

台灣地區茶園鞘線蟲 *Hemicriconemoides kanayaensis* 和新紀錄種 *H. californianus* (Nematoda: Criconematoidea, Criconematidae) 之鑑定

陳殿義¹ 倪蕙芳² 顏志恒³ 蔡東纂^{4,5}

¹ 台中縣行政院農業委員會農業試驗所植物病理組

² 嘉義市行政院農業委員會農業試驗所嘉義分所植物保護系

³ 台中市國立中興大學農業推廣中心

⁴ 台中市國立中興大學植物病理學系

⁵ 聯絡作者：電子郵件：tttsay@nchu.edu.tw，傳真：+886-4-22876712

接受日期：中華民國 96 年 11 月 4 日

摘要

自 2006 年 4 月起，從七個台灣主要產茶專業區的根圈土壤中，以改良式柏門氏漏斗分離法，總計分離到 9 群鞘線蟲 (*Hemicriconemoides* spp.)。各群鞘線蟲之種類鑑定以外觀形態、形態測量值 (morphometrics) 及核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段 (包括完整 5.8S 基因，ITS-1 和 ITS-2 內轉錄區間及部分 18S 和 28S 基因) 序列的比對分析，確定其中 6 群為 *H. kanayaensis* Nakasono & Ichinoe, 1961，3 群為 *H. californianus* Pinochet & Raski, 1975，而後者為首次於茶樹上發表之寄生線蟲種類，也是台灣地區的新紀錄種。本研究提供二種鞘線蟲雌蟲和雄蟲完整的形態測量值；其中雌蟲包括 c'、m、EP、p、VL 及 VW 等共 6 項，雄蟲包括 c'、spicule、EP、p、Tail 及 ABW 等共 6 項，和 SEM 外觀形態方面的資料，並首次在 GenBank 中登錄 *H. kanayaensis* 和 *H. californianus* 的 rDNA 片段代表性序列，其序列大小分別為 1043 bp 和 1051 bp，而二者序列相似度為 87.4 %。

關鍵詞：鞘線蟲、茶樹、鑑定、核糖體 DNA、*Hemicriconemoides kanayaensis*、*Hemicriconemoides californianus*

緒言

鞘線蟲 (sheathoid nematode, *Hemicriconemoides* spp.) 屬名是由 Chitwood 和 Birchfield 二氏於 1957 年提出，該屬含括形態特徵介於 *Criconemoides* Taylor, 1936 和 *Hemicycliophora* de Man, 1921 這二屬線蟲⁽¹⁴⁾。依據 Siddiqi 氏的分類方法⁽²⁸⁾，鞘線蟲屬 *Hemicriconemoides* Chitwood & Birchfield 1957 的分類地位為 Tylenchida Thorne, 1949 目 (order)；Criconematina Siddiqi, 1980 亞目 (suborder)；Criconematoidea Taylor, 1936 (1914) (Geraert, 1966) 總科 (superfamily)；Criconematidae Taylor, 1936 (1914) (Thorne, 1949) 科 (family)；

Hemicriconemoidinae Andrassy, 1979 亞科 (subfamily)，其正式發表的種類已達 51 種^(15, 27, 28)。
Hemicriconemoides spp. 廣泛分佈於熱帶地區，尤其是南亞、東南亞、非洲及美國南部，對許多糧食作物和果樹造成危害，其中包括玉米、黑胡椒 (black pepper)、茶、荔枝、芒果、香蕉、棗椰子 (date) 及鳳梨等⁽²⁸⁾。

Hemicriconemoides spp. 的主要形態特徵為蟲體呈現長圓筒形，體表具有雙層體皮 (cuticle)，其中外層為鞘狀，僅在頭部、陰門 (vulva) 或少數在尾端處和蟲體相連，且內部及外層體皮上之體環 (annules) 大多數呈現圓形平坦狀，極少為向後彎 (retrorse)，且表面無鱗

片狀物 (scales) 或刺狀突起 (spines) 及其他附屬物 (appendages)。雌蟲頭唇部 (cephalic region) 上大多具有二個體環，少數為三個，且體環間為相連結或其間有間隔，唇部體環具有各種不同形態外觀；尾部形態多變，由鈍圓到尖狀皆有。雄蟲側帶 (lateral field) 大多具有 4 條側線 (incisures)；頭唇部為球形或圓錐形；交接刺 (spicule) 為拱型，副刺 (gubernaculum) 小型，不顯著。幼蟲只具有單一體皮，體環上大多具有平滑、齒狀 (dentine) 或刺狀的鱗片狀物⁽²⁸⁾。

