

DOI: 10.12264/JFSC2020-0342

胭脂鱼寄生单殖吸虫形态特征及其系统发育分析

翟凯旋^{1,2}, 习丙文^{1,2}, 陈凯², 潘良坤², 朱新鹏³

1. 南京农业大学无锡渔业学院, 江苏 无锡 214081;
2. 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 农业农村部淡水渔业和种质资源利用重点实验室, 江苏 无锡, 214081;
3. 江苏中洋集团长江珍稀鱼类繁育养殖基地, 江苏 南通 226600

摘要: 为准确鉴定严重危害保育胭脂鱼(*Myxocyprinus asiaticus*)的单殖吸虫(Monogenea)种类, 本研究采用形态特征和 LSU rDNA 序列分析相结合的手段对所发现样品进行准确鉴定和描述。在养殖基地胭脂鱼鳃部所检查到的单殖吸虫形态特征如下: 虫体呈长带状, 前端具有口吸盘; 阴道细长, 交配管呈钩状, 具有中央刺, 卵茄形; 具 2 对中央大钩, 固着器与虫体分界明显, 覆盖有指向前方的几丁质棘。LSU rDNA 序列分析表明该单殖吸虫与美国亚口鱼(*Catostomus ardens*)寄生的一种伪繆丽虫(*Pseudomurraytrema* sp.)相似率最高(91.7%, AF382059); 系统发育分析表明其与鳞盘虫科类群亲缘关系较近并位于分支基部。综合形态和分子数据, 本研究所发现寄生于胭脂鱼鳃部的单殖吸虫被鉴定为亚洲伪繆丽虫。本文补充了亚洲伪繆丽虫的形态学特征和 LSU rDNA 序列数据, 为进一步研究胭脂鱼寄生亚洲伪繆丽虫的疾病防控提供基础资料。

关键词: 胭脂鱼; 单殖吸虫; 伪繆丽虫; 形态特征; 系统发育

中图分类号: S941

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2021)03-0364-07

胭脂鱼(*Myxocyprinus asiaticus*)是亚口鱼科(Catostomidae)在亚洲大陆分布的特有属种, 主要分布在长江及闽江流域, 被国家列为国家二级水生野生保护动物^[1]。近年胭脂鱼的人工保育繁殖非常成功, 但其保育研究过程中传染性病害时有发生, 如细菌性烂鳃病、小瓜虫病、单殖吸虫病等, 已经成为限制胭脂鱼养殖行业发展的重要因素^[2]。目前对胭脂鱼的研究主要集中在驯养繁育、生长发育、遗传分析等方面, 而对其病害诊治方面的研究较少^[3]。

单殖吸虫属于扁形动物门单殖吸虫纲(Monogenea), 多数种类主要寄生于鱼类的鳃、皮肤、鳍以及与体外相通的口腔、鼻腔、膀胱等, 少数寄生于两栖类和水生爬行类^[4]。目前全世界记录的

鱼类单殖吸虫 3000 余种^[5-6], 部分种类对养殖或野生鱼类造成严重危害, 甚至导致大量苗种死亡^[7]。病原种类的准确鉴定是开展单殖吸虫相关疾病流行病学和防控技术研究的重要基础。传统单殖吸虫种类鉴定以形态学特征为主^[8-10], 但吸虫形态结构简单, 种类繁多, 使得形态学鉴定容易受到主观因素的影响, 存在同物异名、隐存种等问题^[11]。近年来, 随着分子生物学的发展, 更多学者青睐于利用分子数据对指环虫属单殖吸虫进行物种鉴定、系统发育、适应辐射及寄生虫与宿主间协同进化关系等方面的研究^[12-14]。

国内胭脂鱼寄生单殖吸虫鲜有报道。1978 年, 张剑英等^[15]首次报道了 1 种采集自长江中游(湖北嘉鱼)野生胭脂鱼鳃上的单殖吸虫, 并命名为亚

收稿日期: 2020-10-28; **修订日期:** 2020-11-23.

基金项目: 农业农村部大宗淡水鱼产业技术体系项目(CARS-45); 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心基本科研业务费项目(2019JBFZ08).

