

作物螺旋線蟲(Spiral nematode)病害之診斷鑑定

陳殿義 副研究員

行政院農業委員會農業試驗所 植物病理組

電子郵件: dychen@wufeng.tari.gov.tw ; 傳真: 04-23338162

摘要

植物病原線蟲中所泛稱的螺旋線蟲 (spiral nematode) 包括 *Helicotylenchus* Steiner, 1945、*Scutellonema* Andrassy, 1958 及 *Rotylenchus* Filipjev, 1936 等三個屬之線蟲, 其中最重要的檢疫線蟲種類為 *H. multicinctus* (Cobb, 1893) Golden, 1956 和 *S. bradys* (Steiner and LeHew, 1933) Andrassy, 1958, 其分別會造成香蕉和山藥作物的嚴重病害。截至目前, 在台灣和金門地區, 從 13 類作物的根圈土壤中, 以改良式柏門氏漏斗分離法, 共計分離到 28 群螺旋線蟲, 經以光學和 SEM 的形態鑑定及輔以 rDNA 片段鹼基序列相似度的分析, 其中 9 群被鑑定為 *Helicotylenchus dihystra* (Cobb, 1893) Sher, 1961、6 群為 *H. crenacauda* Sher, 1966、4 群為 *Rotylenchus brevicaudatus* Colbran, 1962、6 群為 *Scutellonema brachyurum* (Steiner, 1938) Andrassy, 1958、3 群為 *S. truncatum* Sher, 1963。上述 5 種螺旋線蟲, 其中 *R. brevicaudatus* 至目前僅在金門地區發現, 而 *S. brachyurum* 和 *S. truncatum* 為台灣地區的新記錄種。至於 rDNA 片段的序列大小, 前述 5 種螺旋線蟲依序分別為 1317 bp、1316 bp、1222 bp、1343 bp 及 1457 bp, 並為首次在 GenBank 序列資料庫中登錄之。經由較多供試群的形態測量值和 rDNA 片段序列相同度的綜合比對分析, 對台灣地區此 5 種螺旋線蟲的形態變異範圍已有了更確切的認知。今後開發正確、快速及簡便之線蟲種類分生鑑定技術, 將能更落實植物線蟲防檢疫工作的推動。

關鍵詞:螺旋線蟲、*Helicotylenchus dihystra*、*Helicotylenchus crenacauda*、*Scutellonema brachyurum*、*Scutellonema truncatum*、*Rotylenchus brevicaudatus*、核糖體 DNA

緒言

植物病原線蟲中所泛稱的螺旋線蟲(spiral nematode)為包括 *Rotylenchus* Filipjev, 1936、*Helicotylenchus* Steiner, 1945 及 *Scutellonema* Andrassy, 1958 等三個屬之線蟲，其中前兩屬線蟲屬於亞科 *Rotylenchinae* Golden, 1971，*Scutellonema* 則屬於亞科 *Hoplolaiminae*。*Rotylenchinae* 之代表屬為 *Rotylenchus*，其主要形態特徵為側尾腺孔 (phasmids) 屬於小型，在尾部呈小點狀 (punctuate)，位於肛門 (anus) 附近兩側，而 *Scutellonema* 的側尾腺孔為較大形，大多呈圓盤狀。*Rotylenchus* 及 *Helicotylenchus* 在型態上之最主要差別為背食道腺開口 (orifice of dorsal esophageal gland, ODG) 的位置，前者距離口針結球底部的長度大多小於口針長度的 1/4，而後者則大多等於或超過 1/4；另外食道腺體和腸部的重疊亦有差異，前者食道與腸為背部重疊，後者則屬於腹側重疊。螺旋線蟲雌雄蟲之體型皆為線型，除性器官構造外，外部型態十分類似。

螺旋線蟲 (*Helicotylenchus* spp.) 的種類超過 92 種以上 (Krall, 1990)，其中 *H. multicinctus* (Cobb, 1893) Golden, 1956 對香蕉的危害嚴重性為僅次於穿孔線蟲(*Radopholus similis*)(Luc, et al., 1990)，其造成的病徵和穿孔線蟲所引起的大致相同，主要都是感染根系皮層，取食破壞組織細胞，造成根表面黑褐色壞疽病斑。*H. multicinctus* 的寄生習性為屬於內寄生潛移性，在感染的根組織內可完成其生活史，包括雌雄蟲、各齡期幼蟲及卵粒等。另外土壤中存在 *H. dihystra* 會提高番茄和康乃馨細菌性萎凋病 (分別由 *Pseudomonas solanacearum* 和 *P. caryophylli* 引起) 發病率，亦即有複合感染的現象 (Libman, et al., 1964; Stewart and Schindler, 1956)。