茶為山茶科 (Theales)、山茶屬 (*Camellia*)，商業栽培的茶樹學名為 *Camellia sinensis* (L.) Ktze。截至目前，全世界報導已知或可能危害茶樹的線蟲種類有根腐線蟲 (*Pratylenchus* spp.)、穿孔線蟲 (*Radopholus similis*)、根瘤線蟲 (*Meloidogyne* spp.)、鞘線蟲 (*Hemicriconemoides kanayaensis*)、腎形線蟲 (*Rotylenchulus reniformis*)、螺旋線蟲 (*Helicotylenchus* spp., *Rotylenchus* sp.)、釘線蟲 (*Paratylenchus curvitatus*)、矛線蟲 (*Hoplolaimus* sp.) 及劍線蟲 (*Xiphinema* sp.) 等⁽¹⁾。依據王氏 (1970) 的報導，台灣地區茶園的主要線蟲種類為 *Hemicriconemoides kanayaensis*、*Meloidogyne incognita*、*Pratylenchus loosi* 及 *Helicotylenchus erythrinae* 等 4 種⁽³⁰⁾，其中以 *H. kanayaensis* 的蟲口密度最高，但有關該種鞘線蟲的鑑定資料僅有 1 隻雌蟲完整的圖片，其他形態測量值資料則付之闕如。另 Germani 和 Anderson 二氏 (1991)⁽¹⁶⁾ 將採集自本國南投日月潭 (Sun and Moon Lake) 附近茶園的 1 群 10 隻鞘線蟲雌蟲，依形態測量值鑑定為 *H. kanayaensis*。

由於傳統線蟲種類的鑑定工作需要常年累積的技術和經驗，且只靠形態特徵及其測量值仍有限制瓶頸，尤其線蟲種內 (intraspecific) 和種間 (interspecific) 的形態變異範圍，常因個人見解不同而流於主觀認定。近年來，針對動物^(17, 18, 23) 或植物寄生線蟲^(2-12, 24, 26) 及昆蟲病原性 (entomopathogenic) 線蟲⁽²²⁾ 等，較具爭議的種類鑑定，核糖體去氧核糖核酸 (ribosomal DNA; rDNA) 片段的核苷酸序列差異性，常可提供另一種較為客觀的輔助鑑別依據。自 2006 年 4 月起，本文作者陸續從本國主要產茶區分離到之 9 群鞘線蟲 (*Hemicriconemoides* spp.)，經光學和掃描電子顯微鏡的形態特徵比對、形態測量值 (morphometrics) 比較及 rDNA 片段序列相同度值分析，其中 6 群鑑定為 *H. kanayaensis* Nakasono & Ichinoe, 1961，其他 3 群為台灣地區新記錄種 *H. californianus* Pinochet & Raski, 1975.，茲將鑑定結果報告詳述如後。

材料和方法

供試線蟲來源與製備

採集線蟲地點包括嘉義縣阿里山鄉隙頂、台北縣坪林鄉、南投縣名間鄉松柏嶺和鹿谷鄉凍頂、宜蘭縣大同鄉玉蘭村、花蓮縣瑞穗鄉舞鶴台地及台東縣鹿野鄉龍田等共 7 個地區。從上述主要產茶區，選取數個管理良好且無太多雜草的茶園，以小鐵鏟挖取各園區同畦相鄰近的 2-3 株茶樹的根圈土壤 1-2 公斤，放入塑膠封口袋中。每包土壤樣本先經攪拌混合均勻後，秤取 4 個各約 100 公克土樣，以改良式柏門式漏斗分離法，經隔夜靜置後，取懸浮液倒入鏡檢皿中，以放大 20-80 倍率的解剖顯微鏡檢視有無鞘線蟲，並於每個採樣茶區選取蟲口數目最多之一包土樣，進行該線蟲族群 (population) 之種類鑑定。線蟲族群編號如表一及表三所示。

線蟲形態測量與電子顯微鏡觀察

鞘線蟲形態鑑定的方法，首先於解剖顯微鏡下，以拉細之玻璃吸管吸取鞘線蟲雌雄蟲至 2% 福馬林溶液中殺死及固定，放置於室溫下，3 天後進行線蟲形態特徵之光學和 SEM 測量觀察。線蟲形態之測量值包括體長、最大體寬、尾長、尾寬、陰門 (vulva) 至尾端的距離 (以 VL 表示)、陰門位置的體寬 (以 VW 表示)、排泄孔 (excretory pore) 至頭端的距離 (以 EP 表示)、中部食道球 (median bulb) 及後部食道腺體 (post esophageal gland) 底部至頭端的距離，均依陳氏等⁽²⁾ 之方法，分別以放大 200 倍或 400 倍進行拍攝其位置後再測量，而口針 (stylet) 及口針錐 (prorhabdion) 的長度是在油鏡頭下，以放大 1000 倍拍攝影像；至於蟲體全部體環數目 (R)、頭端至排泄孔位置的體環數目 (Rex)、尾端至陰門 (Rv) 或肛門 (Ran) 位置的體環數目皆是於放大 1000 倍之油鏡頭下，直接以血球計數器計數蟲體腹面 (ventral side) 的體環數目。線蟲體表構造觀察是根據陳氏等⁽¹¹⁾ 之低溫場放射掃描電子顯微鏡 (cryo-field emission scanning electron microscope) 之方法進行。