作者简介: 翟凯旋(1996–), 男, 硕士研究生, 研究方向为鱼类寄生虫. E-mail: 619081460@qq.com

通信作者: 习丙文, 研究员, 研究方向为鱼类寄生虫与病害研究. E-mail: xibw@ffrc.cn

洲伪缪丽虫(*Pseudomurraytrema asiaticus*); 此后胭脂鱼寄生虫相关研究报道极少, 在一些文献报道中患病胭脂鱼鳃上所发现的寄生虫被粗略的鉴定为单殖吸虫或指环虫^[16]。近期笔者在人工保育养殖的胭脂鱼疾病诊断过程中, 从患病幼鱼的鳃上发现大量单殖吸虫。本研究通过对该寄生虫形态特征、LSU rDNA 序列和系统进化关系分析, 为胭脂鱼寄生虫病原准确诊断和防治提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 样品采集及处理

2019年6月江苏中洋集团长江珍稀鱼类繁育养殖基地将患病胭脂鱼幼鱼(6尾, 10~15 cm)送到实验室检查。在鳃部寄生虫检查中, 发现单殖吸虫感染率100%, 感染强度5~10个/尾。新鲜虫体采用水浸压片法, 进行形态观察; 虫体样品和DNA提取样品保存于95%酒精中。

1.2 形态学观察

取出完整虫体于载玻片上, 滴加一滴生理盐水, 置于显微镜(Olympus CX-31)下观察、拍照及测量。图像的采集和测量通过TSViewer软件辅助完成。测量数值均以 μm 为单位(平均值 $\pm$ 标准差)。将发现的虫体形态数据与已经发表的物种^[17]进行仔细比对, 鉴定种类。

1.3 DNA的提取、PCR扩增与测序

样品基因组DNA提取按照磁珠法微量基因组DNA抽提试剂盒(上海生工)说明书步骤提取虫体DNA, 保存 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 备用。LSU rDNA序列片段(D1~D3)扩增采用引物组: LSU-F: ACCCGCTG-AATTTAAGCAT 和 LSU-R: TGGTCCGTGTTTC-AAGAC^[18]。PCR反应体系(50 μL)包含 Premix Ex Taq (25 μL)、上下游引物(各10 μm , 1 μL)、DNA模板(4.0 μL)和ddH₂O(19 μL)。反应程序设置为94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性5 min, 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性30 s, 57 $^{\circ}\text{C}$ 退火30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸1 min 30 s, 35个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸7 min。PCR产物经1.2%琼脂糖凝胶电泳检测, 阳性条带产物送上海生工进行测序。

1.4 序列分析

测序数据采用SeqMan检查和拼接, 通过

BLAST 比对分析 GenBank 核酸数据库中相似度较高的序列, 下载单殖吸虫纲同源序列进行系统发育分析。采用ClustalX^[19]对序列进行多重序列比对, MEGA7^[20]软件自带Models中检测最佳DNA计算模型, 并进行最大似然法(maximum likelihood, ML)系统发育分析, 系统发育树支持率采用1000次自展分析。贝叶斯推断法(Bayesian Inferences, BI)的系统发育分析采用MrBayes ver. 3.1.2 软件^[21], 以随机树为起始树, 模型设置为nst=6, rate=invgamma, 以马尔科夫链的蒙特卡罗方法(Markov Chain Monte Carlo process)的4条链运行2000000代, 拓扑树检验采用后验支持概率。

2 结果与分析

2.1 形态学鉴定

成虫体长1.0~1.4 mm。背腹扁平, 两侧对称, 体延长, 体表光滑(图1a)。虫体前端具有肌肉质的口吸盘, 咽球形, 周围有4个眼点(图1b)。阴道细长, 呈弹簧状(图1c)。交配器略呈C字形, 交配管呈钩状, 在中央突出一粗壮的中央刺, 端部尖细, 呈镰刀状。卵为茄子形, 深桔黄色, 前端钝圆, 中部之后稍弯曲, 后部具有一柄状的卵丝, 末端膨大呈球状(图1d)。后吸器与体前部有明显的区分, 有2对形状相似、无内外突分化的中央大钩; 腹中央大钩有1呈菱角形的联结片; 背中央大钩有1对左右排开的呈长条状的联结片; 边缘小钩14个(图1e)。虫体固着器前方覆盖有向前延伸的几丁质棘(图1f)。