螺旋線蟲 (*Scutellonema* spp.)的種類多達 31 種以上 (Krall, 1990)，其中螺旋線蟲 *S. bradys* (Steiner and LeHew, 1933) Andrassy, 1958，亦稱為山藥螺旋線蟲 (Yam nematode)，其所造成的山藥乾腐病 (dry rot disease)，在世界主要山藥產區，如西非的甘比亞、喀麥隆、象牙海岸及奈及利亞等，加勒比海地區的古巴、多明尼加、海地及牙買加等，以及巴西和印度等都造成重大的經濟損失 (Luc, et al., 1990)。山藥線蟲亦屬於內寄生潛移性線蟲，被感染的山藥塊根表皮龜裂，內部組織呈現黑褐色腐敗，以致品質低落，不宜食用，而感病的薯塊在貯藏期間之損失率更可達 80 %至 100 %。

螺旋線蟲 (*Rotylenchus* spp.) 的種類，至今亦多達 31 種以上 (Krall,

1990)。 *R. robustus* 廣泛分佈於歐洲地區，如英國、比利時、西班牙、葡萄牙、德國和荷蘭等，另美洲地區，如美國、加拿大和巴西，以及印度和埃及等，而其寄主作物主要為豌豆 (peas)、胡蘿蔔 (carrot) 和萵苣 (lettuce) 等，其主要病徵為生長停頓、葉片黃化或根腐等，對作物產量和品質的影響甚大 (Siddiqi, 1972)。

作物螺旋線蟲病害之診斷，除前述 *H. multincinctus* 和 *S. bradys* 二種螺旋線蟲所引起之病害較為人所週知，且其病徵較容易確定外，其他大多數螺旋線蟲種類之主要寄主作物種類，及其病原性強弱程度並不明確，因此更增加病害診斷的難度及正確性。

傳統線蟲種類鑑定工作需要常年累積的經驗和技術，僅靠形態特徵仍有其限制瓶頸，鑑定的過程亦容易流於個人主觀認定，為彌補此一缺失，故近年來積極利用核酸分子技術，以利更精確判斷線蟲所屬種類。近年來，比較核糖體 DNA (rDNA) 片段序列，尤其是非編碼區域 (noncoding region) 的序列相似度差異，已成為鑑定動物或植物寄生性線蟲種類時的有效輔助利器 (陳殿義, 2004; 2006; 陳等, 2006)，可針對傳統形態鑑定所衍生對種內 (intraspecific) 或種間 (interspecific) 變異程度範圍的不同見解，提供另一更客觀的評斷依據。

農試所線蟲研究室針對本國螺旋線蟲種類及其發生情形已有初步研究成果，茲將其研究方法、結果及討論事項詳述如後。

田間螺旋線蟲危害作物之診斷方法

由於植物寄生性線蟲屬於絕對寄生性，必需仰賴植物體活細胞之營養始能生存，此時若於植株病害後期採取根圈土壤樣品，可能因為根系生長不良或因土壤中其它病原或腐生微生物侵入破壞而致腐爛消失，因而線蟲族群快速降低而無法分離到大量線蟲蟲體，以致喪失診斷良機，因此在診斷可能由線蟲引起作物之相關病害時，最重要為考慮田間採取土樣之適當時機，而一般針對一年生作物之最佳採樣時期為植株生長後半時期或近採收期，因為在這段期間內植物之根系生長最多且線蟲經過幾個世代繁衍而使蟲體數目達到最高，而多年生之植物則選擇於多雨季節且氣溫較高時進行土樣採集為宜。

舉凡植物之地上部整株出現生長緩慢，葉片變小或變色黃化，表現出營養缺乏或水份不足等徵狀，皆表示該植物體或地下根系可能受到各種不明原因的傷害。由於大多數螺旋線蟲種類之寄生方式為外寄生性，以其口針刺吸根部表面根毛及皮層組織細胞之養份，導致根表皮出現壞疽病斑或伸展不良，進而導致植物地上部出現病徵，但是其病勢進展多較為溫和緩慢，故甚易被輕忽，因此於田間發現植株異常生長或外觀正常時都不可排除線蟲可能已經或正在危害影響該植物生長之可能。由上述之認知，田間螺旋線蟲病害診斷之方法可歸納為下列幾種情形：

1. 全園植株地上部外觀皆顯現病徵，此一情形下可採取其根系或薯塊等，檢視根表面有無褐化壞疽病斑或皮層脫落腐爛之情形，再將病根及根圍土壤分開或二者混合，以最簡便常用之改良式柏門氏漏斗分離法分離線蟲，若懸浮液中存在大量螺旋線蟲蟲體，而則幾可初步判定該病害發生與螺旋線蟲的存在有密切關聯。
2. 若園中罹病株和健康株並存，此一情形下可同時採取不同罹病等級植株和健康株之根系和根圍土壤，比較其線蟲密度，若罹病株之根表皮出現大小不一之褐色壞疽病斑且螺旋線蟲密度高，而健康株無該種線蟲或相對線蟲之密度明顯較低，此時應再密切觀察健康株有無相同病勢發展情形，若為產生相同病徵，則該螺旋線蟲種類與該病害發生應有密切關聯。
3. 施用殺線蟲藥劑於初期發病之罹病株，觀察作物生育有無恢復情形，且線蟲密度是否顯著降低，此一觀察結果亦可加強確認該線蟲是否與病害發生有關。