線蟲 rDNA 片段序列及形態測量值統計分析

各群鞘線蟲 rDNA 片段序列分析方面，其中增幅 rDNA 片段所使用的通用性引子對為 Vrain 氏等 (1992)⁽²⁹⁾ 所設計，至於有關線蟲總量 DNA 抽取、rDNA 片段增幅 (包括完整 5.8S 基因、內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2 及部分 18S 和 28S 基因序列)、選殖及解序等為依據陳氏等⁽⁷⁾ 之方法。至於種內各群間和種間的 rDNA 片段序

表一、台灣地區 *Hemicriconemoides kanayaensis* 雌蟲之形態測量值及與日本和台灣地區已記錄族群標本之比較Table 1. Comparison between the morphometrics of *Hemicriconemoides kanayaensis* female populations of Taiwan and populations recorded in Japan and Taiwan

Character ¹	Location (Code)							
	Alishan (Hkan1)	Pinglin (Hkan2)	Mingchien (Hkan3)	Lugu (Hkan4)	Datong (Hkan5)	Rueisuei (Hkan6)	Japan ⁴ (Paratypes)	Taiwan ⁵
n	12	12	12	12	12	12	20	12
L (mm)	0.48±0.04 ^{2c³}	0.54±0.03ab	0.50±0.04bc	0.55±0.05a	0.51±0.04abc	0.50±0.02bc	0.57	0.51±0.025
	(0.43-0.53)	(0.48-0.59)	(0.43-0.55)	(0.46-0.62)	(0.45-0.60)	(0.47-0.53)	(0.50-0.63)	(0.47-0.54)
a	16.9±1.5b	18.4±1.6a	18.6±1.3a	18.3±1.3a	18.3±1.2a	17.5±0.9ab	21.5	17.3±0.9
	(14.8-19.3)	(16.1-20.4)	(15.9-20.0)	(16.3-20.0)	(15.8-20.7)	(15.8-19.2)	(18.7-24.4)	(15.8-18.4)
b	4.2±0.4b	4.7±0.4a	4.5±0.5ab	4.7±0.3ab	4.6±0.4ab	4.4±0.2ab	4.8	4.8±0.3
	(3.6-4.7)	(4.2-5.3)	(3.5-5.3)	(4.2-5.0)	(3.9-5.3)	(4.2-4.6)	(3.3-5.6)	(4.4-5.3)
c	13.8±1.0b	14.3±1.4ab	15.2±1.1ab	14.8±1.6ab	15.7±1.7a	13.9±1.1b	14.3	12.9±0.75
	(12.3-15.4)	(11.8-16.7)	(13.2-16.7)	(12.3-18.3)	(13.3-18.2)	(11.9-15.8)	(11.5-16.8)	(12-14.7)
c'	1.9±0.2a	2.0±0.2a	1.9±0.3a	1.9±0.2a	1.8±0.2a	1.9±0.2a	-	-
	(1.7-2.3)	(1.6-2.2)	(1.5-2.5)	(1.7-2.2)	(1.5-2.2)	(1.6-2.2)		
V	88.4±0.5b	89.3±0.6a	88.4±0.5ab	89.3±0.8a	89.2±0.8a	88.5±0.6ab	88.9	88.3±0.86
	(87.3-89.0)	(88.3-90.3)	(87.3-89.0)	(87.8-90.5)	(88.0-90.4)	(87.7-89.8)	(87.5-91.5)	(86.4-89.2)
Stylet(μm)	73.0±2.0a	73.8±3.1a	73.0±2.0a	74.1±2.4a	72.1±2.6a	74.1±1.9a	74	75±3.8
	(70.7-77.3)	(69.3-79.3)	(70.7-77.3)	(71.3-78.0)	(66.7-75.3)	(70.7-77.3)	(66-78)	(66-78)
m	86.5±0.7a	86.7±0.6a	-	-	87.1±0.2a	86.4±0.8a	-	-
	(85.2-87.6)	(86.1-87.7)			(86.8-87.4)	(85.3-87.6)		
EP(μm)	114±11a	118±10a	114±10a	123±11a	118±10a	118±16a	-	-
	(92-131)	(93-130)	(96-128)	(105-139)	(107-135)	(92-144)		
P	23.7±1.6a	22.0±1.5a	23.2±1.9a	22.4±1.8a	23.0±1.5a	23.7±3.1a	-	-
	(20.0-25.8)	(19.4-24.5)	(20.8-25.6)	(19.8-24.8)	(21.0-25.5)	(18.8-29.0)		
VL(μm)	55±5a	58±6a	54±5a	58±6a	53±6a	56±4a	-	-
	(48-63)	(49-67)	(47-63)	(49-70)	(43-63)	(51-64)		
VW(μm)	23±3ab	24±2ab	22±3b	25±3a	22±1b	23±2ab	-	-
	(19-27)	(23-29)	(18-28)	(20-28)	(21-24)	(20-25)		
VL/VW	2.5±0.2a	2.4±0.3a	2.4±0.3a	2.4±0.2a	2.4±0.2a	2.4±0.1a	-	2.6±0.16
	(2.2-2.9)	(2.0-2.9)	(2.0-3.0)	(2.0-2.7)	(2.0-2.7)	(2.2-2.7)		(2.3-2.8)
R	142.8±5.2bc	147.6±5.4ab	146.8±4.8ab	144.0±2.8bc	141.7±4.3c	149.3±4.2a	150	145.3±9.6
	(136-152)	(137-156)	(137-152)	(140-148)	(135-149)	(142-158)	(142-164)	(127-151)
Rex	37.3±1.4a	37.3±1.5a	37.4±0.7a	37.0±1.3a	37.4±1.8a	38.4±1.7a	37	35±2.3
	(35-40)	(35-40)	(36-38)	(35-39)	(35-40)	(35-41)	(30-44)	(31-38)
Rv	17.0±1.0ab	16.3±0.9b	17.0±1.1ab	16.6±0.9ab	16.0±1.3b	17.5±1.1a	18	17±1.0
	(15-18)	(15-17)	(16-20)	(15-18)	(13-18)	(16-19)	(16-21)	(16-18)
Ran	11.3±0.9ab	11.3±0.6ab	11.1±0.7ab	11.0±0.4ab	10.7±0.8b	11.6±0.8a	12	10±1.0
	(10-13)	(10-12)	(10-12)	(10-12)	(9-12)	(10-13)	(11-15)	(8-11)

