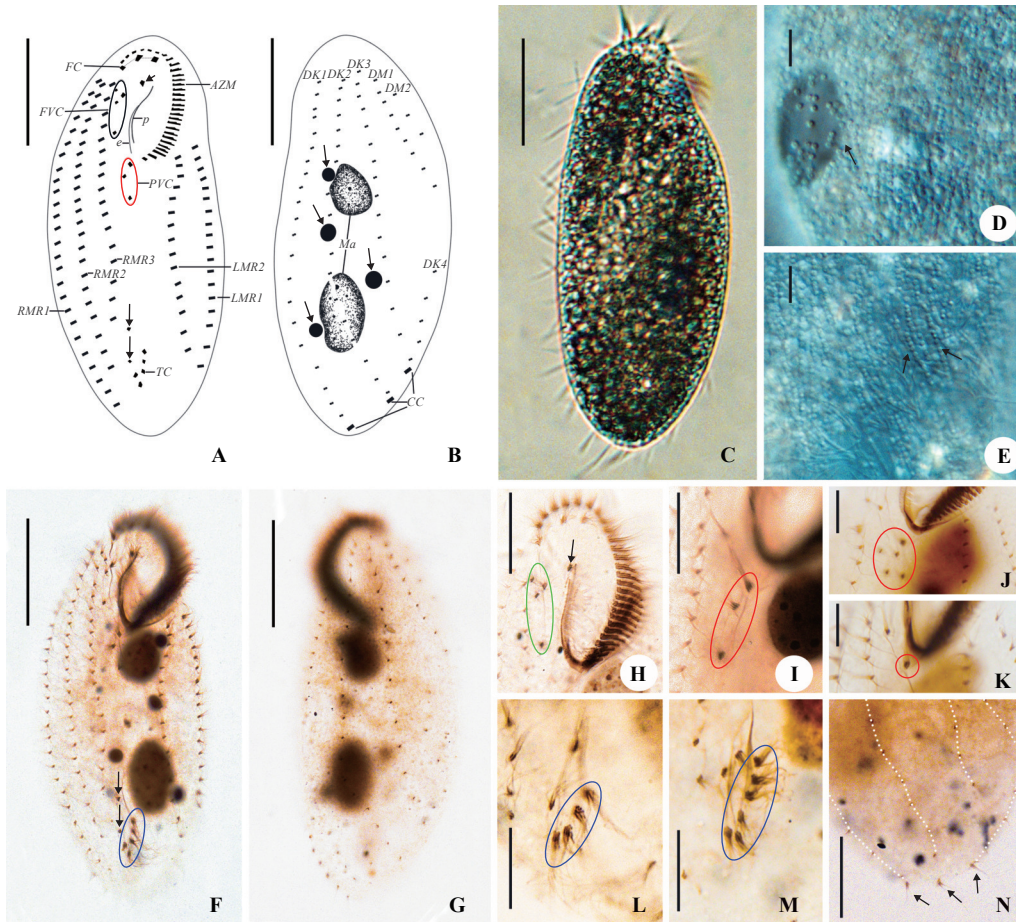


图 1 印度原毛虫的纤毛图式(A、B)、活体照片(C, 明视野; D、E, 微分干涉)以及蛋白银染色照片(F—N)

Fig. 1 Infraciliature (A and B), photomicrographs of living cells (C, bright field; D and E, differential interference contrast), and after protargol-stained preparations (F—N) of *Architricha indica*

A、B. 代表个体的腹面(A)和背面(B)观, 示纤毛图式及核器, 无尾箭头示口棘毛, A中箭头示横前腹棘毛, B中箭头示小核; C. 典型个体的腹面观, 示虫体形状; D. 背面观, 示皮层颗粒, 箭头示伸缩泡; E. 腹面观, 箭头示皮层颗粒排布; F、G. 同一个体腹面(F)和背面(G)观, 示纤毛图式和核器, 箭头示横前腹棘毛, 圈内示横棘毛; H. 前部腹面观, 示额区, 箭头示口棘毛, 圈内示额腹棘毛; I—K. 中部腹面观, 展示数目多变的口后腹棘毛(圆圈所示); L、M. 后部腹面观, 圈内示4根(L)和6根(M)横棘毛; N. 背面观, 示背触毛及尾棘毛(箭头). AZM. 口围带; CC. 尾棘毛; DK. 背触毛列; DM. 背缘触毛列; e. 口内膜; FC. 额棘毛; FVC. 额腹棘毛; LMR. 左缘棘毛列; Ma. 大核; p. 口侧膜; PVC. 口后腹棘毛; RMR. 右缘棘毛列; TC. 横棘毛; 比例尺=40 μm (A—C、F、G), 20 μm (H—N), 10 μm (D、E)

A, B. Ventral (A) and dorsal (B) views of a representative specimen, showing infraciliature and nuclear apparatus, arrowhead marks the buccal cirrus, arrows in A indicate pretransverse ventral cirri, arrows in B indicate micronuclei; C. Ventral view of a typical individual, to show the body shape; D. Dorsal view, showing cortical granules, arrow indicates the contractile vacuole; E. Ventral view, arrows show the distribution of cortical granules; F, G. Ventral (F) and dorsal (G) views of a representative specimen to display the infraciliature and nuclear apparatus, arrows indicate pretransverse ventral cirri, transverse cirri in circle; H. Ventral view of the anterior region, illustrating the frontal area; arrow points to the buccal cirri, frontal ventral cirri in circle; I—K. Ventral views of the middle region, showing the variable number of the postoral ventral cirri; L, M. Ventral views of the posterior region, to show individual with four (L) and six (M) transverse cirri; N. Dorsal view, showing dorsal kineties and caudal cirri (arrows). AZM. adoral zone of membranelles; CC. caudal cirri; DK. dorsal kineties; DM. dorsomarginal kineties; e. endoral membrane; FC. frontal cirri; FVC. frontal ventral cirri; LMR. left marginal row; Ma. macronuclear nodules; p. paroral membrane; PVC. postoral ventral cirri; RMR. right marginal row; TC. transverse cirri; Scale bars=40 μm (A—C, F, G), 20 μm (H—N), 10 μm (D, E)