螺旋線蟲之分離方法

由於大部分螺旋線蟲種類為外寄生性，體型大小約 0.5-0.8 mm，其活動性強，多分佈於土壤介質中，甚少存在於根組織中，因此以改良式柏門氏漏斗分離法為最簡便常用方法，其步驟為：(1)混合土壤和根系，但應避免過份攪拌，(2)稱取 100 公克土樣，平均置放於二層平板衛生紙上，再平放網篩上，網篩孔目大小在 50-100 之間，(3)將含土樣之網篩放置於玻璃或塑膠製成之廣口漏斗上，由邊緣緩慢注入清水至淹蓋過土面，(4)於室溫下置放 24 小時後，取下指形管，存放於 6°C 冷藏箱下可維持至少 1-2 星期。

螺旋線蟲之形態鑑定

材料及設備

觀察用上述方法所分離之線蟲時，首先將指形管內之線蟲懸浮液倒入小培養皿內，皿內底部需劃有直線刻痕，以便了解相對位置及方便計算線蟲數目，靜置數分鐘，待線蟲沈降底部後即可觀察。鑑定線蟲可分為二步驟，首先以解剖顯微鏡進行線蟲屬之鑑定，解剖顯微鏡之放大倍率在 10 至 80 倍即可，而光源投射方式對觀察線蟲形態特徵，至為重要，必需選擇二段式折光源，且以濾鏡過濾成自然色，如此線蟲各部位之對比比較鮮明，而一般用於觀察枝條或葉片上之構造或病斑之解剖顯微鏡，其光源為由上或由下垂直投射，所觀察之線蟲蟲體呈現透明乳白色，不易於區分及體會各主要形態構造及特徵，如口針形狀大小、陰門位置及食道基部球與腸為腹面或背面重疊等。上述鑑定過程中無法判別之線蟲種類或擬進一步觀察之線蟲構造，再以挑針移置於載玻片上含 2% 福馬林溶液之水滴中，待線蟲靜止後，蓋上蓋玻片後再以光學顯微鏡觀察，此一顯微鏡具有油鏡頭較佳。

線蟲構造之測量方法

將上述保存在福馬林溶液中的各群線蟲，以挑針逢機挑取雌蟲、雄蟲數隻至載玻片上之原福馬林溶液滴中，再於解剖顯微鏡下以挑針將蟲體排列於中間，蓋下蓋玻片後，將玻片移置到光學顯微鏡 (Axiolab, ZEISS, Germany) 下檢視，並以所附之光學照相機 (ZEISS, MC80) 先拍攝體長、體寬及尾部之部分，等蓋玻片壓緊後再拍取口針部位。待底片 (35mm, ISO 100, Elite Chrome, Kodak, USA) 洗出後，將幻燈片影像投射於桌上型投影機 (NOVAMAT 150 AFI-M monitor, BRAUN, Germany) 的看板上，以具適當彈性之細塑膠線量取體長、體寬、肛門位置體寬 (anal body width)、尾部、口針及交接刺 (spicule) 等之長度後，將不同拍攝倍率之影像，依比例尺長度換算成實際值，再依據 de Man's 的公式換算各項目值。各群線蟲之雌蟲、雄蟲之測量樣本大部分至少 10 隻以上，鑑定樣本若不足，先從先前保存的樣本中或其次回到原先田間相同採集點再採集根圍土樣分離之。

線蟲體表特徵之 SEM 觀察

線蟲體表的構造是以低溫場放射掃描式電子顯微鏡 (cryo-field emission scanning electron microscope) 觀察，其主要步驟如下：先將保存在約 2 % 福馬林溶液中的線蟲樣本，以細玻璃吸管吸取至清水中漂洗後，再將蟲體以吸管吸取至裁成正方形邊長約 0.5 公分的拭鏡紙 (Kimwipes® EX-L) 中間位置。待適當乾燥後，以鑷子挾取拭鏡紙，將其黏附至一圓形金屬基座的上方表面，蓋上另一金屬蓋子，放入液態氮中冷凍固定後，迅速移入低溫零下 130°C 真空室中觀察 (JSM-6330F, Jeol, Tokyo, Japan)(郭與李, 2000)。

