

裂腹鱼指环虫(Monogenea: Dactylogyridae)一新记录种

喀迪尔丁·艾尔肯 郭爱民 郝翠兰 张文润 容梦婕 宋鹏慧 岳城

A NEW SPECIES OF *DACTYLOGYRUS*, *D. DIPTYCHUS* N. SP. (MONOGENEA: DACTYLOGYRIDAE), FROM SCHIZOTHORACINE FISHES (CYPRINIDAE: SCHIZOTHORACINAE) IN THE XINJIANG UYGUR AUTONOMOUS REGION, CHINA

Kadirdin Arken, GUO Ai-Min, HAO Cui-Lan, ZHANG Wen-Run, RONG Meng-Jie, SONG Peng-Hui, YUE Cheng

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.7541/2020.081>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

南海轮盘虫属(单殖吸虫, 分室科) 一新种及一新记录种

A NEW SPECIES AND A NEW RECORD OF *TROCHOPUS* (MONOGENEA, CAPSALIDAE) FROM THE SOUTH CHINA SEA
水生生物学报. 2017, 41(2): 454–459 <https://doi.org/10.7541/2017.57>

寄生于鲫的锚首虫一新种

THE REPORT OF A NEW SPECIES OF ANCYROCEPHALID (MONOGENEA) FROM *CARASSIUS AURATUS* IN CHINA
水生生物学报. 2018, 42(2): 369–372 <https://doi.org/10.7541/2018.047>

西藏两种裂腹鱼鱼肉质构特征比较分析

TEXTURE ANALYSES OF TWO SCHIZOTHORACINAE FISHES IN TIBET AUTONOMOUS REGION, CHINA
水生生物学报. 2018, 42(6): 1224–1231 <https://doi.org/10.7541/2018.150>

西藏巨须裂腹鱼早期发育特征

CHARACTERISTICS OF EARLY DEVELOPMENT OF *SCHIZOTHORAX MACROPOGON* IN XIZANG AUTONOMOUS REGION, CHINA
水生生物学报. 2019, 43(2): 367–378 <https://doi.org/10.7541/2019.046>

MS-222对两种规格的异齿裂腹鱼麻醉效果研究

ANESTHETIC EFFECTS OF MS-222 ON *SCHIZOTHORAX O'CONNORI* LORD IN TWO SIZE RANGES
水生生物学报. 2018, 42(6): 1214–1223 <https://doi.org/10.7541/2018.149>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

doi: 10.7541/2020.081

裂腹鱼指环虫(Monogenea: Dactylogyridae)一新记录种

喀迪尔丁·艾尔肯 郭爱民 郝翠兰 张文润 容梦婕 宋鹏慧 岳城

(新疆农业大学动物医学学院, 乌鲁木齐 830052)

摘要: 文章记述了采自新疆伊犁河流域巩乃斯段的新疆裸重唇鱼(*Gymnodiptychus dybowskii* Kessler, 1874)和斑重唇鱼(*Diptychus maculatus* Steindachner, 1866)鳃部寄生的指环虫属(*Dactylogyrus*)一新种。通过传统方法及分子生物学方法研究确定了两种宿主寄生的虫体为同一种。该虫体与同宿主寄生的*Dactylogyrus driagini*(Bychowsky, 1936)和寄生于伊犁裂腹鱼的*Dactylogyrus longicopula*(Bychowsky, 1936)略为相似,但在交接器和后吸器形态上有较大差异:其交接器的支持器部分,分为上下两部分,在连接处形成“Y”状结构,*D. driagini*支持器为完整一体的结构,而*D. longicopula*支持器的连接处为卷曲状结构;后吸器形态:拟定种与*D. driagini*, *D. longicopula*后吸器均由一对中央大钩、7对边缘小钩和两联结片组成,其中央大钩内、外突不明显,边缘小钩明显区分钩尖、钩柄和柄轴,钩尖和钩柄交接处无刺状突起,*D. driagini*中央大钩内、外突分叶很明显,边缘小钩各部位区分不明显,而*D. longicopula*的中央大钩内、外突分叶非常明显,内突远远大于外突,边缘小钩的钩尖和钩柄交接处有刺状突起;腹联结片粗短,中部呈峰状隆起,*D. longicopula*腹联结片两端细长,中间呈三角状隆起。基于该指环虫18S-ITS1-5.8SrDNA的序列比对分析,与寄生于鲇属鱼的隐藏指环虫(*Dactylogyrus cryptomeres* Bychowsky, 1934)的相似性最高,为92.0%。系统发育树也显示与*D. cryptomeres*聚为一支,置信度为100/99(BI/ML),但综合形态学特征、宿主生境和宿主特异性等因素,本种虫体与隐藏指环虫非同一物种。基于形态结构和分子系统发育结果表明,该指环虫为一新种,依据宿主特点命名为:重唇鱼指环虫(*Dactylogyrus diptychus* n. sp.)。

关键词: 新疆裸重唇鱼; 斑重唇鱼; 裂腹鱼; 指环虫属; 新种

中图分类号: Q959.153 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2020)03-0663-07

斑重唇鱼(*Diptychus maculatus* Steindachner, 1866)和新疆裸重唇鱼(*Gymnodiptychus dybowskii* Kessler, 1874),分别隶属于鲤形目(Cypriniformes),鲤科(Cyprinidae),裂腹鱼亚科(Schizothoracinae)^[1],是伊犁河水系中具有代表性的土著种和生态敏感种^[2],二者分别为自治区I级和II级水生野生重点保护动物^[3]。