(图 1C), 皮膜坚实, 皮层颗粒无色透明, 球状, 中间有一凹陷, 直径约 1.0—1.2 μm , 呈线性排列 (图 1D 和 1E)。2枚椭圆球状大核, 1—4枚小核, 小核蛋白银染色后直径约 5—9 μm 。运动较快, 通常在培养皿底部爬行, 游泳时绕体长轴螺旋前进。

口围带染色后约占体长的 32%, 含有 26—31 片小膜。波动膜为尖毛虫属 (*Oxytricha*) 模式, 口侧膜位置靠前并与口内膜几乎等长。额-腹-横棘毛通常由 18 根棘毛组成: 3 根明显粗大的额棘毛; 1 根口棘毛位于口侧膜顶部右侧 (图 1H); 4 根额腹棘毛,

IV/3 距其他三根棘毛较远 (图 1H); 通常 3 根口后腹棘毛, 最前端棘毛紧靠口区下方 (图 1I), 少数个体具有 5 根口后腹棘毛 (占统计个体的 2/26; 图 1J) 或 1 根口后腹棘毛 (占统计个体的 1/26; 图 1K); 2 根横前腹棘毛, 稍前于横棘毛, 明显与口后腹棘毛分离 (图 1A 和 1F); 通常 5 根横棘毛呈“V 形”排列 (图 1F), 极少数个体具有 4 根横棘毛 (占统计个体的 1/26; 图 1L) 或 6 根横棘毛 (占统计个体的 1/26; 图 1M); 3 列右缘棘毛和 2 列左缘棘毛, 终止于虫体亚末端, 左右缘棘毛不相交 (图 1A 和 1F)。4 列背触毛, 第 1、第 2 列背

表 3 印度原毛虫形态计量学特征 (数据来自蛋白银染色标本)

Tab. 3 Morphometric characteristics of *Architricha indica* (data based on protargol-stained specimens)

特征 Characteristic	最小值 Min	最大值 Max	平均值 Mean	中值 Med	标准差 SD	变异系数 CV (%)	样本数 <i>n</i>
体长 Body length (μm)	113	163	134.7	132	13.4	10.0	27
体宽 Body width (μm)	50	88	67.6	65	9.1	13.5	27
体长/体宽 Body length/Body width, ratio (%)	168	247	201.0	198	0.2	11.9	27
口区长 Adoral zone length (μm)	35	52	42.9	43	4.1	9.5	27
口区长/体长 Adoral zone length/Body length, ratio (%)	25	36	32.0	32	0.0	8.5	27
口围带小膜数目 Adoral membranelles, number	26	31	28.6	28	1.3	4.5	27
额棘毛数 Frontal cirri, number	3	3	3.0	3	0.0	0.0	27
口棘毛数目 Buccal cirri, number	1	1	1.0	1	0.0	0.0	27
额腹棘毛数目 Frontal ventral cirri, number	4	4	4.0	4	0.0	0.0	27
口后腹棘毛数目 Postoral ventral cirri, number	1	5	3.1	3	0.7	22.4	26
横前腹棘毛数目 Pretransverse ventral cirri, number	2	2	2.0	2	0.0	0.0	26
左缘棘毛列数目 Left marginal rows, number	2	2	2.0	2	0.0	0.0	27
右缘棘毛列数目 Right marginal rows, number	3	3	3.0	3	0.0	0.0	27
第 1 列左缘棘毛数目 Cirri in left marginal row 1, number	20	31	24.2	24	2.9	11.9	24
第 2 列左缘棘毛数目 Cirri in left marginal row 2, number	18	26	20.6	20	2.1	10.3	25
第 1 列右缘棘毛数目 Cirri in right marginal row 1, number	20	28	24.0	25	2.3	9.5	23
第 2 列右缘棘毛数目 Cirri in right marginal row 2, number	19	27	22.7	22	2.3	10.0	23
第 3 列右缘棘毛数目 Cirri in right marginal row 3, number	11	26	15.7	15	3.0	19.0	25
横棘毛数目 Transverse cirri, number	4	6	5.0	5	0.3	6.7	27
背触毛列数目 Dorsal kineties (DK), number	4	4	4.0	4	0.0	0.0	19
背缘触毛列数目 Dorsomarginal kineties (DM), number	2	2	2.0	2	0.0	0.0	16
第 1 列背触毛数目 Bristles in DK 1, number	11	23	18.3	19	3.6	19.7	12
第 2 列背触毛数目 Bristles in DK 2, number	11	20	16.8	17	3.1	18.3	13
第 3 列背触毛数目 Bristles in DK 3, number	12	17	14.8	15	1.5	10.4	11
第 4 列背触毛数目 Bristles in DK 4, number	3	8	4.9	4	1.7	34.6	11
第 1 列背缘触毛数目 Bristles in DM 1, number	8	13	10.3	10	1.4	13.8	10
第 2 列背缘触毛数目 Bristles in DM 2, number	2	6	2.8	3	1.2	43.9	10
尾棘毛数目 Caudal cirri, number	3	3	3.0	3	0.0	0.0	22
大核数目 Macronuclear nodules, number	2	2	2.0	2	0.0	0.0	27
大核长度 Macronuclear nodule, length	24	35	27.9	28	2.5	8.9	27
大核宽度 Macronuclear nodules, width	14	23	18.3	18	2.3	12.8	27
小核数目 Micronuclei, number	1	4	2.4	2	0.8	32.8	27
小核直径 Micronuclei, diameter	5	9	6.3	6	0.9	15.0	27

Note: Min. minimum; Max. maximum; Mean. arithmetic mean; Med. Median; SD. standard deviation; CV. coefficient of variation; *n*. number of specimens observed

触毛从虫体前端一直延伸到虫体末端, 第3列背触毛起始于虫体前端, 延伸至虫体亚末端, 第4列背触毛起始于虫体3/5处并延伸到虫体末端(图 1B); 2列背缘触毛(DM)较短, 分别从头部延伸到虫体前部2/5和1/4处(图 1B); 3根尾棘毛, 分别位于第1、第2、第4列背触毛后端(图 1B和1N)。