螺旋線蟲種類之分子標誌

線蟲總量 DNA 之萃取

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

線蟲 rDNA 片段序列之增幅

進行 PCR 增幅反應的混合液總共 25 µl，其中包含可增幅植物病原線蟲 rDNA 片段 (包含完整 5.8S 基因，ITS-1 和 ITS-2 內轉錄區間及部分 18S 和 28S 基因等之序列) 序列之通用性引子對 (Vrain et al., 1992)，各 0.5 µl；2 個單位的 *Taq* polymerase (Protech)；10 X *Taq* DNA polymerase buffer；A、T、C、G 四種 deoxyribonucleotide (dATP, dTTP, dCTP, dGTP)，各 0.1mM。PCR

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

線蟲 rDNA 增幅片段之選殖和解序

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

線蟲種類之 rDNA 片段代表性序列及相同度比對分析

為獲得每一種線蟲比較正確的 rDNA 片段代表性序列資料，本研究的方法為盡可能自每一群至少解序一個轉型株，再將此數個原始序列以 Genetics Computer Group (GCG) 所提供 SeqWeb 3.1 版中的 Pretty program 進行多條序列排列 (multiple sequences alignment)，而其所產生的一致性序列 (consensus sequence) 以人工校對的方式做部分的修正後，成為該種線蟲的最終代表性 rDNA 片段序列資料，再將其登錄至美國生物訊息中心 (NCBI, National center for biotechnology information) 的 GenBank 序列資料庫中，並查詢相關線蟲種類登錄情形。在種內各群和其代表性序列及種間的全 rDNA 片段序列或各別 ITS-1, 5.8S 和 ITS-2 的序列相同度分析方面，同樣以前述套裝軟體中的另一 BestFit program 進行比對，而其中所設定的分析參數皆為 gap weight = 50, length weight = 3。至於 ITS-1、ITS-2 和 5.8S 序列區間的推測範圍，其方法是選取 rDNA 片段序列長度相近的同屬及不同屬線蟲種類，以前述同樣的 BestFit program 進行成對比對後所推估得之。

結 果

本研究自 2005 至今，在全台各地及金門地區，於 13 類作物的根圈土壤中，共計分離到 28 群螺旋線蟲，其中 9 群為 *Helicotylenchus dihystra* (Cobb, 1893) Sher, 1961、6 群為 *H. crenacauda* Sher, 1966、4 群為 *Rotylenchus brevicaudatus* Colbran, 1962、6 群為 *Scutellonema brachyurum* (Steiner, 1938) Andrassy, 1958、3 群為 *S. truncatum* Sher, 1963 (表一；圖一至圖五)。其中 *R. brevicaudatus* 至目前僅在金門地區發現，而 *S. brachyurum* 和 *S. truncatum* 為台灣地區的新記錄種。至於 rDNA 片段的序列大小，前述 5 種螺旋線蟲依序分別為 1317 bp、1316 bp、1222 bp、1343 bp 及 1457 bp，並已首次在 GenBank 序列資料庫中登錄之。

討 論

依截至目前的鑑定結果顯示，台灣和金門地區的螺旋線蟲 *Helicotylenchus* spp. 的種類有 *H. dihystra* 和 *H. crenacauda* 二種，未發現在國外嚴重危害香蕉的 *H. multicinctus*。在螺旋線蟲 *Scutellonema* spp. 方面，只有 *S. brachyurum* 和 *S. truncatum* 二種，未發現山藥螺旋線蟲 *S. bradys*。至於螺旋線蟲 *Rotylenchus* spp. 方面，迄今僅於外島金門地區發現 *R. brevicaudatus* 一種，在台灣本島地區則尚未分離到屬於該屬的線蟲種類。為確定台灣地區是否存在 *H. multicinctus* 和 *S. bradys*，進行全島香蕉和山藥的螺旋線蟲種類及其分佈的研究有其必要性，以此為基礎方向，進而廣泛建立台灣地區作物線蟲資料庫，對於本國植物線蟲防檢疫政策的擬訂及實際工作的推行具有莫大的助益。

在上述 5 種螺旋線蟲中，以 *H. dihystra* 的寄主植物種類最多，且分佈地區最廣泛，至於 *H. crenacauda* 只於稻田和一處香蕉園中發現；*Scutellonema* spp. 於黃氏等 (1972) 的調查報告中，僅於茶和唐菖蒲上被分離到，而本研中只於金花石蒜，金針花及松葉武竹上鑑定出 *S. brachyurum*，且密度相當高，另 *S. truncatum* 亦只於竹園中存在，因此 *H. crenacauda*、*S. brachyurum* 和 *S. truncatum* 此三種螺旋線蟲，相對於 *H. dihystra*，具有明顯的寄主植物專一性現象。*Rotylenchus brevicaudatus* 至今只存在於金門一地，先前雖有多篇報告台灣地區有 *Rotylenchus* spp. (黃等, 1972; 童, 1966; 胡和朱, 1959)，但都未記錄相關形態測量資料，因此不可考。*R. brevicaudatus* 以 2% 福馬林溶液殺死固定後的外觀形態和 *Scutellonema truncatum* 頗為相近，在低放大