¹ Besides the symbols of the De Manian formula, the following symbols are used: m = ratio between the length of prorhabdion and stylet in % ; EP = the distance from excretory pore to the anterior end of body; p = ratio between the length of EP and body length in %; VL= distance from vulva to tail end; VW = body width at vulvar position; VL/VW = distance from vulva to terminus divided by body diam at vulva, R = total number of body annules; Rex = number of annules between anterior end of body and excretory pore; Rv = number of annules between posterior end of body and vulva; Ran = number of annules on tail.

² Measurements in the form: mean ± standard deviation (population range), “-” = no data.

³ Data in each row with the same letter were not significantly different at 1% level by LSMEANS/TDIFF.

⁴ Nakasono, K., and Ichinohe, M. 1961⁽²¹⁾

⁵ Germani, G., and Anderson, R. V. 1991⁽¹⁶⁾

列相同度分析，其所採用的分析軟體 (SeqWeb 3.1.2, GCG) 和參數設定值皆和陳氏等⁽²⁾之報告相同。關於此二種鞘線蟲的 rDNA 代表性序列中的 5.8S 基因、ITS-1 及 ITS-2 各別的序列區間位置的推測範圍，其方法是經由和 GenBank 序列資料庫中所登錄之釘線蟲 *Paratylenchus lepidus* (Accession No. EF126178)⁽¹¹⁾、*P. minutus* (EF126180) (未發表資料) 及釘線蟲 *Gracilacarus bilineata* 和 *G. aculenta* (未登錄及發表資料) 等 4 種線蟲的 rDNA 片段序列，以 BestFit program (SeqWeb 3.1.2, GCG) 進行成雙比對後所推估得之，至於本報告中之二種鞘線蟲的代表性序列產生方法則詳述於後。另各群線蟲間之各項形態測量值差異分析是以 SAS 統計分析軟體 GLM 程序 (1999, V8.2) 進行變方分析。

二種鞘線蟲 rDNA 片段序列之代表性序列

本研究中的二種鞘線蟲，其各別代表性序列 (一致性序列, consensus sequence) 的產生方式如下：在 6 群 *Hemicriconemoides kanayaensis* 中 (表一)，從 Hkan2、Hkan3、Hkan4 及 Hkan6 等 4 群中，各挑取 1 個選殖體進行定序，再由此 4 個 rDNA 片段原始序列以 Pretty

program (SeqWeb 3.1.2, GCG) 進行同時多條序列比對而得到其一致性序列，此序列再經人工檢視修正後為該種鞘線蟲之代表性序列 (1043 bp, Accession No. EF126179)。另 3 群的 *H. californianus* (表三)，從各群各挑取 1 個選殖體進行定序，再由此 3 條 rDNA 片段原始序列以前述相同方法產生其代表性序列 (1051 bp, Accession No. EU180057)。

結 果

Hemicriconemoides kanayaensis 之鑑定

由台灣地區 6 個主要產茶專業區的根圈土壤中可分離發現鞘線蟲 *Hemicriconemoides kanayaensis* 存在，其中鑑定雌蟲的主要形態測量平均值 (表一)，除 Hkan1 的 a 項平均值和其他 4 群 (Hkan6 除外) 有顯著差異外 ($P = 0.01$)，其餘各項測量平均值在 6 群間的差異不明顯，其中 c'、stylet、m、EP、P、VL、VL/VW 及 Rex 等共 8 項的測量平均值在各群間則皆無顯著差異。另 3 群雄蟲的測量平均值 (表二)，除 EP 項的平均