指环虫是一种常见的鱼类寄生虫病原,其形态多样,种类丰富,隶属于单殖吸虫纲、指环虫目、指环虫科^[4],广泛寄生于淡水鱼类,宿主种类达8科194属,而其中约95%的种类寄生于鲤科(Cyprinidae)鱼类,表现出极强的宿主特异性^[5]。指环虫属

为单殖吸虫纲中种类最多的属,全世界已报道970余种,我国记载有400余种^[6],其中裂腹鱼寄生指环虫全球已报道约16余种,我国现记录有强壮指环虫(*D. pollens* Zhang et Gou, 1981)、裂腹指环虫(*D. schizothoraxi* Ma et Zhao)、塔里木指环虫(*D. tali-muensis* Long et Ma)、块茎指环虫(*D. lumpycirrus* Ma et Zhao)、拉萨指环虫(*D. lhasaensis* Yao et Wang, 1997)、裸裂尻指环虫(*D. Schizopygopsis* Yao et Wang, 1993)、四川指环虫(*D. sichuanensis* Ma et Long)等7种指环虫,均寄生于裂腹鱼属的裂腹鱼类,而斑重唇鱼和新疆裸重唇鱼所属的两属裂腹鱼并未有相关记载^[4,7,8]。

收稿日期: 2019-05-06; **修订日期:** 2019-10-24

基金项目: 国家自然科学基金(31860738); 新疆农业大学校前期资助课题(XJAU201708); 新疆农业大学大学生创新项目资助 [Supported by the National Natural Science Foundation of China (31860738); Xinjiang Agricultural University (XJAU201708); Innovation Project for College Students of Xinjiang Agricultural University]

作者简介: 喀迪尔丁·艾尔肯(1993—),男,硕士研究生;研究方向为预防兽医学。E-mail: kaaaadi@163.com

通信作者: 岳城,教授,博士生导师;研究方向为水生动物保护学。E-mail: yuechengxnd@aliyun.com

我们在进行裂腹鱼寄生虫病原区系调查时,在伊犁河流域巩乃斯段的斑重唇鱼和新疆裸重唇鱼鳃丝上发现寄生有大量指环虫。结合形态学和分子生物学方法对其进行形态鉴定和系统发育分析,并查阅了国内外文献,未发现相关记述,依据采集地命名重唇鱼指环虫(*Dactylogyrus diptychus* n. sp.)。正模标本GNS20181101和副模标本GNS20181102-03分别保存于新疆农业大学动物医学学院标本馆和寄生虫研究室。

1 材料与方法

1.1 寄生虫样品采集

斑重唇鱼和新疆裸重唇鱼^[9]采自于伊犁河上游巩乃斯河,两种裂腹鱼各30余尾。对鱼类标本编号,测量体高和尾叉长、称重并记录相关数据。依照《鱼病调查手册》^[10]的方法对鱼进行解剖,分别将每条鱼的鳃部剪下,逐个在解剖镜下进行镜检,发现寄生虫后将其吸取到盛有清水的小皿中,冲洗干净后,将其吸取到1.5 mL的EP管中,滴加75%和95%浓度的酒精保存,分别用于标本制作和DNA提取。

1.2 寄生虫的形态学鉴定

在解剖镜下挑取形态完整的新鲜虫体,用4%聚乙烯乳酸酚^[11]固定并封片,在光学显微镜(Nikon E2000)下观察其几丁质结构,并通过EZ-MET软件测量其中央大钩、联结片、交接器等几丁质结构,最后绘制特征图。

1.3 DNA提取、扩增及测序

取95%无水乙醇固定的虫体样本若干只,再次冲洗后置于TE缓冲液(pH 8.0)中浸泡过夜后,吸去TE缓冲液,分别装入1.5 mL的EP管中,用Trans-Gen动物组织基因组DNA提取试剂盒提取虫体DNA,在-20℃冰箱中保存。

选取18S-ITS1-5.8S rDNA序列作为目的序列,扩增引物参照Šimková等^[12]。引物由上海生工生物工程服务有限公司合成,反应体系为50 μL,具体反应条件和引物序列见表1。

PCR产物经1%琼脂糖电泳分析并切取目的条带后,用TransGen公司的胶回收试剂盒进行回收和纯化,回收后的目的片段连接到pMD18-T载体进行

TA克隆,再转化到*E.coli* DH5α中, LB平板培养, PCR检测成功后送上海生工生物工程服务有限公司测序。

1.4 系统发育分析

测序结果与GenBank公布的已知序列进行比对并下载相关序列(表2),用Clustal X软件进行序列校正后,采用MEGA6.0软件计算所得序列中各碱基含量及变异情况,同时计算遗传距离(P-distance)。系统发育分析采用最大似然法(Maximum Likelihood, ML)和贝叶斯法(Bayesian Inference, BI),以*Ancyrocephalus percae*作为外类群,建树采用Modeltest程序进行AIC检验选择最适进化模型, ML树和BI树最适模型均为GTR+G+I,在MEGA6.0软件中构建ML树,系统树各分支的相对支持率采用自展检验分析(Bootstrap)进行检验,1000次重复取样;利用MrBayes软件构建BI树,设置代替模型为6($n_{st}=6$)、位点间变异模型为gamma(rates=gamma),运行6000000代蒙特卡罗模拟(Markov chain Monte Carlo; MCMC),每100代取样1次,各分支的置信度以后验概率(Posterior probability)来表示^[13]。