倍率的解剖顯微鏡下極易混淆，其最主要差異必需在光學顯微鏡 100 倍油鏡頭下觀察側尾腺孔 (phasmids) 的大小而定。

在本研究中，經由較多供試群的形態測量值和其中部分群的 rDNA 片段序列相同度的綜合比對分析，對台灣地區此 5 種螺旋線蟲的形態變異範圍已有了更確切的認知，至於在和各螺旋線蟲的副模標本 (paratypes)、地模標本 (topotypes) 或餘模標本 (paralectotypes)，以及和部分國外鑑定的比較群進行比對的結果顯示，其部分測量值間仍存在許多不同程度的差異，而此不確定的差異究竟是因世界不同地區的地理環境或作物種類不同所影響，亦或是檢視樣本的數量及測量方法等不同原因所致，則有待進一步澄清；但經由登錄及分析更多 GenBank 資料庫中的螺旋線蟲種類的 rDNA 片段序列資料，將輔助全世界線蟲專家更客觀地了解各種螺旋線蟲在形態上可能之變異範圍。

建立本國植物病原線蟲種類為擬定和執行防檢疫工作的重要一環，而以往線蟲種類之鑑定主要以形態特徵為主，一般未經專業訓練之防檢疫人員恐難確實執行線蟲傳統的形態鑑定，因此農試所線蟲研究室現今正著手開發正確、快速及簡便之線蟲種類分生鑑定技術，藉以落實植物線蟲防檢疫工作。

引用文獻

- 胡舉和、朱學曾。1959。臺灣蔗園土中線蟲調查。臺灣糖業試驗所研究彙報 19: 31-51。
- 黃焯雄、蔡雲鵬、林奕耀、杜金池、黃修斌。1972。臺灣植物寄生性線蟲。中研院植研所專刊第一號。61 頁。
- 陳殿義。2004。台灣地區劍線蟲種類之鑑定與變異。國立中興大學植物病理學系博士論文。162 頁。
- 陳殿義、陳瑞祥、顏志恒、蔡東纂、倪蕙芳。2006。台灣和金門地區螺旋線蟲和矛線蟲 (Nematoda: Hoplolaiminae) 之種類鑑定。植病會刊 15: 25-38。
- 陳殿義、倪蕙芳、陳瑞祥、顏志恒、蔡東纂。2006。台灣和金門地區螺旋線蟲(Nematoda: Rotylenchinae)之種類鑑定。植病會刊 15: 153-169。
- 陳殿義、倪蕙芳、顏志恒、陳瑞祥、蔡東纂。2006。稻穿根線蟲 *Hirschmanniella oryzae* 及新紀錄種 *H. mucronata* (Nematoda: Pratylenchidae) 在台灣稻田之分佈。植病會刊 15: 197-210。

- 陳殿義、倪蕙芳、顏志恒、蔡東纂。2006。台灣地區矮化線蟲 *Tylenchorhynchus annulatus* 及新紀錄種 *T. leviterminalis* (Nematoda: Belonolaimidae) 之鑑定。植病會刊 15: 251-262。
- 陳殿義。2006。台灣地區植物病原線蟲鑑定研究現況。作物病害管理技術研討會專刊。嘉義。223 頁。
- 陳殿義、倪蕙芳、顏志恒、蔡東纂。2007。台灣地區茶園釘線蟲新紀錄種 *Paratylenchus lepidus* (Nematoda: Criconematoidea, Tylenchulidae) 之鑑定。植病會刊 16: 41-46。
- 童慕秋。1963。有關台灣柑桔之寄生性線蟲調查。植保會刊 5: 17-23。
- Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2005. Differentiation of the *Xiphinema americanum*-group nematodes *X. brevicollum*, *X. incognitum*, *X. diffusum* and *X. oxycaudatum* in Taiwan by morphometrics and nuclear ribosomal DNA sequences. *Nematology* 7: 713-725.
- Krall, E. L. 1990. Root parasitic nematodes- Family Hoplolaimidae. E. J. Brill, Leiden, 580 pp.
- Libman, G., Leach, J. G., and Adams, R. E. 1964. Role of certain plant-parasitic nematodes in infection of tomatoes by *Pseudomonas solanacearum*. *Phytopathology* 54: 151-153.
- Luc, M., Sikora, R. A., and Bridge, J. 1990. Plant parasitic nematodes in subtropical and tropical agriculture. CAB international, UK. 629 pp.
- Siddiqi, M. R. 1972. *Rotylenchus robustus*. C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 1, No. 11. Farnham Royal, UK: Commonwealth Agricultural Bureaux.
- Stewart, R. N., and Schindler, A. F. 1956. The effect of some ectoparasitic and endoparasitic nematodes on the expression of bacterial wilt in carnations. *Phytopathology* 46: 219-222.