原始厚膜虫 *Crassohymena primicirrata* (Berger & Foissner, 1987) Omar et al., 2025

活体大小(125—150) $\mu\text{m} \times$ (50—65) μm , 长宽比

为2.3:1; 蛋白银染色后大小(99—157) $\mu\text{m} \times$ (44—74) μm 。身体呈长椭圆形, 体中部背面隆起(图 2C和E—G)。虫体柔软但不具伸缩性。伸缩泡靠近虫体左缘位于虫体约前1/3处, 舒张过程观察到短的收集管(图 2D和2E)。细胞质无色, 食物泡中含有硅藻、绿藻(图 2K)。皮膜坚实, 皮层颗粒为亮黄色, 球状, 直径约1 μm , 簇状分布, 每簇由3—20个颗粒组成; 腹面主要在缘棘毛和腹棘毛下方分布或成列分布(图 2H), 背面可见至少10列纵向排列的皮层

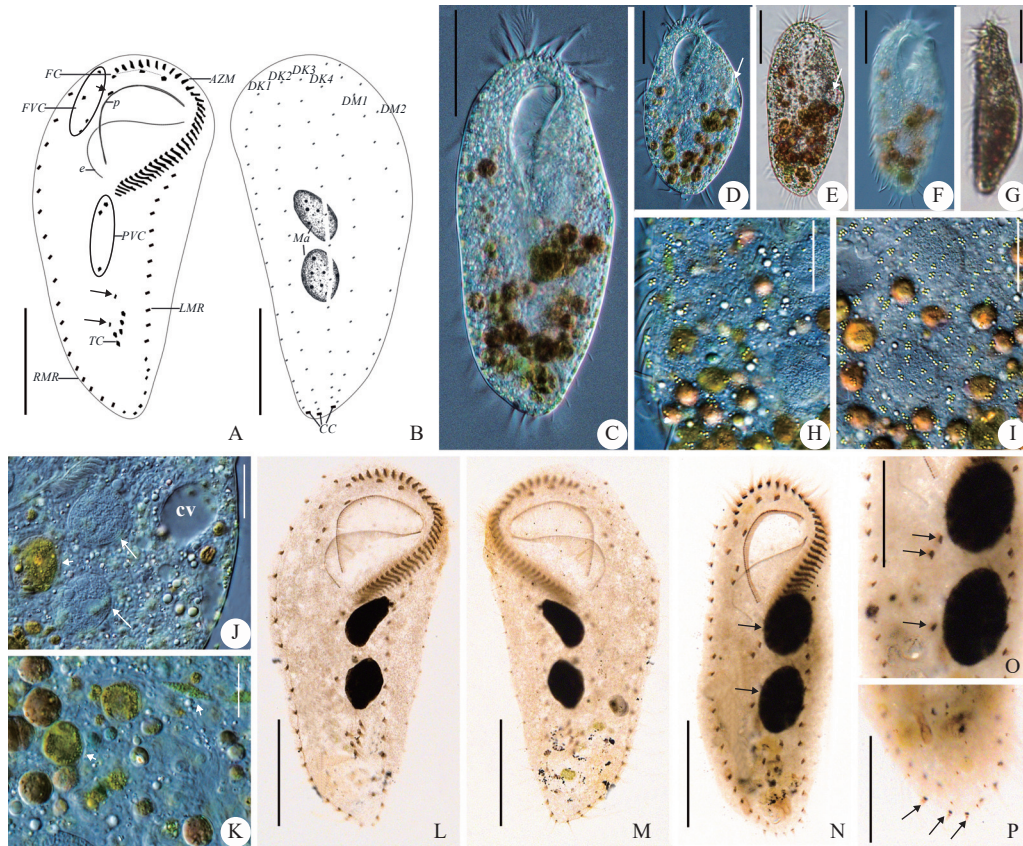


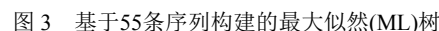
图2 原始厚膜虫的纤毛图式(A、B)、活体照片(C、D、F、H—K, 微分干涉; E、G, 明视野)以及蛋白银染色照片(L—P)

Fig. 2 Infraciliature (A and B), photomicrographs of living cells (C, D, F, and H—K, differential interference contrast; E and G, bright field), and after protargol-stained preparations (L—P) of *Crassohymena primicirrata*

A、B. 代表个体的腹面(A)和背面(B)观, 示纤毛图式及核器, 无尾箭头示口棘毛, 箭头示横前腹棘毛; C. 典型个体的腹面观, 示虫体形状; D—F. 腹面观, 箭头示伸缩泡; G. 侧面观; H、I. 腹面(H)和背面(I)观, 示皮层颗粒形状、颜色及排布模式; J、K. 腹面观, 示大核(箭头)、伸缩泡及藻类食物(无尾箭头); L—N. 代表个体的腹面(L、N)和背面(M)观, 示纤毛图式及核器, 箭头示大核; O. 中部腹面观, 箭头示3根口后腹棘毛, 棘毛V/3距其他两根较远; P. 后部背面观, 箭头示尾棘毛。AZM. 口围带; CC. 尾棘毛; CV. 伸缩泡; DK. 背触毛列; DM. 背缘触毛列; e. 口内膜; FC. 额棘毛; FVC. 额腹棘毛; LMR. 左缘棘毛列; Ma. 大核; p. 口侧膜; PVC. 口后腹棘毛; RMR. 右缘棘毛列; TC. 横棘毛; 比例尺=40 μm (A—G, L—P), 20 μm (H, I), 10 μm (J, K)

A, B. Ventral (A) and dorsal (B) views of a representative specimen, showing infraciliature and nuclear apparatus, arrowhead marks the buccal cirrus, arrows indicate pretransverse ventral cirri; C. Ventral view of a typical individual, to show the body shape; D—F. Dorsal views, arrow indicates the contractile vacuole; G. Lateral view; H, I. Ventral (H) and dorsal (I) views, showing the shape, colour, and distribution of cortical granules; J, K. Ventral views, showing the macronuclear nodules (arrows), contractile vacuole, and various algae as food (arrowheads); L—N. Ventral (L, N) and dorsal (M) views of representative specimens to display the infraciliature and nuclear apparatus, arrows indicate the macronuclear nodules; O. Ventral view of the middle region, arrows indicate three postoral ventral cirri, cirrus V/3 distributed apart from the other two cirri; P. Dorsal view of the posterior region, arrows indicate caudal cirri. AZM. adoral zone of membranelles; CC. caudal cirri; CV, contractile vacuole; DK. dorsal kineties; DM. dorsomarginal kineties; e. endoral membrane; FC. frontal cirri; FVC. frontal ventral cirri; LMR. left marginal row; Ma. macronuclear nodules; p. paroral membrane; PVC. postoral ventral cirri; RMR. right marginal row; TC. transverse cirri; Scale bars=40 μm (A—G, L—P), 20 μm (H, I), 10 μm (J, K)