2 结果

斑重唇鱼共采集32尾,均有指环虫寄生,自然感染率约为100%,每尾鱼感染1—20枚虫体,每片鳃感染0—6枚,感染强度为12.62;新疆裸重唇鱼共采集34尾,均有指环虫寄生,自然感染率为100%,每尾鱼感染1—24枚虫体,每片鳃感染0—7枚,感染强度为8.67。两种宿主平均感染强度为10.58。

2.1 虫体的形态学特征

基于8个封片标本,测量单位为微米(μm)。虫体呈扁平长条状(图1),体长1171(943—1385),体最大宽100(85—120);眼点两对;咽近乎呈圆形,大小51(36—62)×49(36—60)。后吸器长86(65—114),宽138(108—162),包含1对中央大钩、7对边缘小钩、1个背联结片和1个腹联结片。边缘小钩发育良好,可明显区分钩尖、钩柄和柄轴,第1对和第7对较大,全长51(47—56);其余5对等大,全长46(41—51)。7对边缘小钩的钩尖长5.8(5—8),钩柄长11(8—17),柄轴长30(23—36)。中央大钩全长55(51—60),基部长53(51—56),钩尖长14(13—16),内外突粗壮,内突长14(11—18),外突长12(10—15)。背联结片呈粗壮“一”字型,大小14(10—16)×78(74—83),腹联结片短小,中部呈峰状隆起,大小12(11—16)×33(26—50)。交接器由交接管和支持器组成,交接管基部膨大,管细长,一分为二,末端形成圆环,管长36(33—44)。支持器由两部分组成,上半部分形

表1 PCR引物及反应条件

Tab. 1 PCR primers and reaction conditions

引物名称 Primer	引物序列Sequence (5'—3')	反应条件Reaction conditions
S1	ATTCCGATAAC	95℃ 预变性4min; 95℃ 变性1min, 55℃ 退火1min, 72℃ 延伸1min30s, 35个循环; 72℃ 再延伸10min, 4℃
H7	GAACGAGACT	
	GCTGCGTTCTTC	
	ATCGATACTCG	

表 2 用于建树的指环虫种类及ITS1序列的GenBank登录号

Tab. 2 The *Dactylogyrus* species used for building trees and the GenBank accession number of the 18S-ITS1-5.8S rDNA sequence

寄生虫Parasite	宿主Host species	GenBank登录号Accession number	采集地Locality
<i>Dactylogyrus prespensis</i>	<i>Barbus prespensis</i>	KY201096	希腊Greece
<i>Dactylogyrus malleus</i>	<i>Barbus barbus</i>	KY201099	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus petenyi</i>	<i>Barbus balcanicus</i>	KY201097	希腊Greece
<i>Dactylogyrus vranoviensis</i>	<i>Squalius vardarensis</i>	MG792937	希腊Greece
<i>Dactylogyrus crivellius</i>	<i>Barbus prespensis</i>	KY201094	阿尔巴尼亚 Albania
<i>Dactylogyrus carpathicus</i>	<i>Barbus barbus</i>	KY201098	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus benhoussai</i>	<i>Luciobarbus moulouyensis</i>	KX578025	摩洛哥Morocco
<i>Dactylogyrus varius</i>	<i>Luciobarbus maghrebenensis</i>	KX578026	摩洛哥Morocco
<i>Dactylogyrus falsiphallus</i>	<i>Luciobarbus maghrebenensis</i>	KX578024	摩洛哥Morocco
<i>Dactylogyrus dyki</i>	<i>Barbus prespensis</i>	KY859804	希腊Greece
<i>Dactylogyrus balkanicus</i>	<i>Barbus prespensis</i>	KY201093	阿尔巴尼亚 Albania
<i>Dactylogyrus wunderi</i>	<i>Abramis brama</i>	AJ564164	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus wunderi</i>	<i>Abramis brama</i>	KJ605444	中国China
<i>Dactylogyrus zandti</i>	<i>Abramis brama</i>	AJ564165	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus difformoides</i>	<i>Scardinius plotizza</i>	MG792909	波黑Bosnia and Herzegovina
<i>Dactylogyrus izjumovae</i>	<i>Scardinius plotizza</i>	MG792910	波黑Bosnia and Herzegovina
<i>Dactylogyrus prostaе</i>	<i>Squalius</i> sp.	MG792927	希腊Greece
<i>Dactylogyrus similis</i>	<i>Rutilus rutilus</i>	AJ564153	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus sphyrna</i>	<i>Rutilus rutilus</i>	AJ564154	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus fallax</i>	<i>Rutilus rutilus</i>	MG792906	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus tuba</i>	<i>Aspius aspius</i>	AJ564158	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus cryptomerres</i>	<i>Gobio gobio</i>	AJ564123	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus anchoratus</i>	<i>Carassius auratus</i>	AJ564111	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus formosus</i>	<i>Carassius auratus</i>	KM525669	中国China
<i>Dactylogyrus vastator</i>	<i>Cyprinus carpio</i>	AJ564159	捷克共和国 Czech Republic
<i>Dactylogyrus extensus</i>	<i>Cyprinus carpio</i>	KM277459	中国China
<i>Dactylogyrus diptychus</i> n. sp.*	<i>Gymnodiptychus dybowskii</i> , <i>Diptychus maculatus</i>	MT112198/ MT112255	中国China
<i>Ancyrocephalus percae</i>	<i>Perca fluviatilis</i>	AJ490166.1	芬兰Finland