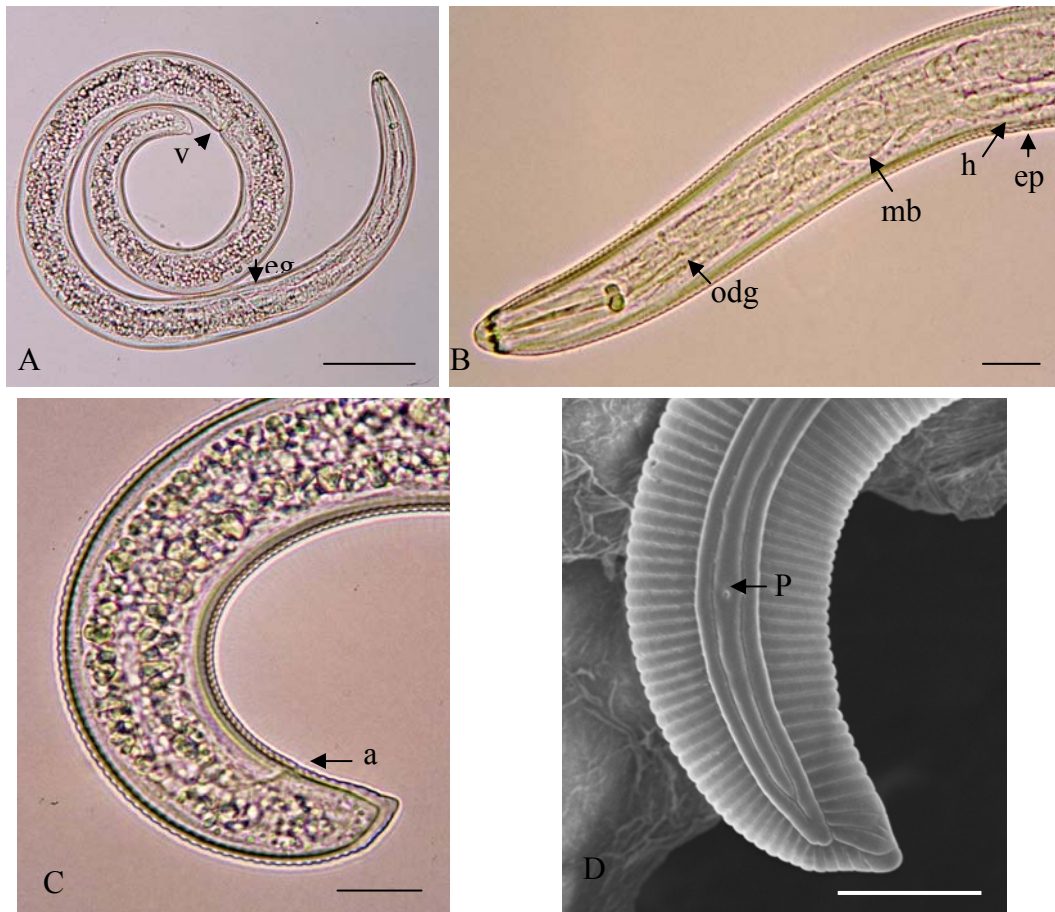
表一、台灣和金門地區的螺旋線蟲種類鑑定(2005 至 2006 年)

線蟲種類	寄主植物	採集地點	登錄號碼 (GenBank)
<i>Helicotylenchus dihystra</i> ** *	鳳梨、柑桔(茂谷、金桔、香丁)、香蕉(北蕉、芭蕉)、梨	瑞穗、名間、橫山、礁溪、池上、三星、東勢、金門	DQ309585
<i>H. crenacauda</i>	稻、香蕉(北蕉)	湖口、名間、三星、后里、苑裡、草屯	DQ309586
<i>Rotylenchus brevicaudatus</i> * *	茄子、辣椒、番茄、蒜	金門	DQ309587
<i>Scutellonema brachyurum</i> *	金花石蒜、金針花、松葉武竹	淡水、后里、富里、太麻里	DQ316097
<i>S. truncatum</i> *	竹(綠竹、麻竹)	坪林、台中市、淡水	DQ316098