2.2 分子序列分析

PCR克隆获得的LSU DNA片段为950 bp (GenBank: MT376587); BLASTn 比对分析与美国亚口鱼(*Catostomus ardens*)寄生的一种伪缪丽虫(*Pseudomurraytrema* sp.) (AF382059)序列相似性最高, 为91.7%, 其次是巴西清道夫(*Hypostomus plecostomus*)寄生的*Unilatus unilatus* (90.7%, MF102106)和*Heteropriapulius* spp. (90.0%, MF116370-MF116373), 以及中国东海海鳗(*Muraenesox cinereus*)寄生的一种似缪丽虫(*Murraytrema* sp.) (88.5%, JN712915)。系统发育分析(图2)表明本文发现的亚洲伪缪丽虫与美国亚

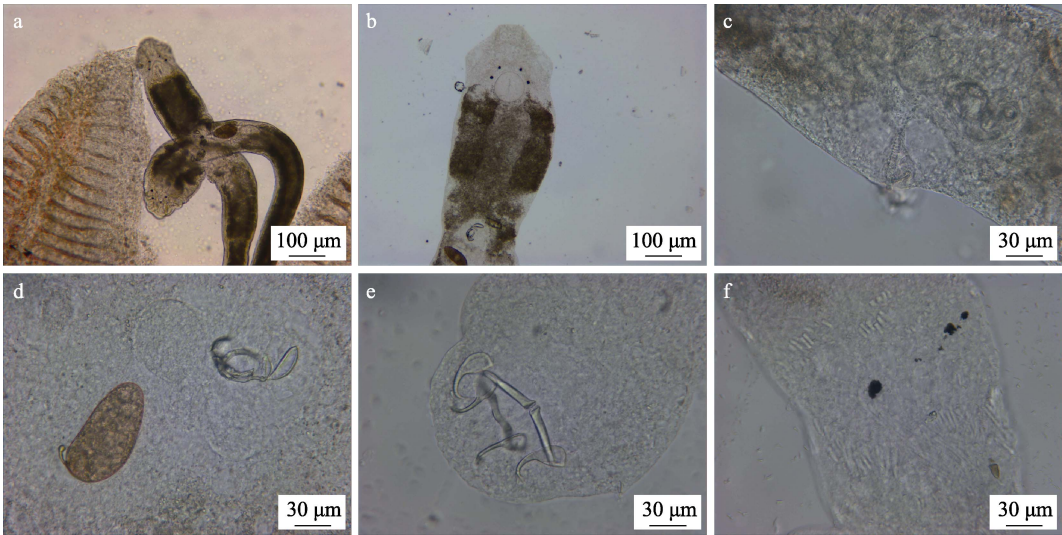


图 1 亚洲伪繆丽虫形态学特征

a. 一对成虫; b. 成虫头部; c. 阴道呈弹簧状; d. 茄形卵; e. 固着器; f. 固着器前覆盖有指向前方的几丁质棘.

Fig. 1 Morphological observation of *Pseudomurraytrema asiaticus*

a. a pair of adults; b. adult head; c. spring-shaped vagina; d. eggplant-shaped egg; e. haptor; f. the haptor is covered with chitin spines.

表 1 几种伪繆丽虫之间的形态比较

Tab. 1 Comparison of related species in genus *Pseudomurraytrema*

种类 species	μm						
	<i>Pseudomurraytrema asiaticus</i> (this study)	<i>P. asiaticus</i> (Chang & Ji, 1978)	<i>P. alabarrum</i> (Rogers et al. 1966)	<i>P. paradoxum</i> (Kritsky et al. 1969)	<i>P. copulatum</i> (Mueller et al. 1969)	<i>P. copulatum</i> (Mizelle et al. 1953)	<i>P. copulatum</i> (Webb et al. 1953)
体长 body length	1075–1400	1300–1480	1070–1700	681–910	399–587	1224–2700	756–1080
体宽 body width	250–312	276–305	150–220	84–112	81–128	237–374	162–225
咽大小 pharynx size	101–108	17–22	50–70	35–43	37–42		
固着器大小 haptor size	65(53–78)× 96(81–109)	26–42× 29–43	115–150× 110–140	97(83–110)× 123(106–134)	71(53–85)× 94(73–109)		
边缘小钩长度 marginal hook length	9–12	12–17	14	9–14	13(12–14)		13
腹锚钩全长 ventral anchor length	45–50	46–49	75(64–82)	31(26–35)	48(44–50)	66–88	61(58–72)
腹锚钩宽度 ventral anchor width	10–15	18–22	28(24–30)	14(9–16)	20(19–22)	44(33–50)	29(23–34)
腹联结片大小 ventral bar size	15×42	9–12×61–76	69(62–80)	65(61–71)	65(61–71)	62(54–71)	53(44–63)
背锚钩全长 dorsal anchor length	31–37	44–47	74(64–85)	46(42–50)	60(58–64)	66–88	63(60–73)
背锚钩宽度 dorsal anchor width	13–17	21–22	20(25–34)	19(15–21)	23(16–27)	38–54	
背联结片大小 dorsal bar size	12×43	9×(49–59)	17(14–20)× 73(65–80)	46(41–50)	39(37–40)	69(46–96)	48(42–52)
交配管长度 copulatory organ length	72–81	94–120	38(37–40)	33(26–38)	37(35–38)	42(36–45)	37(29–41)
辅助交配器长度 accessory copulatory organ length	30–55	44–52	29(27–30)	29(24–35)	38(30–45)	37(33–39)	34(25–41)
卵大小 egg size	95(90–109)× 43(39–46)	121×(46–61)		85(80–94)× 57(53–64)	93×65		
卵形状 egg shape	茄形	茄形		卵圆形	卵圆形		