成半环绕交接管的柄状结构, 下半部分形成“Y”状结构, 与交接管底部相连, 支持器长26(23—31)。卵呈椭圆形, 大小75(64—82)×58(54—61), 阴道口开

于虫体左侧。

2.2 虫体的分子鉴定及系统发育分析

18S-ITS1-5.8S序列长度为996 bp, 其中保守位点515个, 变异位点459个, 包括336个简约信息位点。A、T、G、C碱基的平均含量为23.52%、26.62%、27.65%、22.21%, A+T的含量高于G+C的含量。Blast比对显示与*D. cryptomerres*相似度为最高92%, 与其他指环虫相似度较低, 如与*D. lamellatus*、*D. squamous*、*D. tuba*、*D. zandti*相似度为79%, 与*D. varius*、*D. benhoussai*、*D. dyki*相似度为73%。

基于18S-ITS1-5.8S rRNA基因序列构建的BI系统发育树显示(图2), 系统发育树分为三个分支, *D. prespensis*、*D. malleus*等多数指环虫聚为一支, *D. diptychus*与*D. cryptomerres*聚为一个单独分支, *D. anchoratus*、*D. formosus*等四种指环虫聚为一支, 位于进化树基部。ML树(图3)与BI树在第一个分支上略有差异外, 其余两个分支结果一致, 说明*D. diptychus*与*D. cryptomerres*属内亲缘关系最近。

3 讨论

指环虫因其具有较强的宿主特异性, 通过宿主进行初步鉴定也是较常见的方法之一。本研究根据其形态学特征确定了本种隶属于指环虫属后, 根据宿主情况, 将本种与现已记载的裂腹鱼指环虫进行了形态学特征的比较。裂腹鱼寄生指环虫全球现已报道16余种, 大部分均寄生于裂腹鱼属的裂腹鱼类, 而寄生于新疆裸重唇鱼, 斑重唇鱼和同属宿主的指环虫仅有两种, 分别为*Dactylogyrus driagini* (Bychowsky, 1936)和*Dactylogyrus simplex* (Bychowsky, 1936)^[8], 故先与上述两种指环虫进行了对比。

本种与*D. driagini*交接器结构较为相似, 两者的交接器上端均伸入支持器上端, 下端均形成圆环状。但本种支持器上端由两个底部相连的柄状结构形成“V”状, 环绕交接器的上端。而后者只形成单一的柄状结构, 交接器上端直接穿过该部分, 同时本种支持器分为上下两部分, 下部分形成“Y”状与上部分支持器相连, 而后者支持器是完整的一体结构。本种与*D. driagini*后吸器均由一对中央大钩、7对边缘小钩和两联结片组成, 本种中央大钩内外突不太明显, 而后者内外突分叶很明显; 本种边缘小钩可明显区分钩尖, 钩柄和柄轴, 而后者区分不明显; 同时, 本种边缘小钩长平均为46 μm, 同时第1对和第7对较大, 达51 μm, 而后者边缘小钩为19—26, 明显小于前者。而将本种与*D. simplex*进行形态学特征的对比, 发现二者不仅是在交接器还是后吸器形态上都存在明显差异。

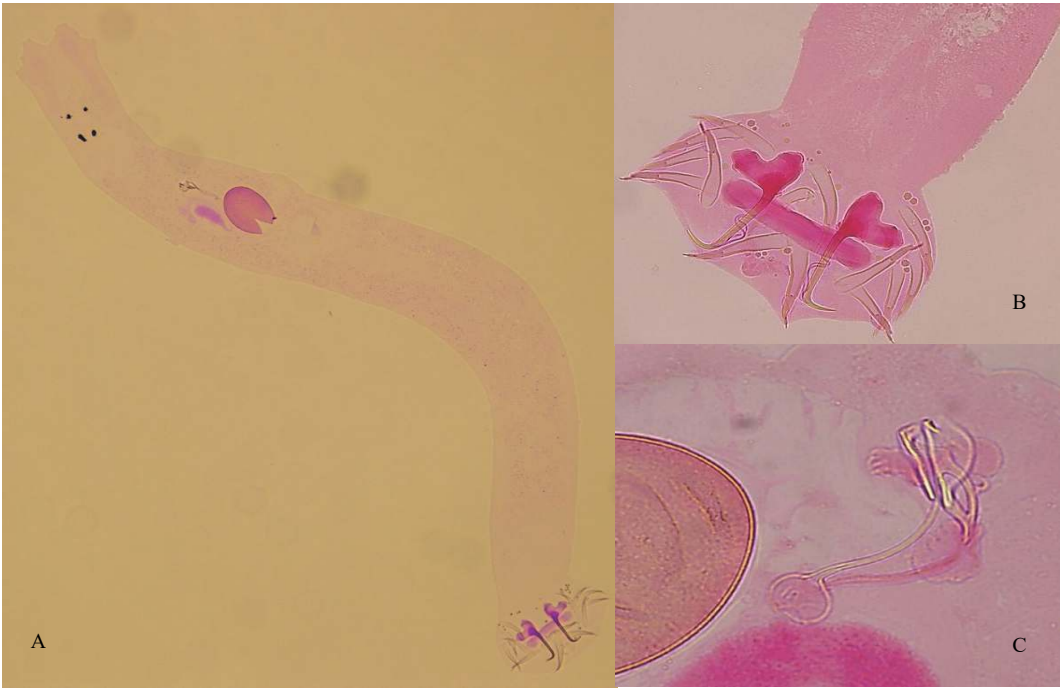


图 1 重唇鱼指环虫的形态特征

Fig. 1 Morphological characteristics of *Dactylogyrus diptychus* n. sp.