印度原毛虫武汉种群的SSU rDNA序列(*Architricha indica*, PX240085), 长度为1726 bp, GC含量为44.84 %。本种群与上海种群(KJ000536)的SSU rDNA序列相似度为99.76%, 存在4个碱基差异。系统发育分析显示, 该物种的两个种群以较高支持率



Numbers following species names indicate the accession numbers in the GenBank database; Numbers near nodes are bootstrap values of ML analyses and posterior probability of BI; Fully supported (ML 100%/BI 1.00) branches are marked with solid red circles; The scale bar corresponds to one substitution per 100 nucleotide positions; The two populations described in the present study are indicated in red with red arrows

聚为一支(ML 100%/BI 0.95), 与绿色拟尾柱虫(*Paraurostyla viridis*, AF508766)构成姐妹群(ML 99%/BI 1.00), 再与颗粒尖毛虫(*Oxytricha granulifera*, MG836535)聚为一支(ML 100%/BI 1.00)。

原始厚膜虫洪湖种群的SSU rDNA序列(*Crassohymena primicirrata*, PV927164), 长度为1693 bp, GC含量45.66%。本种群与两个韩国种群(PP230160和PP230161)序列相似度均为100%, 无碱基差异。系统发育分析显示, 这3个种群以最高置信值聚为一枝(ML 100%/BI 1.00)。在ML树中, 该物种与尖毛虫科一部分核心成员(如澳纤虫属*Australocirrus*、伪腹柱虫属*Pseudogastrostyla*、多毛虫属*Polystichothrix*、赭尖虫属*Rubrioxxytricha*、伪似管

膜虫属*Pseudocyrtohymenides*、伪管膜虫属*Pseudocyrtohymena*)组成的进化支及柠檬管膜虫(*Cyrtohymena citrina*, AY498653)形成一大支中的3个平行分枝(ML 98%)。

3 数据质量保证与质量控制

本研究主要围绕样本、形态学、分子学全流程建立质控体系, 确保数据可靠。

3.1 样本与培养质控

通过单一物种虫体分离以及纯培养的流程操作, 排除了后续形态学及分子系统分析研究中其他原生生物的污染, 确保所有研究数据来自单一的物种。

表 4 原始厚膜虫形态计量学特征(数据来自蛋白银染色标本)

Tab. 4 Morphometric characteristics of *Crassohymena primicirrata* (data based on protargol-stained specimens)

特征 Characteristic	最小值 Min	最大值 Max	平均值 Mean	中值 Med	标准差 SD	变异系数 CV (%)	样本数 <i>n</i>
体长Body length (μm)	99	157	122.2	123	15.5	12.7	20
体宽Body width (μm)	44	74	53.9	51	7.6	14.2	20
体长/体宽Body length/Body width, ratio (%)	184	266	228.0	228	0.2	9.4	20
口区长Adoral zone length, μm	44	64	54.9	55	5.9	10.7	20
口区长/体长Adoral zone length/Body length, ratio (%)	36	58	45.0	46	0.1	11.7	20
口围带小膜数目Adoral membranelles, number	32	36	34.0	34	1.2	3.6	17
额棘毛数目Frontal cirri, number	3	3	3.0	3	0.0	0.0	19
口棘毛数目Buccal cirri, number	1	1	1.0	1	0.0	0.0	20
额腹棘毛数目Frontal ventral cirri, number	3	4	3.9	4	0.3	7.9	20
口后腹棘毛数目Postoral ventral cirri, number	3	3	3.0	3	0.0	0.0	17
横前腹棘毛数目Pretransverse ventral cirri, number	2	2	2.0	2	0.0	0.0	18
左缘棘毛列数目Left marginal row, number	1	1	1.0	1	0.0	0.0	20
右缘棘毛列数目Right marginal row, number	1	1	1.0	1	0.0	0.0	20
左缘棘毛数目Cirri in Left marginal, number	14	19	15.3	15	1.4	9.2	17
右缘棘毛数目Cirri in Right marginal, number	16	22	19.3	19	1.5	7.9	20
横棘毛数目Transverse cirri, number	5	5	5.0	5	0.0	0.0	19
背触毛列数目Dorsal kineties (DK), number	4	4	4.0	4	0.0	0.0	17
背缘触毛列数目Dorsomarginal kineties (DM), number	2	2	2.0	2	0.0	0.0	16
第1列背触毛数目Bristles in DK 1, number	15	21	17.2	16	2.1	12.4	11
第2列背触毛数目Bristles in DK2, number	14	21	16.7	16	2.7	16.0	10
第3列背触毛数目Bristles in DK3, number	11	14	12.9	13	0.9	6.8	10
第4列背触毛数目Bristles in DK4, number	12	15	13.2	13	1.3	10.0	10
第1列背缘触毛数目Bristles in DM 1, number	6	11	9.0	8	1.7	18.6	11
第2列背缘触毛数目Bristles in DM 2, number	3	5	3.8	4	0.8	20.8	10
尾棘毛数目Caudal cirri, number	3	3	3.0	3	0.0	0.0	20
大核数目Macronuclear nodules, number	2	2	2.0	2	0.0	0.0	20
大核长度Macronuclear nodule, length	14	29	22.5	23	3.7	16.5	20
大核宽度Macronuclear nodules, width	11	22	16.4	16	2.8	17.2	20
小核数目Micronuclei, number	1	2	1.4	1	0.5	35.9	14
小核直径Micronuclei, diameter	3	5	4.2	4	0.7	15.6	14

Note: Min. minimum; Max. maximum; Mean. arithmetic mean; Med. median; SD. standard deviation; CV. coefficient of variation; *n*. number of specimens observed

3.2 形态学数据质控

在形态统计时选取染色清晰、结构完整的虫体,同时通过提高统计样本数量,降低个体差异对统计结果的影响。

3.3 分子数据质控

在DNA提取与PCR扩增时,将单个虫体使用蒸馏水清洗5次以去掉外源DNA,用DNeasy Blood & Tissue Kit提取基因组,PCR使用高保真酶,并且设阳性和阴性对照,避免污染。