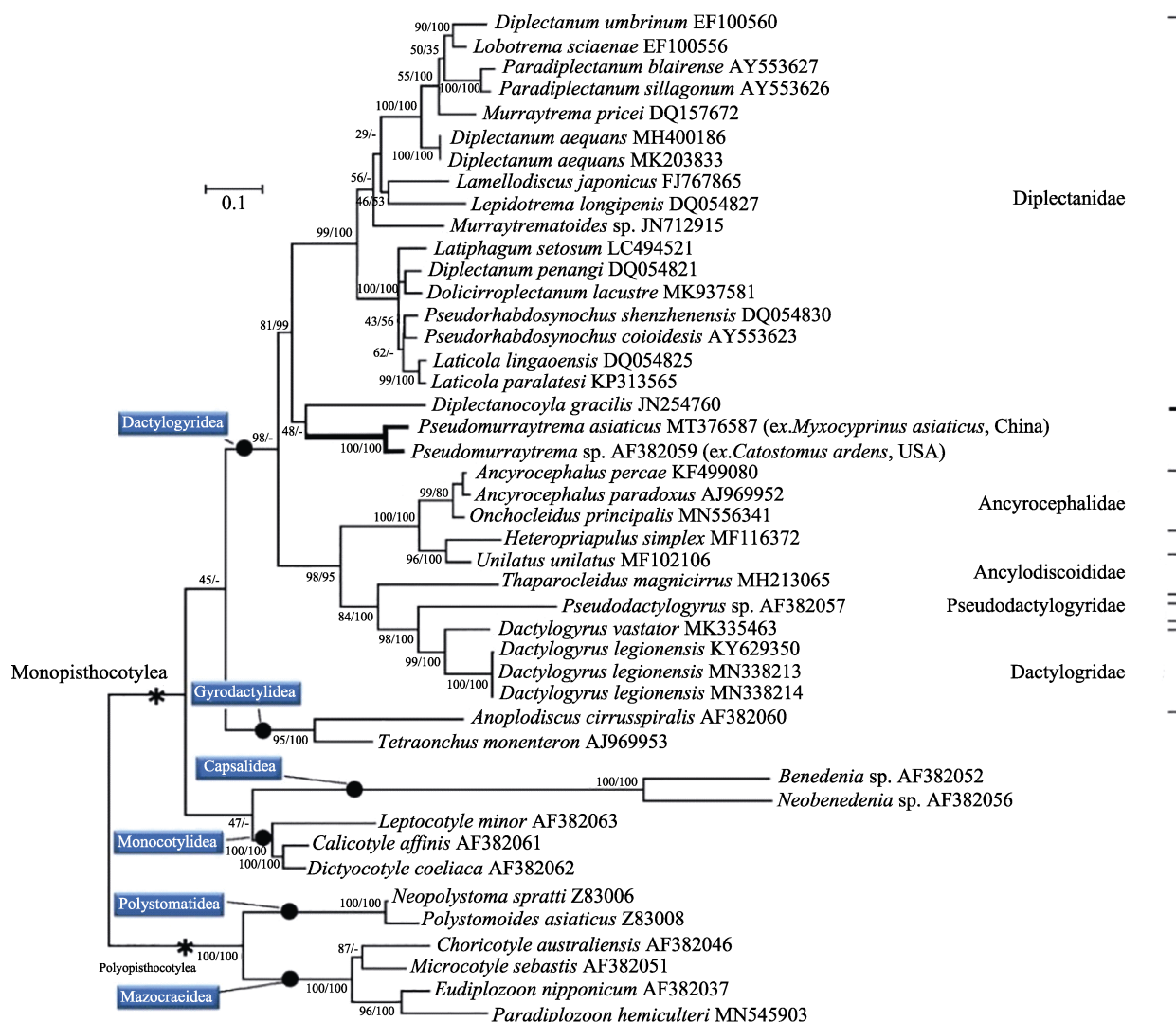


图 2 亚洲伪缪丽虫基于 LSU DNA 序列构建的最大似然法系统发育树

分支旁数值分别为最大似然法(ML)和贝叶斯推断法(BI)支持率。

Fig. 2 Phylogenetic relationship of *Pseudomurraytrema asiaticus* based on ML analysis with LSU rDNA

Numbers near the branches show the support of ML and BI analyses, respectively.

口鱼寄生的伪缪丽虫(*Pseudomurraytrema* sp.)单独聚为一支(ML/BI 支持率 100%/100%)。尽管伪缪丽虫分支与邻近的 *Diplectanocoyla gracilis* 亲缘关系在系统树中不稳定,但其位于鳞盘虫科基部具有很高的支持率(ML/BI: 99%/100%)。伪缪丽虫与近期从锚首虫科移入鳞盘虫科的 *Lobotrema*、*Murraytrema* 和 *Murraytrematoides* 属种类在系统树中具有较远的亲缘关系。

3 讨论

胭脂鱼鳃上大量感染单殖吸虫时引起苗种大批死亡^[22]。本研究在保育基地胭脂鱼发病个体鳃

上所发现的寄生虫,通过形态特征和 DNA 序列分析鉴定为单殖吸虫纲(Monogenea)单后盘亚纲(Monopisthocotylea)指环虫目(Dactylogyridea)指环虫亚目(Dactylogyrynea)伪缪丽虫科(*Pseudomurraytrematidae*)伪缪丽虫属(*Pseudomurraytrema*)的亚洲伪缪丽虫(*Pseudomurraytrema asiaticus* Chang & Ji, 1978)。张剑英等^[15]在对该寄生虫首次命名分类的时候依据固着器特征将其划入锚首虫科(Ancyrocephalidae)。但是,本文基于 LSU rDNA 序列的系统发育分析发现,伪缪丽虫属的两种聚为一支且与鳞盘虫科形成并列支,说明亚洲伪缪丽虫与鳞盘虫科类群较锚首虫科类群的亲缘关系