表二、台灣地區 *Hemicriconemoides kanayaensis* 雄蟲之形態測量值及其與在日本地區已記錄副模標本之比較

Table 2. Comparison between the morphometrics of *Hemicriconemoides kanayaensis* male populations of Taiwan and paratypes recorded in Japan

Character ¹	Location (Code)			
	Pinglin (Hkan2)	Mingchien (Hkan3)	Rueisuei (Hkan6)	Japan ⁴ (paratypes)
n	8	14	8	7
L (mm)	0.42 ± 0.01 ^a (0.40-0.44)	0.42 ± 0.02a (0.39-0.46)	0.43 ± 0.03a (0.40-0.46)	0.457 (0.422-0.489)
a	28.9 ± 2.9a (24.7-33.9)	29.3 ± 1.7a (26.7-32.1)	29.8 ± 2.3a (26.7-33.9)	29.7-32.6
c	15.5 ± 1.1a (13.9-17.5)	15.4 ± 0.8a (14.3-17.1)	16.4 ± 1.2a (14.8-17.9)	14.6 (14.2-15.1)
c'	2.6 ± 0.2a (2.2-2.8)	2.6 ± 0.3a (2.1-3.1)	2.6 ± 0.2a (2.1-2.7)	-
Spicule (μm)	26.5 (n=4) (25.7-26.7)	26.0 ± 1.6 (23.3-28.3)	25.4 ± 1.1 (24.2-27.0)	23.8
EP (μm)	91 ± 7ab (83-100)	88 ± 9b (67-100)	99 ± 5a (92-107)	86
P	21.6 ± 1.5a (19.8-23.8)	21.0 ± 2.2a (16.3-23.8)	22.8 ± 1.2a (21.8-25.1)	-
Tail (μm)	27 ± 2a (24-31)	28 ± 2a (24-31)	26 ± 2a (23-29)	-
ABW (μm)	10 ± 1a (10-11)	11 ± 1a (10-12)	10 ± 1a (10-11)	-

^{1,2,3,4} See table1.

表三、台灣地區 *Hemicriconemoides californianus* 雌蟲之形態測量值及與美國、中國及北韓地區已記錄群之比較
Table 3. Comparison between the morphometrics of *Hemicriconemoides californianus* female populations of Taiwan and populations recorded in USA, China and North Korea

Character ¹	Location (Code)					
	Luye (Hcal1)	Rueisuei (Hcal2)	Mingchien (Hcal3)	California, USA ⁴ Grape (paratypes)	China ⁵	North Korea ⁶
n	12	12	22	10	15	6
L (mm)	0.44 ± 0.03 ^{2,3} a ³ (0.40-0.49)	0.48 ± 0.03a (0.40-0.52)	0.44 ± 0.05a (0.34-0.51)	0.44 (0.41-0.46)	0.494 ± 0.029 (0.440-0.556)	0.434 ± 0.025 (0.407-0.476)
a	15.9 ± 0.6ab (15.2-16.8)	16.7 ± 1.5a (14.2-18.2)	15.0 ± 1.2b (12.5-17.8)	17 (16-19)	13.9 ± 0.7 (11.6-14.7)	12.4 ± 1.6 (10.7-14)
b	3.8 ± 0.1ab (3.6-4.0)	4.0 ± 0.2a (3.6-4.1)	3.7 ± 0.2b (3.2-4.0)	4.1 (3.4-4.6)	3.9 ± 0.2 (3.6-4.2)	3.7 ± 0.1 (3.6-3.8)
c	17.4 ± 2.7a (12.7-21.5)	17.5 ± 1.3a (15.2-19.3)	17.3 ± 1.2a (15.0-19.6)	21 (17-25)	22.2 ± 3.1 (17.6-28.9)	-
c'	1.6 ± 0.2a (1.3-2.2)	1.6 ± 0.1a (1.5-1.8)	1.5 ± 0.1a (1.2-1.8)	-	1.0 ± 0.1 (0.8-1.3)	-
V	90.0 ± 1.0a (88.5-92.2)	90.3 ± 1.0a (89.0-92.0)	89.9 ± 0.6a (88.7-91.4)	91 (90-92)	92.3 ± 1.4 (90-94)	89 ± 2.5 (86-92)
Stylet (μm)	76.8 ± 3.6a (68.7-80.0)	78.8 ± 3.1a (76.0-87.3)	80.2 ± 5.1a (71.7-88.3)	80 (77-83)	75.2 ± 1.7 (72-78)	76 ± 1.1 (74-77)
EP (μm)	121 ± 8bc (110-136)	135 ± 11a (115-154)	120 ± 8c (104-133)	-	138.0 ± 6.5 (128-154)	-
P	27.5 ± 2.5a (23.9-31.0)	28.5 ± 1.7a (26.4-30.8)	27.7 ± 2.0a (25.3-32.6)	-	-	-
VL (μm)	43 ± 5a (32-48)	46 ± 4a (39-51)	43 ± 4a (36-50)	-	-	-
VW (μm)	23 ± 1a (20-24)	23 ± 1a (20-24)	23 ± 2a (18-25)	-	-	-
VL/VW	1.9 ± 0.2a (1.5-2.2)	2.0 ± 0.2a (1.7-2.2)	1.9 ± 0.1a (1.6-2.2)	1.7 (1.3-1.8)	-	-
Tail (μm)	26 ± 4a (20-33)	27 ± 2a (23-30)	25 ± 2a (21-28)	-	22.7 ± 3.3 (18-30)	-
ABW (μm)	16 ± 2a (10-18)	17 ± 1a (15-18)	17 ± 1a (14-19)	-	-	-
R	112.8 ± 1.8a (111-117)	113.2 ± 3.0a (110-119)	110.8 ± 2.6a (106-116)	119 (112-127)	109.0 ± 4.3 (100-117)	111 ± 2 (108-115)
Rex	31.8 ± 1.4a (29-34)	31.8 ± 1.7a (28-34)	31.7 ± 1.0a (30-34)	35 (34-37)	29.2 ± 1.5 (27-31)	31 ± 1.7 (30-34)
Rv	12.3 ± 1.0ab (11-14)	12.8 ± 0.8a (11-14)	11.0 ± 0.7c (10-12)	11 (10-12)	10.3 ± 0.9 (9-12)	11 ± 1 (10-14)
Ran	7.5 ± 0.8a (6-9)	7.3 ± 0.5ab (7-8)	6.4 ± 0.7c (5-8)	5 (4-6)	5.8 ± 0.7 (4-7)	-