在凝胶电泳检测时筛选有单一清晰条带的PCR产物进行双向测序,序列拼接并去除低质量碱基后经BLAST验证同源性,并将序列信息提交至GenBank。

4 数据比较及价值

4.1 印度原毛虫*Architricha indica*武汉种群鉴定

尖毛虫科具有高度分化的纤毛器,其腹面普遍具有数目稳定的棘毛,这些棘毛往往进一步地分组化并具有稳定的着生位置。腹面通常18根额-腹-横棘毛聚为明显的6组,来源于6列额-腹-横棘毛原基;存在背触毛断裂及背缘触毛列^[14]。

印度原毛虫*Architricha indica*隶属于尖毛虫科下的原毛虫属。该属由Gupta等^[32]于2006年建立,原毛虫属的主要鉴别特征为具有多列左右缘棘毛。目前该属内包含模式种印度原毛虫一种。自印度原始种群报道之后,许媛等^[33]报道了上海种群。本研究采集的武汉东湖种群在活体形态、皮层颗粒特征(颜色、类型及排布模式)、额-腹-横棘毛模式、缘棘毛数目(3列右缘、2列左缘)和背触毛模式(4列背触毛、2列背缘触毛)等方面均与印度种群及上海种群一致。然而,武汉种群在以下特征上表现出更广的变异范围:(1)口后腹棘毛数目(1—5 vs. 3);(2)横棘毛数目(4—6 vs. 5);(3)体型较大[(150—180) μm $\times$ (50—80) μm vs. 印度种群140 μm , 上海种群(100—140) μm $\times$ (30—40) μm]。尽管存在差异,但这些特征的参数范围存在重叠,可视为种内差异。系统发育分析表明,武汉种群(PQ642915)和上海种群(KJ000536)序列相似度为99.76% (仅4个碱基差异),并在系统发育树中稳定地聚在一起(ML 100%/BI 0.95)。在属间关系上,原毛虫属与命名为绿色拟尾柱虫*Paraurostyla viridis* (AF508766)的序列关系最近(ML 99%/BI 1.00)。值得注意的是,该绿色拟尾柱虫序列缺乏形态信息,且与属内模式种魏氏拟尾柱虫*P. weissei*的系统位置差异较大,因此很可能是错误鉴定^[13, 34]。此外,这两个物种与颗粒尖毛虫以最高置信值聚在一起,这一结果与前人研

究结论一致^[35, 36]。印度原毛虫与颗粒尖毛虫较近的系统发育关系也得到了形态学证据支持:(1)两个物种体型相似;(2)波动膜均为尖毛虫属模式;(3)背触毛为典型的尖毛虫模式,即4列背触毛和2列背缘触毛,且存在简单的背触毛断裂;(4)皮层颗粒均为无色球形,且排布模式相同^[35, 37]。因此,综合形态学与分子证据,均支持印度原毛虫与颗粒尖毛虫的近缘关系。

4.2 原始厚膜虫*Crassohymena primicirrata*洪湖种群鉴定

原始厚膜虫*Crassohymena primicirrata*最早由Berger和Foissner^[38]于1987年报道,初始命名为原始宽口虫*Steinia primicirrata*。由于其口侧膜呈半圆形且末端显著后弯,以及前仔虫原基V和VI起源于后仔虫的初级原基等特征,被转移到管膜虫属*Cyrtohymena* Foissner, 1989。最近, Omar等^[38]基于韩国庆尚北道种群独特的发生学特征及分子系统发育证据,为其建立了新属厚膜虫属(*Crassohymena*),并提出以下属级特征:(1)口后腹棘毛V/3明显后移;(2)横棘毛向前迁移;(3)波动膜为管膜虫属模式,口侧膜由3或4列动基粒组成;(4)前仔虫额-腹-横棘毛原基IV—VI来源于棘毛IV/3;(5)后仔虫原基IV—VI分别来自棘毛IV/2、V/4和V/3。目前该属仅含模式种原始厚膜虫。在地理种群比较中发现洪湖种群在已报道的种群中与奥地利原始种群最相似^[13]。与两个韩国(济州岛、庆尚北道)种群相比,洪湖种群的第四列背触毛几乎与前三列等长,自虫体前端延伸至虫体末端,而韩国两个种群则存在不同程度的前端缩短^[38, 39]。此外,洪湖种群在活体形态和纤毛图式上与已知种群均一致。关于Dragesco等^[40]描述的喀麦隆种群, Berger^[13]曾将其处理为原始管膜虫的异名。然而,该分类处理存在两点疑问,其一是Dragesco等^[40]的活体观察图中未显示皮层颗粒特征,其二是蛋白银染色标本的背侧存在明显的纤维结构,这一特征常见于皮膜较坚硬的棘尾虫亚科*Stylonychinae*,而非身体柔软的厚膜虫属,提示其可能归属于棘尾虫亚科而非厚膜虫属。系统发育分析进一步验证了上述结论:洪湖种群与两个韩国种群在系统发育树中稳定地聚在一起(ML 100%/BI 1.00)。厚膜虫属与尖毛虫科核心类群(澳纤虫属、伪腹柱虫属、多毛虫属、赭尖虫属、伪似管膜虫属、伪管膜虫属)及柠檬管膜虫(AY498653)形成3个平行分支(ML 98%)。这些类群的系统发育关系得到了形态数据的支持,它们均具有以下形态特征:(1)虫体柔软,呈长椭圆形;(2)皮层颗粒均为球形且具色素;(3)大核通常为2枚

(念珠多毛虫除外, 其大核为8枚)^[41-49]。在贝叶斯树中, 系统发育关系与最大似然树略有差异: 厚膜虫属虽然仍与柠檬管膜虫形成平行分支, 但以较低支持率(BI 0.61)聚在尖毛虫科另一部分核心成员的进化枝内, 并与包括澳纤虫属等7个属在内的类群形成支持率较高的姐妹群(BI 0.91)。综上所述, 形态学和系统发育分析均表明厚膜虫属无疑是尖毛虫科的典型成员, 但其在科内的系统地位仍不明确, 需要未来通过更广泛的种群采样和多基因数据进一步厘清。