更近。虽然伪缪丽虫属不具有明显鳞盘的后吸器,但其虫体固着器前覆盖有指向前方的几丁质棘,在形态特征上也与鳞盘虫科类群较为相似。吴相云^[23]在分析鳞盘虫科的系统发育关系时也发现伪缪丽虫科在系统关系上表现出与鳞盘虫类较近,进一步支持伪缪丽虫科与鳞盘虫科的姐妹群关系。在 Boeger 等^[24]创建的分类系统中,他们根据传统形态学、超微结构及分子生物学证据将指环虫亚目(Dactylogyrinea)分为 3 个科,即鳞盘虫科(Diplectanidae Monficelli, 1903)、指环虫科(Dactylogyridae Bychowsky, 1933)与伪缪丽虫科(Pseudomurraytrematidae Kritsky, Mizelle and Bilqees, 1978),本研究结果同样对这种分类方法表示支持。

单殖吸虫的分类鉴定主要依据后吸器和生殖器的形态学特征^[12-14]。后吸器(锚钩或吸铗、边缘小钩、联结片等)、交接器(包括支持器及交接管)、前列腺囊及阴道结构等是各类群主要区别特征^[9]。由于缺少后吸器的鳞盘结构, *Lobotrema* 和 *Murraytrema* 曾在分类系统中被归入锚首虫科^[14]。本文系统发育分析表明 *Lobotrema* 和 *Murraytrema* 与鳞盘虫科的 *Diplectanum* 和 *Paradiplectanum* 亲缘关系非常近。根据具有相似的副交接器、前列腺囊结构, Oliver 等^[25]和 Domingues 等^[26]在新的分类系统中将 *Lobotrema* 和 *Murraytrema* 移入鳞盘虫科。研究发现后吸器结构作为高阶元的目和科鉴别特征不完全可靠^[27-28]; 后吸器的结构(包括鳞盘的缺失、钩的形状及联结片的数量等)可能是对适应特定宿主进化出的结果^[25-26,29]。大西洋鲑三代虫(*Gyrodactylus salaris*)形态特征研究表明后吸器几丁质结构容易受到温度、宿主种类和地理分布等因素影响呈现种内的形态多样性和可塑性^[12-14]。通常单殖吸虫具有宿主特异性,因此,宿主种类常被采用为分类特征之一。此外,目前分子生物学手段被广泛应用到种类鉴定及解析类群间系统发育关系。