A. 整体腹面观Ventral view of the holotype; B. 后吸器Opisthaptor; C. 交接器Copulatory organ

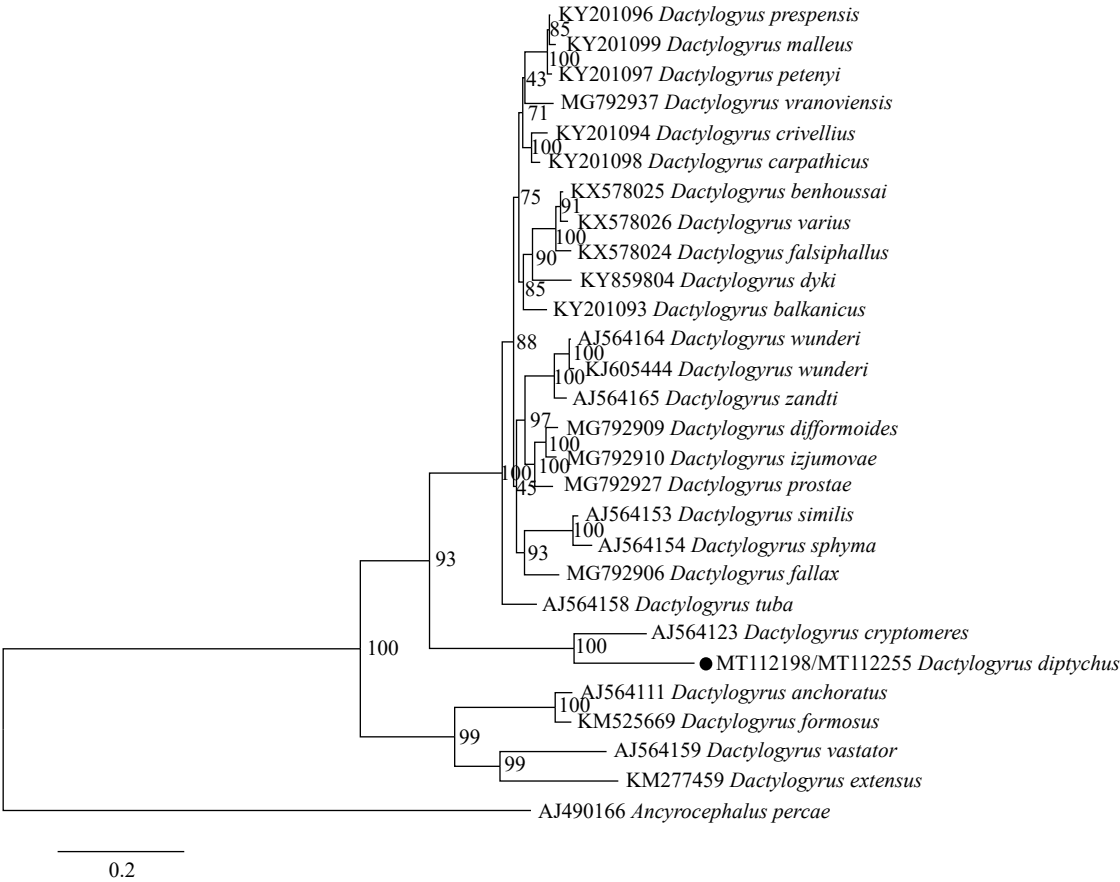


图 2 基于18S-ITS1-5.8S rDNA基因序列构建的贝叶斯法(BI)系统发育树

Fig. 2 Phylogenetic tree constructed via the Bayesian inference (BI) method based on 18S-ITS1-5.8S rDNA gene sequences

同时, 将本种与其他裂腹鱼指环虫进行形态学特征比较时发现, 与寄生于伊犁裂腹鱼的*Dactylogyrus longicopula* (Bychowsky, 1936)形态类似, 但存在以下明显的区别: 本种中央大钩内外突非明显分叶, 内外突大小基本相同, 而*D. longicopula*内外

突明显分叶, 且内突远远大于外突; 本种与*D. longicopula*均具两联结片, 前者腹联结片粗短, 中部呈峰状隆起, 而后者腹联结片两端细长, 中间呈三角状隆起; 本种边缘小钩钩尖与钩柄连接处无刺状突起, 而后者边缘小钩同部位均有刺状突起, 同时度