4.3 两种新记录纤毛虫的研究贡献

本研究通过对印度原毛虫武汉东湖种群(华中地区新记录种)和原始厚膜虫荆州洪湖种群(中国新记录种)的活体观察、蛋白银染色及SSU rDNA序列分析, 补充了长江中下游淡水纤毛虫多样性信息: 一方面拓展了两种尖毛虫的地理分布记录(印度原毛虫此前仅有印度、上海种群报道, 原始厚膜虫仅有奥地利、韩国种群报道); 另一方面印度原毛虫武汉种群展示出更大的体型范围及更广的棘毛数目差异, 原始厚膜虫洪湖种群与韩国种群背触毛的差异丰富了同一物种在不同地区的形态多样性, 同时新获得的2条SSU rDNA序列(印度原毛虫PX240085、原始厚膜虫PV927164)及高支持率系统发育聚类的结果, 丰富了尖毛虫科的系统分类信息, 这些都为长江中下游淡水湿地纤毛虫区系分布与多样性认知提供了新证据。

数据作者分工职责

刘晨旭(2001.01.25), 女, 河北省石家庄市人, 硕士研究生在读, 研究方向为淡水湿地纤毛虫多样性。主要承担工作为数据统计, 图版制作, 结果分析, 论文撰写。

许文欣(1995.12.07), 女, 山东省聊城市人, 博士, 特别研究助理, 研究方向为腹毛亚纲纤毛虫多样性。主要承担工作为数据采集, 数据有效性验证, 结果分析, 论文撰写。

宋京顺(2000.08.22), 男, 内蒙古自治区赤峰市人, 硕士研究生在读, 研究方向为赤水河流域纤毛虫多样性。主要承担工作为数据采集, 结果分析。

黄洁(1987.01.29), 女, 山东省菏泽市人, 博士, 副研究员, 研究方向为原生动物分类和系统学。主要承担工作为数据正确性验证, 论文修改。

罗晓甜(1989.04.25), 女, 山东省寿光市人, 博士, 副研究员, 研究方向为纤毛虫多样性。主要承担工作为确定数据采集目标、指标体系和方案设计, 制定数据标准、格式规范和质量控制流程。

(作者声明本文符合出版伦理要求)

参考文献:

- [1] Hu X Z, Zhao Y, Huang J, *et al.* Ciliatology studies by OUC group: current achievements and future perspectives [J]. *Periodical of Ocean University of China*, 2019, **49**(10): 28-42. [胡晓钟, 赵研, 黄洁, 等. 进展中的纤毛虫学研究: 新格局、新窗口与新拓展 [J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2019, **49**(10): 28-42.]
- [2] Fenchel T. The ecology of marine microbenthos IV. Structure and function of the benthic ecosystem, its chemical and physical factors and the microfauna communities with special reference to the ciliated protozoa [J]. *Opheelia*, 1969, **6**(1): 1-182.
- [3] Carey P G. Marine Interstitial Ciliates: An Illustrated Key [M]. London: Chapman & Hall, 1992: xiii, 351p.
- [4] Foissner W. Soil protozoa: fundamental problems, ecological significance, adaptations in ciliates and testaceans, bioindicators, and guide to the literature [J]. *Progress in Protistology*, 1987(2): 69-212.
- [5] Shen Y F, Zhang Z S, Gong X J, *et al.* New Technologies for Microbial Monitoring [M]. Beijing: China Architecture & Building Press, 1990: 1-524. [沈韞芬, 章宗涉, 龚循矩, 等. 微型生物监测新技术 [M]. 北京: 中国建筑工业出版社, 1990: 1-524.]
- [6] Jiang J M. Taxonomic and morphogenetic studies on hypotrichs (Protozoa: Ciliophora) [D]. Qingdao: Ocean University of China, 2011: 1-10. [姜佳枚. 腹毛类纤毛虫分类学及细胞发生学研究 [D]. 青岛: 中国海洋大学, 2011: 1-10.]
- [7] Li P, Chang J B, Kou X M, *et al.* Morphological studies on three Chinese new records and a rare species of hypotrichous ciliates [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2024, **48**(12): 2069-2080. [李平, 常剑波, 寇晓梅, 等. 腹毛亚纲纤毛虫三个中国新记录种和一个罕见种的形态学研究 [J]. 水生生物学报, 2024, **48**(12): 2069-2080.]
- [8] Foissner W. Terrestrial and Semiterrestrial Ciliates (Protozoa, Ciliophora) from Venezuela and Galápagos [M]. Denisia, 2016: 487-845.
- [9] Liu Z Y, Wang K X, Zhang C L, *et al.* Morphology, morphogenesis, and molecular phylogeny of *Holostichides* (*Holostichides*) *parachardezi* nov. spec. (Ciliophora: Hypotrichia: Urostylida), a new soil ciliate from China [J]. *European Journal of Protistology*, 2024(96): 126124.
- [10] Zhang T T, Lu F R, Yang X Q, *et al.* Morphology, morphogenesis and molecular phylogeny of a new soil ciliate, *Lamtostyla paravitiphila* nov. spec. (Ciliophora: Hypotrichia) [J]. *European Journal of Protistology*, 2024(94): 126088.
- [11] Omar A, Jung J H. Disentangling the stylonychine ciliates (Ciliophora: Hypotrichia): the establishment of two new genera using an integrative taxonomic approach [J]. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 2024, **202**(4): zlae144.