亚口鱼科鱼类(Catostomidae)主要分布于全北区(holarctic)淡水水域,全球共 14 属约 80 种;绝大多数种类分布于北美洲和中美洲,约有 13 属 75 种;仅有少数分布在亚洲,即分布于西伯利亚

的 *Catostomus catostomus* 以及中国长江和闽江流域的 *Myxocyprinus asiaticus*^[30]。由于早期地球板块运动,亚洲胭脂鱼与美洲的亚口鱼在白垩季晚期出现分化^[31]。然而,本文系统发现它们鳃部寄生的单殖吸虫仍然具有最近的亲缘关系,呈现明确寄生虫与宿主协同进化关系。

总之,本研究描述了严重危害保育胭脂鱼种群的亚洲伪缪丽虫的形态和 DNA 序列特征;系统发育分析表明亚洲伪缪丽虫(*Pseudomurraytrema asiaticus*)在进化上与鳞盘虫科类群亲缘关系较近;亚洲伪缪丽虫具有严格宿主特异性,并与宿主鱼呈现协同进化。

参考文献:

- [1] Zhang C G, Zhao Y H, Kang J G. A discussion on resources status of *Myxocyprinus asiaticus* (Bleeker) and their conservation and the recovery[J]. Journal of Natural Resources, 2000, 15(2): 155-159. [张春光, 赵亚辉, 康景贵. 我国胭脂鱼资源现状及其资源恢复途径的探讨[J]. 自然资源学报, 2000, 15(2): 155-159.]
- [2] Zhou J. Etiology, prevention and treatment of *Myxocyprinus asiaticus* bust[J]. Journal of Aquaculture, 2007, 28(4): 40-41. [周剑. 胭脂鱼暴发病病因及防治[J]. 水产养殖, 2007, 28(4): 40-41.]
- [3] Tian T. Quick identification key for diagnosing common diseases of Chinese sucker, *Myxocyprinus asiaticus*[J]. Fisheries Science & Technology Information, 2019, 46(1): 50-51. [田甜. 胭脂鱼常见病害快诊速查检索表[J]. 水产科技情报, 2019, 46(1): 50-51.]
- [4] Kearns G C. Evolutionary expansion of the Monogenea[J]. International Journal for Parasitology, 1994, 24(8): 1227-1271.
- [5] Poulin R. The evolution of monogenean diversity[J]. International Journal for Parasitology, 2002, 32(3): 245-254.
- [6] Meng F Y. Morphological taxonomy of monogeneans and molecular identification of Diplozoidae and Ancyrocephallidae parasitizing 10 host fishes from Lancang River, Jinghong Basin[D]. Kunming: Yunnan Normal University, 2016. [孟飞燕. 澜沧江景洪流域 10 种鱼类单殖吸虫的形态学分类及双身虫科和锚首虫科的分子鉴定[D]. 昆明: 云南师范大学, 2016.]
- [7] Wu X Y, Zhu X Q, Xie M Q, et al. The evaluation for generic-level monophyly of *Ancyrocephalinae* (Monogenea, Dactylogyridae) using ribosomal DNA sequence data[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2007, 44(2): 530-544.
- [8] Cribb T H, Bray R A. Gut wash, body soak, blender and