^{1, 2, 3} See table 1.

⁴ Pinochet, J., and Raski, D. J. 1975⁽²⁵⁾

⁵ Chen, L. J., and Liu, W. Z. 2002⁽¹³⁾

⁶ Kornobis, S., and Dobosz, R. 1996⁽¹⁹⁾

值在3群間具有較大差異外，其餘8項的平均值在各群間皆無顯著差異。

在rDNA片段序列的比對上，4個選殖體定序之原始序列大小為1042-1043 bp，和其代表性序列(1043 bp)的相似度為99.5-100%。至於代表性序列中的ITS-1、ITS-2及5.8S的序列大小，依序分別為380 bp、208 bp及155 bp。

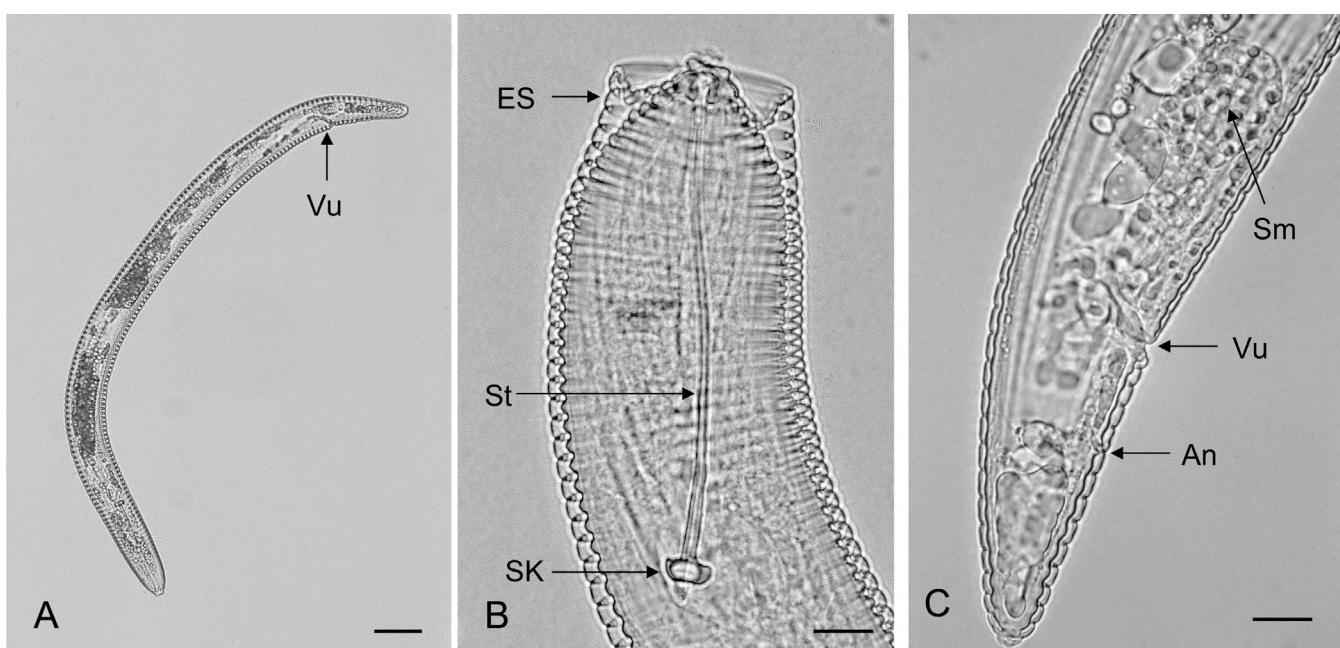
H. kanayaensis 雌蟲的外觀屬於長圓筒狀，最大體寬約28.7 μm (23-35 μm)，蟲體固定靜止時大多呈現微向腹面彎曲，體環明顯，尾部長棍棒狀(圖一, A)。頭部圓錐狀，頭唇部第一個體環明顯凸出，外緣呈現圓滑狀，而頭端外鞘(external sheath)有時呈現向前移出鬆脫情形(圖一, B, 圖五, A)。口針粗壯，口針結球外緣略向前突出，類似船錨狀，其橫寬度約7.4 μm (6.0-8.7 μm)(圖一, B)。尾部上的陰門及肛門位置明顯，二者構造間的體環數目約為4-5個；陰門開口兩側無陰門蓋(vulva flap)；受精囊(spermatheca)為圓形或卵圓形，充滿精子(圖一, C；圖五, B)。*H. kanayaensis* 雄蟲的外觀和雌蟲間有明顯差異，不具有外鞘，體型較短且細，最大體寬約15 μm (13-17 μm)；頭唇部前端外觀形狀和雌蟲極為相近；排泄孔位置明顯；不具口針，食道構造極不明顯(圖二, A)。尾部形態和雌蟲相類似，交接刺(spicule)弓型，具有副刺