- [12] Xu W X, Gammuto L, Serra V, *et al.* Comparative study and morphological plasticity of an Italian and a Chinese population of the protist ciliate *Pseudokeronopsis erythrina* (Hypotrichia: Kentrostylida) with a mitochondrial genome analysis [J]. *Water Biology and Security*, 2025, **4**(3): 98-113.
- [13] Berger H. Monograph of the Oxytrichidae (Ciliophora: Hypotrichia) [M]. Dordrecht: Springer, 1999(78): 1-1080.
- [14] Lu L G, Wang T, Ye L Z, *et al.* Speciation caught in the act: derived ciliary patterns budded off from the *Oxytricha granulifera* like lineages (Alveolata: Ciliophora) [J]. *Zoologica Scripta*, 2025, **54**(5): 730-751.
- [15] Wang M M, Hu T, Wang S S, *et al.* Morphology and molecular phylogeny of a new hypotrichous ciliate, *Sterkiella zhangii* n. sp. (Ciliophora: Oxytrichidae) [J]. *European Journal of Protistology*, 2025(98): 126141.
- [16] Ghosh A, Bharti D, Bhutiani R, *et al.* Morphology, morphogenesis, and molecular phylogeny of an Indian population of *Notohymena quadrinucleata* Foissner, 2016 (Ciliophora: Oxytrichidae) [J]. *Journal of Natural History*, 2025, **59**(25-28): 1917-1931.
- [17] Song W B, Warren A, Hu X Z. Free-living Ciliates in the Bohai and Yellow Seas, China [M]. Beijing: Science Press, 2009: 1-518. [宋微波, A. 沃伦, 胡晓钟. 中国黄渤海的自由生纤毛虫 [M]. 北京: 科学出版社, 2009: 1-518.]
- [18] Hu X Z, Lin X F, Song W B. Ciliate Atlas: Species Found in the South China Sea [M]. Beijing: Science Press, 2019: 452-631.
- [19] Li Y B. Taxonomy and diversity of soil hypotrichous ciliates [D]. Baoding: Hebei University, 2017: 1-85. [李延博. 土壤腹毛类纤毛虫的分类学与多样性研究 [D]. 保定: 河北大学, 2017: 1-85.]
- [20] Ning Y Z, Ma J Y, Lü Z. Morphological studies on six soil hypotrichous ciliates from China [J]. *Chinese Journal of Zoology*, 2018, **53**(3): 415-426. [宁应之, 马继阳, 吕昭. 六种土壤腹毛类纤毛虫的形态学研究 [J]. 动物学杂志, 2018, **53**(3): 415-426.]
- [21] Wang Z, Chi Y, Li T, *et al.* Biodiversity of freshwater ciliates (Protista: Ciliophora) in the Lake Weishan Wetland, China: the state of the art [J]. *Marine Life Science & Technology*, 2022(4): 429-451.
- [22] Zhao X T. Taxonomy and systematic study of hypotrichous ciliates in Ningbo marine wetland environment [D]. Ningbo: Ningbo University, 2022: 1-110. [赵雪彤. 宁波海洋湿地环境中腹毛类纤毛虫的分类学与系统学研究 [D]. 宁波: 宁波大学, 2022: 1-110.]
- [23] Guo H Y. Taxonomy and phylogeny of hypotrichous ciliates in Baiyangdian Lake [D]. Baoding: Hebei University, 2023: 1-87. [郭海洋. 白洋淀地区腹毛类纤毛虫分类学及系统发育 [D]. 保定: 河北大学, 2023: 1-87.]
- [24] Wilbert N. Eine verbesserte technik der protargol imprägnation für ciliaten [J]. *Mikrokosmos*, 1975(64): 171-179.
- [25] Pan X M, Bourland W A, Song W B. Protargol synthesis: an in-house protocol [J]. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 2013, **60**(6): 609-614.
- [26] Song W B, Xu K D. Protocols in Protozoological Studies [M]//Song W B, Xu K D, Shi X L, *et al.* (Eds.), Progress in Protozoology. Qingdao: Qingdao Ocean University Press, 1999: 9-25. [宋微波, 徐奎栋. 现代原生动物学研究的常用方法 [M]//宋微波, 徐奎栋, 施心路, 等. 原生动物学专论. 青岛: 青岛海洋大学出版社, 1999: 9-25.]
- [27] Lynn D H. The Ciliated Protozoa: Characterization, Classification and Guide to the Literature [M]. 3rd ed. Dordrecht: Springer, 2008: 341-440.
- [28] Medlin L, Elwood H J, Stickel S, *et al.* The characterization of enzymatically amplified eukaryotic 16S-like rRNA-coding regions [J]. *Gene*, 1988, **71**(2): 491-499.
- [29] Minh B Q, Schmidt H A, Chernomor O, *et al.* IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2020, **37**(5): 1530-1534.
- [30] Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, *et al.* MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space [J]. *Systematic Biology*, 2012, **61**(3): 539-542.
- [31] Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11 [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2021, **38**(7): 3022-3027.
- [32] Gupta R, Kamra K, Sapra G R. Morphology and cell division of the oxytrichids *Architracha indica* nov. gen., nov. sp., and *Histriculus histrio* (Müller, 1773), Corliss, 1960 (Ciliophora: Hypotrichida) [J]. *European Journal of Protistology*, 2006, **42**(1): 29-48.
- [33] Xu Y, Li L F, Fan X P, *et al.* Systematic analyses of the genus *Architracha* and *Pleurotricha curdsii* (Ciliophora: Oxytrichidae) with redescrptions of their morphology [J]. *Acta Protozoologica*, 2015, **54**(3): 183-193.
- [34] De Castro L A M, Küppers G C, Fernandes N M, *et al.* Ontogeny and molecular phylogeny of *Apoamphisiella vernalis* reveal unclear separation between genera *Apoamphisiella* and *Paraurostyla* (Protozoa: Ciliophora: Hypotricha) [J]. *PLoS One*, 2016, **11**(5): e0155825.
- [35] Fan X P, Yao S L, Luo X T, *et al.* Some morphologically distinguishable hypotrich ciliates share identical 18S rRNA gene sequences-taxonomic insights from a case study on *Oxytricha* species (Protista: Ciliophora) [J]. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 2021, **193**(1): 356-379.
- [36] Xu W X, Wang Y Y, Cheng T, *et al.* Reevaluation of the 'well-known' *Paraurostyla weissei* complex, with notes on the ontogenesis of a new *Paraurostyla* species (Ciliophora: Hypotrichia) [J]. *European Journal of Protistology*, 2020(73): 125672.
- [37] Méndez-Sánchez D, Mayén-Estrada R, Luo X T, *et al.* A