- heat-fixation: Approaches to the effective collection, fixation and preservation of trematodes of fishes[J]. Systematic Parasitology, 2010, 76(1): 1-7.
- [9] Miller T L, Cribb T H. Eight new species of *Siphoderina manter*, 1934 (Digenea, Cryptogonimidae) infecting Lutjanidae and Haemulidae (Perciformes) off Australia[J]. Acta Parasitologica, 2008, 53(4): 344-364.
- [10] Mo T A. Seasonal variations of the opisthaptor hard parts of *Gyrodactylus derjavini* Mikailov, 1975 (Monogenea: Gyrodactylidae) on brown trout *Salmo trutta* L. parr and Atlantic salmon *S. salar* L. parr in the River Sandvikselva, Norway[J]. Systematic Parasitology, 1993, 26(3): 225-231.
- [11] Guo M. Identification and phylogeny of genus *Thaparocleidus* and *Dactylogyrus* parasitizing host fishes from deze basin of Jinshajiang River[D]. Kunming: Yunnan Normal University, 2019. [郭苗. 金沙江德泽段撒氏虫属(*Thaparocleidus*)和指环虫属(*Dactylogyrus*)单殖吸虫的鉴定及系统发育研究[D]. 昆明: 云南师范大学, 2019.]
- [12] Cunningham C O, McGillivray D M, MacKenzie K, et al. Identification of *Gyrodactylus* (Monogenea) species parasitizing salmonid fish using DNA probes[J]. Journal of Fish Diseases, 1995, 18(6): 539-544.
- [13] Olson P D, Littlewood D T J. Phylogenetics of the Monogenea-evidence from a medley of molecules[J]. International Journal for Parasitology, 2002, 32(3): 233-244.
- [14] Ding X J, Liao X H, Li A X, et al. Advance in the studies of molecular systematics of Monogenea[J]. Acta Parasitologica et Medica Entomologica Sinica, 2005, 12(2): 112-118. [丁雪娟, 廖翔华, 李安兴, 等. 单殖吸虫分子系统学研究进展[J]. 寄生虫与医学昆虫学报, 2005, 12(2): 112-118.]
- [15] Zhang J Y, Ji G L. A new species of *Pseudomurraytrema* from gills of *Myxocyprinus asiaticus*[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 1978, 2(3): 349-352. [张剑英, 纪国良. 寄生于胭脂鱼鳃上单殖吸虫一新种的记述[J]. 水生生物学集刊, 1978, 2(3): 349-352.]
- [16] Tian T, Wang W, Wang C Y, et al. Diagnosis and control of finger ring disease in juvenile *Myxocyprinus asiaticus*[J]. Scientific Fish Farming, 2017(3): 70. [田甜, 王威, 汪成燕, 等. 胭脂鱼幼鱼指环虫病的诊断与防治实例[J]. 科学养鱼, 2017(3): 70.]
- [17] Wu B H, Long S, Wang W J, et al. Fauna China, Platyhelminthes, Monogenoidea[M]. Beijing: Science Press, 2000. [吴宝华, 郎所, 王伟俊, 等. 中国动物志·扁形动物门·单殖吸虫纲[M]. 北京: 科学出版社, 2000.]
- [18] Ogawa K, Itoh N. *Gobioecetes biwaensis* n. g., n. sp. (Monogenea: Dactylogyridae) from the gills of a freshwater gobiid fish, *Rhinogobius* sp. BW Takahashi & Okazaki, 2002, with a redescription of *Parancyrocephaloides daicoci* Yamaguti, 1938[J]. Parasitology International, 2017, 66(3): 287-298.
- [19] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. The CLUSTAL_X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools[J]. Nucleic Acids Research, 1997, 25(24): 4876-4882.
- [20] Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets[J]. Molecular Biology and Evolution, 2016, 33(7): 1870-1874.
- [21] Ronquist F, Huelsenbeck J P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models[J]. Bioinformatics, 2003, 19(12): 1572-1574.
- [22] Tian T. Clinical diagnosis and treatment of main diseases of *Myxocyprinus asiaticus*[J]. Fisheries Science & Technology Information, 2018, 45(1): 42-44. [田甜. 胭脂鱼主要病害的临床诊断及治疗技术[J]. 水产科技情报, 2018, 45(1): 42-44.]
- [23] Wu X Y. Molecular phylogenetic analyses of the Dactylogyridae sensu Kritsky and Boeger, 1989 and Diplectanidae Bychowsky, 1957 (Platyhelminthes, Monogenoidea)[D]. Guangzhou: Sun Yat-sen University, 2007. [吴相云. 指环虫科及鳞盘虫科(单殖吸虫纲)的分子系统学研究[D]. 广州: 中山大学, 2007]
- [24] Boeger W A, Kritsky D C. Phylogenetic relationships of the Monogenoidea[M]//Interrelationships of the Platyhelminthes. Boca Raton: CRC Press, 2000: 92-102.
- [25] Oliver G, Huelsenbeck J P. Les Diplectanidae Bychowsky, 1957 (Monogenea, Monopisthocotylea, Dactylogyridea) marqueurs biologiques, témoins de la biogéographie et de l'évolution de leurs hotes[J]. Bulletin de la Société Zoologique de France, 1993, 118(1): 25-36.
- [26] Domingues M V, Boeger W A. Phylogeny and revision of *Diplectanidae monticelli*, 1903 (Platyhelminthes: Monogenoidea)[J]. Zootaxa, 2008, 1698(1): 1-40.
- [27] Wu X Y, Li A X, Zhu X Q, et al. Description of *Pseudorhabdosynochus seabassi* sp. n. (Monogenea: Diplectanidae) from lates calcarifer and revision of the phylogenetic position of *Diplectanum grouperi* (Monogenea: Diplectanidae) based on rDNA sequence data[J]. Folia Parasitologica, 2005, 52(3): 231.
- [28] Desdevises Y. The phylogenetic position of *Furnestinia echeneis* (Monogenea, Diplectanidae) based on molecular data: A case of morphological adaptation?[J]. International Journal for Parasitology, 2001, 31(2): 205-208.
- [29] Wu X Y, Xie M Q, Li A X. A preliminary phylogenetic analysis of the Diplectanidae inferred from the C1-D2 do-