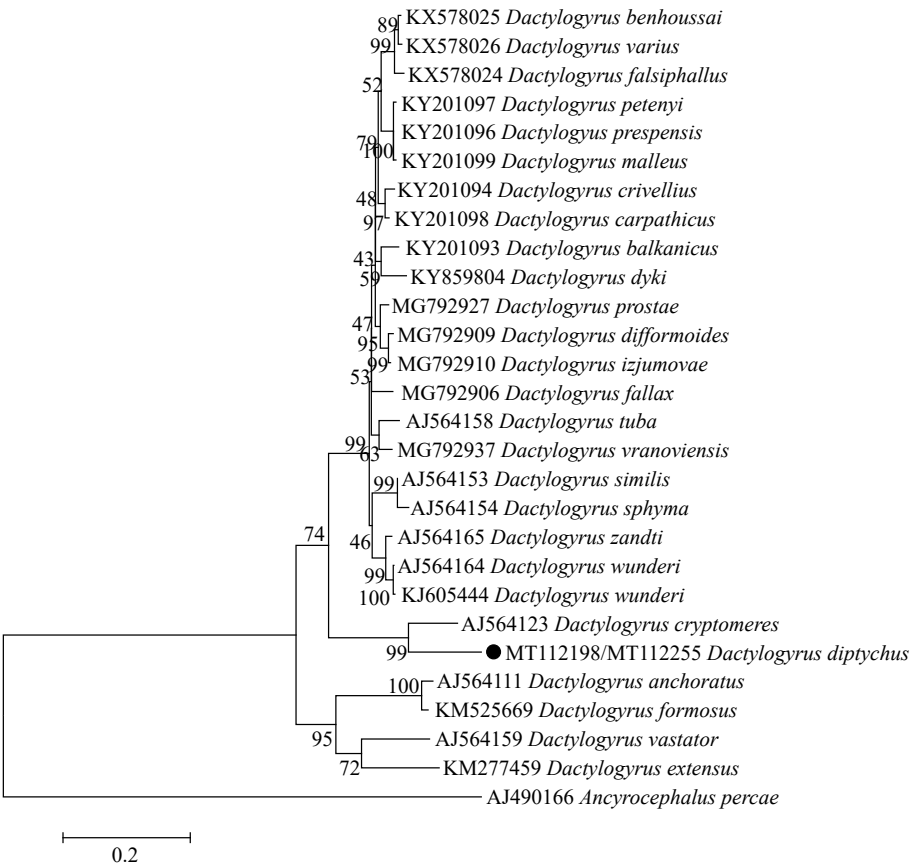


图 3 基于18S-ITS1-5.8S rDNA基因序列构建的最大似然法(ML)系统发育树

Fig. 3 Phylogenetic tree constructed via the maximum likelihood (ML) method based on 18S-ITS1-5.8S rDNA gene sequences

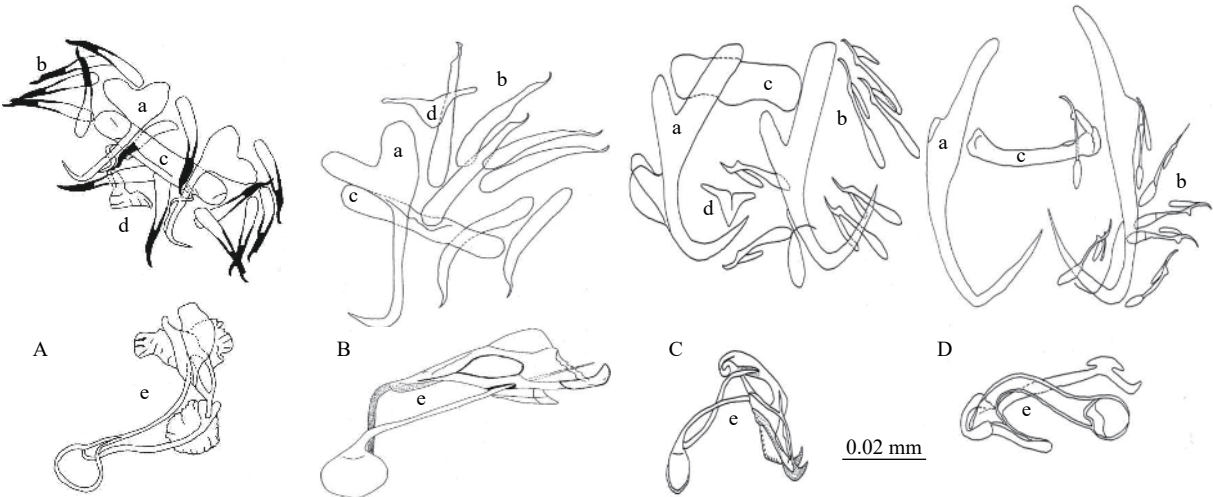


图 4 *D. diptychus* (A)、*D. driagini* (B)、*D. longicopula* (C)和*D. simplex* (D)几丁质结构对比

Fig. 4 Comparison of the chitinous structures of *D. diptychus* (A), *D. driagini* (B), *D. longicopula* (C) and *D. simplex* (D)