- new subspecies of *Oxytricha granulifera* (Hypotrichia: Oxytrichidae) from Mexico, with notes on its morphogenesis and phylogenetic position [J]. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 2018, **65**(3): 357-371.
- [38] Omar A, Jung J, Lee G, *et al.* Integrative studies shed light on the pseudocryptic genus *Crassohymena* n. gen. (Protozoa: Ciliophora) [J]. *Protist*, 2025(176): 126074.
- [39] Kwon C B, Shin M K. Two oxytrichid ciliates, *Cyrtohymena primicirrata* and *Oxytricha granulifera* (Ciliophora: Sporadotrichida: Oxytrichidae) unknown from Korea [J]. *Animal Systematics Evolution and Diversity*, 2013, **29**(1): 23-30.
- [40] Dragesco J. Ciliés Libres du Cameroun [M]. Yaoundé: Faculté des sciences Yaoundé, 1970: 1-141.
- [41] Kim K S, Jung J H, Min G S. Morphology and molecular phylogeny of two new terrestrial ciliates, *Australocirrus rubrus* n. sp. and *Notohymena gangwonensis* n. sp. (Ciliophora: Oxytrichidae), from the Republic of Korea [J]. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 2019, **66**(5): 740-751.
- [42] Kumar S, Foissner W. Biogeographic specializations of two large hypotrich ciliates: *Australocirrus shii* and *A. australis* and proposed synonymy of *Australocirrus* and *Cyrtohymenides* [J]. *European Journal of Protistology*, 2015, **51**(3): 210-228.
- [43] Fan Y B, Zhao X L, Hu X Z, *et al.* Taxonomy and molecular phylogeny of two novel ciliates, with establishment of a new genus, *Pseudogastrostyla* n. g. (Ciliophora: Hypotrichia: Oxytrichidae) [J]. *European Journal of Protistology*, 2015, **51**(5): 374-385.
- [44] Lu X T, Gao F, Yi Z Z, *et al.* Taxonomy and molecular phylogeny of two new brackish hypotrichous ciliates, with the establishment of a new genus (Ciliophora: Spirotrichea) [J]. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 2017, **179**(3): 475-491.
- [45] Chen W P, Chen X M, Li L F, *et al.* Morphology, morphogenesis and molecular phylogeny of an oxytrichid ciliate, *Rubrioxxytricha haematoplasma* (Blatterer & Foissner, 1990) Berger, 1999 (Ciliophora: Hypotricha) [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2015, **65**(Pt 1): 309-320.
- [46] Chen L Y, Zhao X L, Shao C, *et al.* Morphology and phylogeny of two new ciliates, *Sterkiella sinica* sp. nov. and *Rubrioxxytricha tsinlingensis* sp. nov. (Protozoa: Ciliophora: Hypotrichia) from north-west China [J]. *Systematics and Biodiversity*, 2017, **15**(2): 131-142.
- [47] Kumar S, Bharti D, Kabir A S, *et al.* *Rubrioxxytricha guamensis* nov. spec. (Ciliophora: Spirotricha), a novel hypotrich ciliate from Guam (United States), Micronesia [J]. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 2018, **65**(3): 392-399.
- [48] Jung J H, Park K M, Min G S. Morphology and molecular phylogeny of *Pseudocyrtohymenides lacunae* nov. gen., nov. spec. (Ciliophora: Oxytrichidae) from South Korea [J]. *Acta Protozoologica*, 2017, **56**(1): 9-16.
- [49] Jung J H, Park K M, Min G S. Morphology and molecular phylogeny of *Pseudocyrtohymena koreana* n. g. , n. sp. and Antarctic *Neokeronopsis asiatica* Foissner *et al.* , 2010 (Ciliophora: Sporadotrichida), with a brief discussion of the *Cyrtohymena* undulating membranes pattern [J]. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 2015, **62**(3): 280-297.

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR PHYLOGENETIC STUDY OF TWO OXYTRICHID CILIATES FROM THE MIDDLE AND LOWER REACHES OF THE YANGTZE RIVER

LIU Chen-Xu^{1,2}, XU Wen-Xin², SONG Jing-Shun^{1,2}, HUANG Jie² and LUO Xiao-Tian²

(1. College of Fisheries and Life Science, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China; 2. State Key Laboratory of Lake and Basin Water Safety, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072, China)

Abstract: In the present study, we investigated two hypotrichous ciliates, *Architricha indica* Gupta *et al.*, 2006, collected from Donghu Lake in Wuhan, and *Crassohymena primicirrata* (Berger & Foissner, 1987) Omar *et al.*, 2025, obtained from an aquaculture pond in Honghu, Jingzhou. Morphological analyses based on live observation and protargol staining were combined with small-subunit ribosomal DNA (SSU rDNA) sequencing and phylogenetic reconstruction. Our results show that *C. primicirrata* is recorded for the first time in China, whereas *A. indica* represents a new record for central China. The Wuhan population of *A. indica* was consistent with the Indian and Shanghai populations in living morphology, cortical granules, frontal-ventral-transverse cirral pattern, number of marginal cirri (three right and two left rows), and the dorsal ciliature (four dorsal and two dorsomarginal rows). Nevertheless, the Wuhan population exhibits a broader morphometric range in the number of postoral ventral cirri (1—5 vs. 3) and transverse cirri (4—6 vs. 5), with larger body size [(150—180) $\mu\text{m} \times$ (50—80) μm vs. 140 μm in the Indian population and (100—140) $\mu\text{m} \times$ (30—40) μm in the Shanghai population]. Despite these differences, the overlapping diagnostic characteristics support their interpretation as intraspecific variation. The Honghu population of *C. primicirrata* closely resembled the Austrian population in features such as the length of the fourth dorsal kinety and the number of micronuclei, but differs in certain respects from the Korean populations, thereby enriching the knowledge of the morphological diversity across different geographic regions. Molecular phylogenetic analyses further support the species identifications. The SSU rDNA sequences of the Wuhan and Shanghai populations of *A. indica* show 99.76% similarity, differing by only four nucleotides, and consistently cluster together in the phylogenetic trees. The Honghu and Korean populations share identical sequences and consistently form a well-supported clade in the phylogenetic tree. By integrating morphological redescrptions with molecular data, this study contributes to the taxonomy of the family Oxytrichidae, and provides new insights into the biodiversity and biogeography of ciliates in the middle and lower reaches of the Yangtze River.

Key words: Morphology; Phylogeny; SSU rDNA; Freshwater ciliates

数据集基本信息简介

数据集名称	长江中下游两种淡水尖毛虫(印度原毛虫, 原始厚膜虫)的形态学与分子系统发育研究
数据集作者	刘晨旭, 许文欣, 宋京顺, 黄洁, 罗晓甜
数据集通信作者	罗晓甜(E-mail: luoxiaotian@ihb.ac.cn)
数据时间范围	印度原毛虫: 2019年2月21日; 原始厚膜虫: 2021年4月16日
地理区域	印度原毛虫: 武汉市东湖(30°54'81"N; 114°35'43"E); 原始厚膜虫: 荆州市洪湖养殖鱼塘(29°57'58"N; 113°46'35"E)
数据格式	xlsx/tif/fas