- mains of 28S rDNA sequences[J]. Acta Zootaxonomica Sinica, 2007, 32(3): 593-598. [吴相云, 谢明权, 李安兴. 基于 28S rDNA C1-D2 区的鳞盘虫科单殖吸虫系统学初步研究[J]. 动物分类学报, 2007, 32(3): 593-598.]
- [30] Sun Y H. Studies on the molecular systematics of sub-stomatidae fishes[J]. Reservoir Fisheries, 2006, 26(4): 1-2, 9.
- [孙玉华. 亚口鱼科鱼类分子系统学研究[J]. 水利渔业, 2006, 26(4): 1-2, 9.]
- [31] Bagley J C, Mayden R L, Harris P M. Phylogeny and divergence times of suckers (Cypriniformes: Catostomidae) inferred from Bayesian total-evidence analyses of molecules, morphology, and fossils[J]. PeerJ, 2018, 6: e5168.

Supplemental description and phylogeny of *Pseudomurraytrema asiaticus* from Chinese sucker fish, *Myxocyprinus asiaticus*

ZHAI Kaixuan^{1,2}, XI Bingwen^{1,2}, CHEN Kai², PAN Liangkun², ZHU Xinpeng³

1. Wuxi Fisheries College, Nanjing Agricultural University, Wuxi 214081, China;
2. Key Laboratory of Freshwater Fisheries and Gerplasm Resources Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081, China;
3. Jiangsu Zhongyang Group Co., Ltd, Nantong 226600, China

Abstract: This study aimed to identify the monogenean flatworms that are seriously affecting the conservation of populations of Chinese sucker fish, *Myxocyprinus asiaticus*. To do so, we used the morphological characteristics and LSU rDNA sequence to identify and describe the worms detected from Chinese sucker fish. The worms were identified as *Pseudomurraytrema asiaticus* and had the following characteristics: the body was long-banded, the dorsal abdomen was flat, and the front end had an oral sucker. The vagina was slender, the mating tube was hook-shaped with central thorns, and the egg-shaped worms had two pairs of central large hooks. The boundary between the retainer and the insect body was clearly discernable and covered with chitin spines pointing forward. LSU rDNA sequence analysis showed that the obtained sequence had the highest similarity with *Pseudomurraytrema* sp. (91.7%, AF382059) extracted from Utah sucker fish, *Catostomus ardens*, in the USA. Phylogenetic analysis revealed that the worms in this study were closely related to the family Diplectanidae and located at the base of its branches. In this study, we further describe the morphological characteristics and LSU rDNA sequence data of *P. asiaticus*. We believe the results of our study provide basic data for further studies on the biology and disease control for *M. cochinensis*.

Key words: *Myxocyprinus asiaticus*; Monogenea; *Pseudomurraytrema asiaticus*; morphological characteristics; phylogeny

Corresponding author: XI Bingwen. E-mail: xibw@ffrc.cn