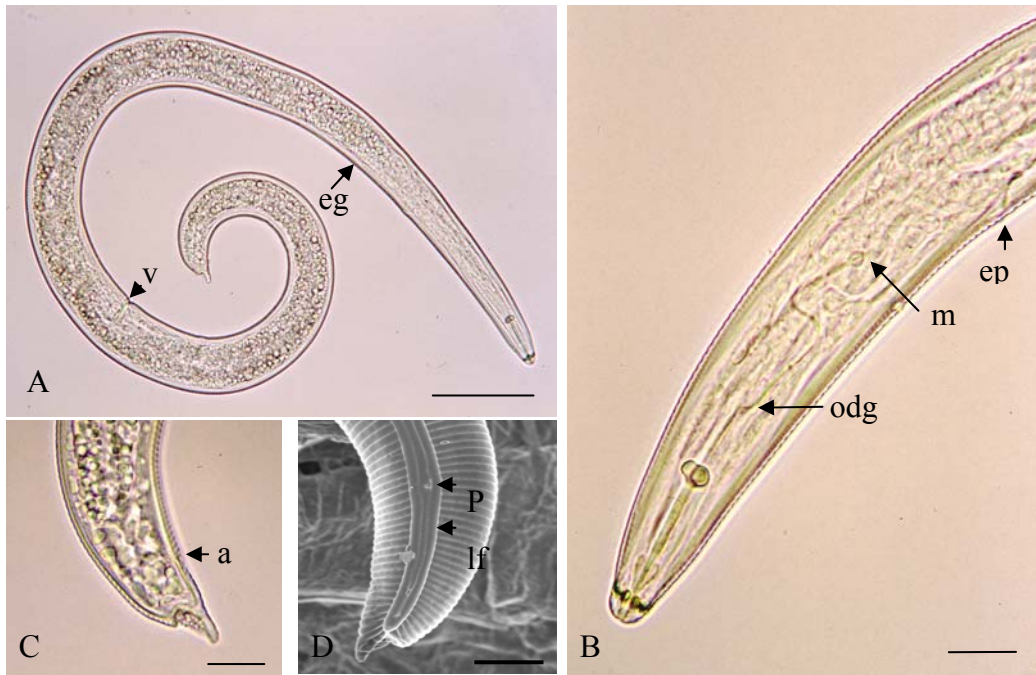
*台灣地區新記錄種

**金門地區新記錄種

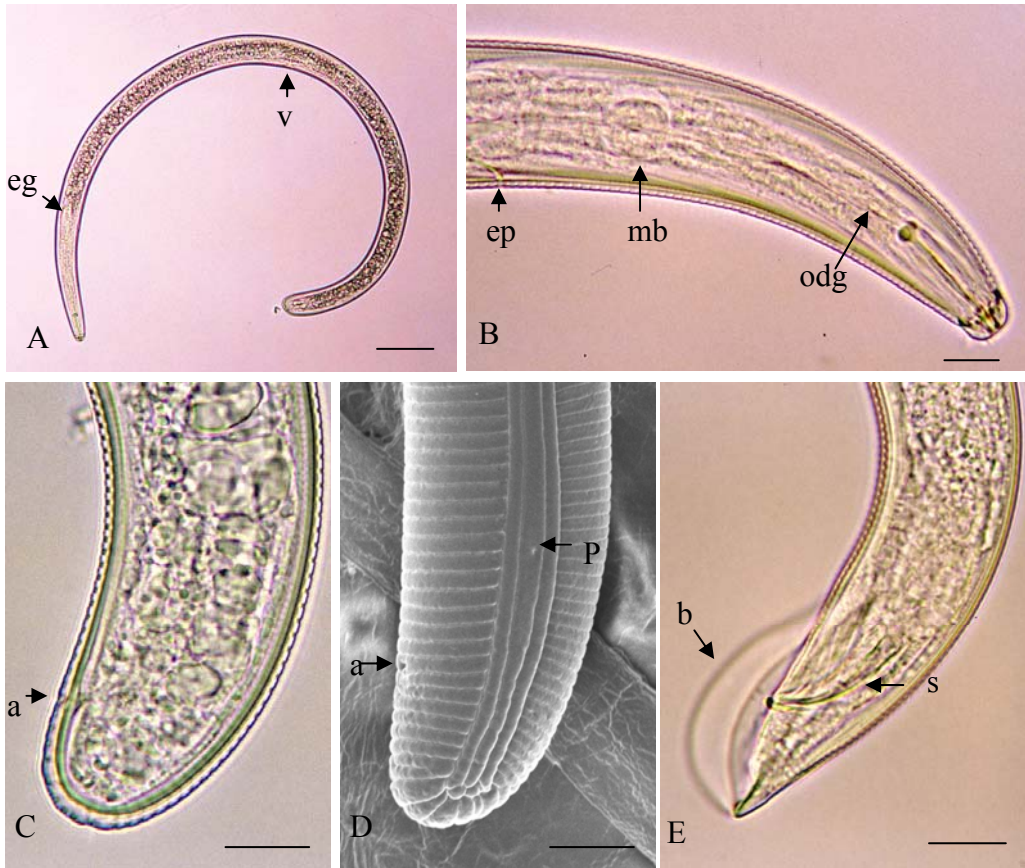
***首次記錄形態測量值資料



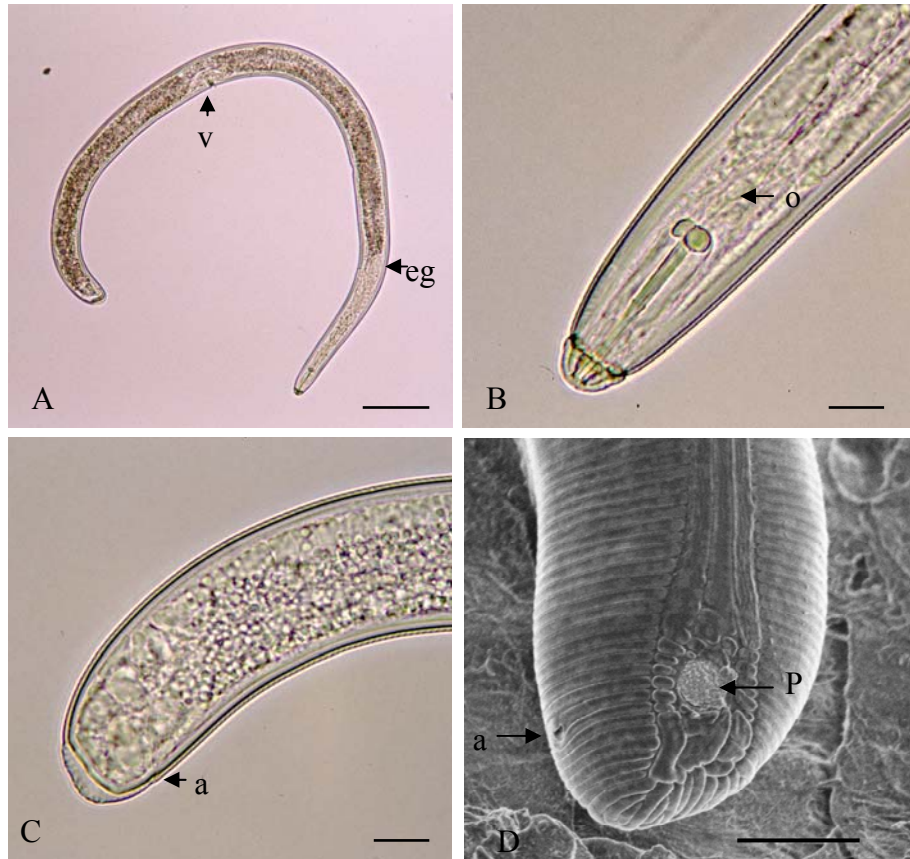
圖一、*Helicotylenchus dihystra*雌蟲之光學和SEM影像形態：A, 蟲體靜止時形態 (eg, 食道腺體；V, 陰門)；B, 蟲體頭端部分 (ep, 排泄孔；h, 半月體；mb, 中部食道球；ODG, 背部食道腺體之開口位置)；C&D 蟲體尾端部分 (a, 肛門位置；P, 側尾腺孔)。比例尺長度：A=50微米；B-D=10微米。



圖二、*Helicotylenchus crenacauda*雌蟲之光學和SEM影像形態：A, 蟲體靜止時形態 (v, 陰門；eg, 食道腺體)；B, 頭端部分 (ep, 排泄孔；mb, 中部食道球；odg, 背部食道腺體之開口位置)；C和D, 尾端部分 (a, 肛門位置；lf, 側帶；p, 側尾腺孔)。比例尺長度：A=50微米，B-D=10微米。