(gubernaculum)，無交接囊(bursa)(圖二, B)。雄蟲體表面側具有側帶(lateral field)，4條側帶溝相當明顯(圖二, C)。

Hemicriconemoides californianus 之鑑定

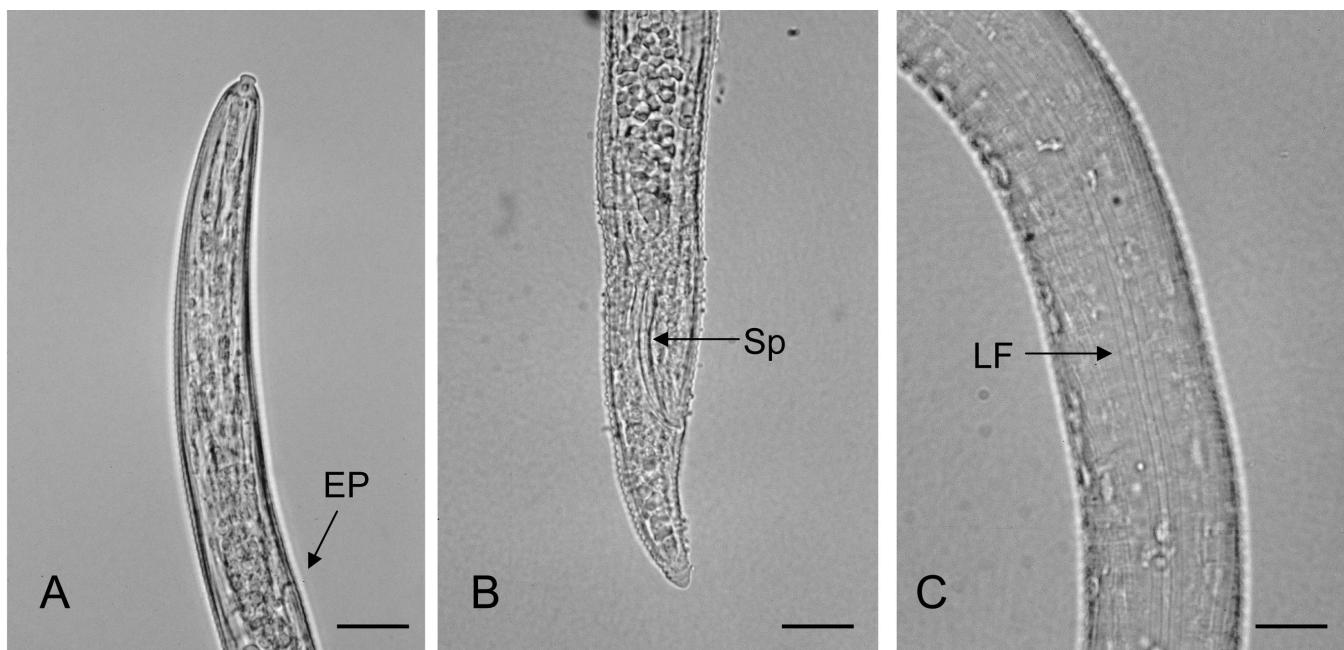
截至目前，鞘線蟲*Hemicriconemoides californianus*只於台灣地區3個主要產茶專業區的茶樹根圈土壤中發現，其中雌蟲的主要形態測量平均值(表三)，除Hcal2的EP項平均值，Hcal3的Rv和Ran二項的平均值和其他2群有顯著差異($P = 0.01$)，其餘各項測量平均值在3群間的差異不明顯，其中c、c'、VL/VW、V、stylet、P、VL、VW、Tail、ABW、R及Rex等共12項的測量平均值在各群間則皆無顯著差異。*H. californianus* 雄蟲稀少，僅於Hcal1一群中分離到4隻，其形態測量值平均值及其範圍如下：L, 0.37 mm (0.35-0.41)；a, 24.7 (23.3-25.7)；c, 14.0 (12.4-17.1)；c', 2.2 (1.8-2.4)；spicule, 28.9 μm (27.0-30.0)；EP, 100 μm (95-112)；p, 27.0 (26.4-27.7)；Tail, 27 μm (21-33)；ABW, 13 μm (11-15)。