a. 中央大钩; b. 边缘小钩; c. 背联结片; d. 腹联结片; e. 交接器

a. Anchor; b. Marginal hook; c. Dorsal bar; d. Ventral bar; e. Copulatory organ

量值也存在较大差异;本种支持器前端较扁平,而后者形成两个分化明显的钩,同时前者支持器上下部分连接处呈“Y”状,后者为卷曲状。

综上所述,重唇鱼指环虫(*Dactylogyrus diptychus* n. sp.)与上述三种裂腹鱼指环虫近似种在形态特征上均有明显的差别,结构比较见图4。

传统形态学分类不管是在早期还是现在,都为单殖吸虫的分类鉴定做出了巨大贡献^[14, 15]。然而在实际鉴定过程中受一些不可控的变量因素的影响,传统的形态学分类显现出了其不足之处^[16, 17],单纯的依赖传统的形态学进行分类显得日益困难,尤其是对同属的相似种而言^[18]。单殖吸虫特异性分子标记目前以rDNA和ITS为主,主要包括18S、5.8S、28S、ITS1、ITS2,其中18S rDNA、ITS1、5.8S rDNA组成一个转录单元,形成一个前体RNA。其中18S rDNA中的不同区域在进化上比较保守,而ITS1属于非编码区序列,进化速度快,具有可变性并且变异的速度在不同的物种间也存在着较大的差异,同时,该基因中保守区占18S rRNA基因总长度的一半以上,因此18S-ITS1-5.8S rDNA常用于单殖吸虫,特别是指环虫的分类及系统发育研究^[19, 20]。本研究基于形态学结果,选择扩增了该虫种的18S-ITS1-5.8S rDNA序列,扩增后其结果在GenBank中进行比对,与寄生于鲟属鱼的隐藏指环虫的相似性达92%,且遗传距离较其他指环虫相比最小。构建的进化树中两者聚为一支,置信度达100/99(BI/ML)。但基于形态学特征,本种与隐藏指环虫在后吸器和交接器形态上存在明显差别,同时隐藏指环虫宿主为鲟亚科的鱼类,与本种的两个宿主非同科。其次,裂腹鱼类为高原冷水鱼类,分布于山区高原地带,而鲟属鱼为温水性鱼类,大多分布于平原地区,两种宿主鱼类在生境上存在较大差别。因此结合形态学和宿主特点可证明,两种指环虫在系统发育分析中虽显示出了较高的亲缘关系和序列相似度,但并非同一种。

通过上述形态学分类和基于18S-ITS1-5.8S rDNA基因序列的分子生物学研究,确定寄生于新疆裸重唇鱼和斑重唇鱼鳃上的待鉴定指环虫为未记录种,按照宿主特点命名为重唇鱼指环虫(*Dactylogyrus diptychus* n. sp.)。研究结果丰富了我国单殖吸虫名录,同时为伊犁河新疆裸重唇鱼和斑重唇鱼的资源保护提供了相关的病原基础性资料。

参考文献:

- [1] Yue P Q, Chen Y F, Cao W X, *et al.* Fauna Sinica (Osteichthyes): Cypriniformes, III [M]. Beijing: Science Press, 2000: 273-390. [乐佩琦, 陈毅峰, 曹文宣, 等. 中国动物志: 硬骨鱼纲鲤形目(下卷) [M]. 北京: 科学出版社, 2000: 273-390.]
- [2] Cai L G, Niu J G, Li H, *et al.* Study on micro-environment at the spawning fields of *Gymnoditychus dybowskii* and *Diptychus maculatus* in the Kunes River [J]. *Arid Zone Research*, 2013, **30**(1): 144-148. [蔡林钢, 牛建功, 李红, 等. 巩乃斯河新疆裸重唇鱼和斑重唇鱼产卵场微环境研究 [J]. 干旱区研究, 2013, **30**(1): 144-148.]
- [3] List of Protected Aquatic Wildlife in Xinjiang. Issued by the People's Government of Xinjiang [2004] Number 67, [2004-09-30]. <http://www.docin.com/p-558595175.html>. [新疆保护水生野生动物名录. 新政发 [2004] 67号, [2004-09-30]. <http://www.docin.com/p-558595175.html>.]
- [4] Wu B H, Lang S, Wang W J, *et al.* Fauna China, Platyhelminthes, Monogeneoidea [M]. Beijing: Science Press, 2000: 1-755. [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: 1-755.]
- [5] Xia X Q, Wang W J, Yao W J, *et al.* The host-specificity of monogeneans in inland waters of China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2000, **20**(4): 594-597. [夏晓勤, 王伟俊, 姚卫建, 等. 我国内陆水体单殖吸虫的宿主特异性分析 [J]. 生态学报, 2000, **20**(4): 594-597.]
- [6] Gibson D I, Timofeeva T A, Gerashev P I. A catalogue of the nominal species of the monogenean genus *Dactylogyrus* Diesing, 1850 and their host genera [J]. *Systematic Parasitology*, 1996, **35**(1): 3-48.
- [7] Yamaguti S. Systema Helminthum. Vol. IV. Monogenea and Aspidocotylea. John Wiley and Sons [M]. New York: Interscience Publishers, 1963: 1-699..
- [8] Gushev A V. Key to the Parasites of Freshwater Fish Fauna of the USSR [M]. Leningrad: Science Publishing Company, 1985: 1-425.
- [9] Guo Y, Zhang R M, Cai L G. The Fishes of Xinjiang [M]. Urumqi: Science and Technology of Xinjiang Press, 2012: 106-130. [郭焱, 张人铭, 蔡林钢. 新疆鱼类志 [M]. 乌鲁木齐: 新疆科学技术出版社, 2012: 106-130.]
- [10] The Fish Disease Laboratory of Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences. The Handbook of Fish Diseases Examination, Second edition [M]. Shanghai: Science & Technology Press, 1981: 1-93. [中国科学院水生生物研究所鱼病学研究室. 鱼病调查手册. 2版 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1981: 1-93.]
- [11] Wu H S. Polyvinyl alcohol method for sealing fish parasites and small arthropods [J]. *Chinese Journal of Zoology*, 1980, (1): 54-55. [伍惠生. 聚乙烯醇封固鱼类寄生虫和小型节肢动物的方法 [J]. 动物学杂志, 1980, (1): 54-55.]
- [12] Šimková A, Morand, S, Jobet, E, *et al.* Molecular phylogeny of congeneric monogenean parasites (*Dactylogyrus*): a case of intrahost speciation [J]. *Evolution*, 2004, **58**(5): 1001-1018.
- [13] Ronquist F, Teslenko M, Van d M 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.
- [14] Xia X Q, Huang S L, Shi M J, *et al.* The report of a new