圖三、*Rotylenchus brevicaudatus*之光學和SEM影像形態：A, 蟲體靜止時形態(eg, 食道腺體；v, 陰門)；B, 頭端部分 (ep, 排泄孔；mb, 中部食道球；odg, 背部食道腺體之開口位置)；C和D, 雌蟲尾端部分 (a, 肛門位置；P, 側尾腺孔)；E, 雄蟲尾端部分(b, 交接囊；s, 交接刺)。比例尺長度：A=50微米，B-E=10微米。



圖四、*Scutellonema brachyurum*雌蟲之光學和SEM影像形態：A, 蟲體靜止時形態 (eg, 食道腺體；v, 陰門)；B, 蟲體頭端部分 (o, 背食道腺體之開口位置)；C和D, 尾端部分 (a, 肛門位置；p, 側尾腺孔)。比例尺長度：A=50微米，B-D=10微米。



圖五、*Scutellonema truncatum*雌蟲之光學和SEM影像形態：A，蟲體靜止時形態 (eg, 食道腺體；V, 陰門)；B，蟲體頭端部分 (mb, 中部食道球；o, 背食道腺體之開口位置)；C和D，蟲體尾端部分 (a, 肛門位置；ae, 側帶橫條溝)。比例尺長度：A=50微米，B-D=10微米。