- species of Ancyrocephalid (Monogenea) from *Carassus auratus* in China [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2018, **42**(2): 369-372. [夏晓勤, 黄晓丽, 石米娟, 等. 寄生于鲫的锚首虫一新种 [J]. *水生生物学报*, 2018, **42**(2): 369-372.]
- [15] Zhao J S, Yao W J, Jiao L, *et al.* Two new records of monogenoidea from *Leuciscus idus linnaeus* in Ergis River, China [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2011, **35**(4): 713-716. [赵江山, 姚卫建, 焦丽, 等. 额尔齐斯河高体雅罗鱼单殖吸虫中国二新纪录种 [J]. *水生生物学报*, 2011, **35**(4): 713-716.]
- [16] Justine J L, Briand M J, Bray R A. A quick and simple method, usable in the field, for collecting parasites in suitable condition for both morphological and molecular studies [J]. *Parasitology Research*, 2012, **111**(1): 341-351.
- [17] Galli P, Strona G, Villa A M, *et al.* Three-dimensional imaging of monogenoidean sclerites by laser scanning confocal fluorescence microscopy [J]. *Journal of Parasitology*, 2006, **92**(2): 395-399.
- [18] Strona G, Stefani F, Galli P. Field preservation of monogenean parasites for molecular and morphological analyses [J]. *Parasitology International*, 2009, **58**(1): 51-54.
- [19] Duan C R, Zhou Y H, Jiao L, *et al.* I dentification of a new record species of Dactylogyridae in Irtysh River [J]. *Journal of Xinjiang Agricultural University*, 2017, **40**(4): 267-271. [段成任, 周花艳, 焦丽, 等. 额尔齐斯河一指环虫科新纪录种的鉴定 [J]. *新疆农业大学学报*, 2017, **40**(4): 267-271.]
- [20] Hao C L. Study on population ecology and molecular systematics of *Dactylogyrus* on gills of leuciscinae in Irtysh River, China [D]. Urumqi: Xinjiang Agricultural University, 2014: 1-86. [郝翠兰. 额尔齐斯河雅罗鱼亚科鱼类指环虫种群生态学及分子系统学研究 [D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2014: 1-86.]

A NEW SPECIES OF *DACTYLOGYRUS*, *D. DIPTYCHUS* N. SP. (MONOGENEA: DACTYLOGYRIDAE), FROM SCHIZOTHORACINE FISHES (CYPRINIDAE: SCHIZOTHORACINAE) IN THE XINJIANG UYGUR AUTONOMOUS REGION, CHINA

Kadirdin Arken, GUO Ai-Min, HAO Cui-Lan, ZHANG Wen-Run, RONG Meng-Jie,
SONG Peng-Hui and YUE Cheng

(College of Animal Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China)

Abstract: This paper describes a new species of the genus *Dactylogyrus* parasitizing the gills of *Gymnodiptychus dybowskii* (Kessler, 1874) and *Diptychus maculatus* (Steindachner, 1866) collected from the Gongnesi section of the Yili River Valley, Xinjiang Uygur Autonomous Region. By using traditional and molecular biological methods, the newly discovered species was confirmed as a parasite of these two hosts and was found to be somewhat similar to the parasitic species *Dactylogyrus driagini* (Bychowsky, 1936) and *Dactylogyrus longicopula* (Bychowsky, 1936). Significant differences in the morphology of the copulatory complex and the opisthaptor were observed. The supporting portion of the crossover is divided into upper and lower parts. A “Y” structure of the *D. driagini* support is formed at the junction, while the connection of the *D. longicopula* support exhibited a curly structure. Regarding the shape of the opisthaptor, those of the proposed species and *D. driagini* and *D. longicopula* are composed of a pair of central hooks, seven pairs of marginal hooks and two connected bars. The inner and outer root processes of the central hooks are not obvious, and the marginal hooks are obviously distinguishable by the hook tip, the hook handle and the handle axis. There is no spiny process at the junction of the hook tip and the hook stalk, and the lobulation of the inner and outer root processes of the *D. driagini* central hook is very obvious; however, the differentiation of the marginal small hook is not obvious, while the lobulation of the inner and external processes of the central hook of *D. longicopula* is very obvious, and the inner process is much larger than the external process. There is a spiny process at the junction of the tip of the small hook and the handle of the hook. The abdominally connected bars are thick and short, the middle portion shows peak uplift, the two ends of the *D. longicopula* abdominally connected bars are slender, and the middle portion shows triangular uplift. Based on the sequence alignment analysis of *Dactylogyrus* 18S-ITS1-5.8S rDNA, the similarity to the cryptic species *Dactylogyrus cryptomerus* (Bychowsky, 1934) is highest, at 92.0% similarity. The phylogenetic tree also showed that the species clusters with *D. cryptomerus* with a confidence of 100 (BI/ML), but taking its morphological characteristics, host habitat and host specificity, this species is not the cryptic species *D. cryptomerus*. Based on the results of morphological structural analysis and molecular phylogeny, the identified *Dactylogyrus* parasite can be considered a new species, which is designated *Dactylogyrus diptychus* n. sp. according to the host characteristics.

Key words: *Gymnodiptychus dybowskii*; *Diptychus maculatus*; Schizothoracids; *Dactylogyrus*; New species