在rDNA片段序列的比對上，3個選殖體定序之原始序列大小皆為1051 bp，和其代表性序列(1051 bp)的相似度皆為99.9%。另代表性序列中的ITS-1、ITS-



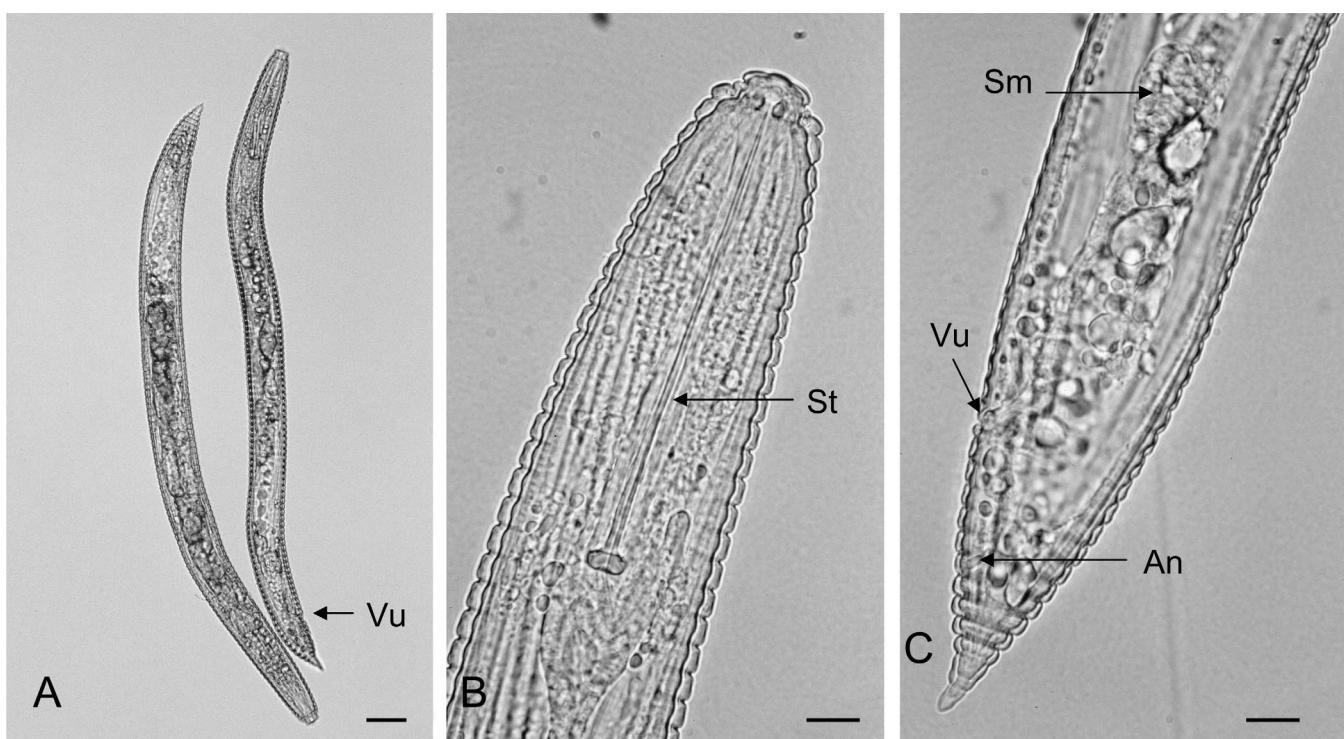
圖一、*Hemicriconemoides kanayaensis* 雌蟲之光學影像形態：A，蟲體靜止時形態(Vu, 陰門)；B，頭端部分(ES, 體皮外鞘；St, 口針；SK, 口針結球)；C，尾部(An, 肛門；Sm, 受精囊；Vu, 陰門)。比例尺長度：A = 30微米；B,C = 10微米。

Fig. 1. Photomicrographs of female *Hemicriconemoides kanayaensis*, A, Whole body (Vu, vulva); B, Anterior region (ES, external sheath; St, stylet; SK, stylet knob); C, tail (An, anus; Sm, spermatheca; Vu, vulva). Scale bars in A = 30 μm ; B & C = 10 μm .



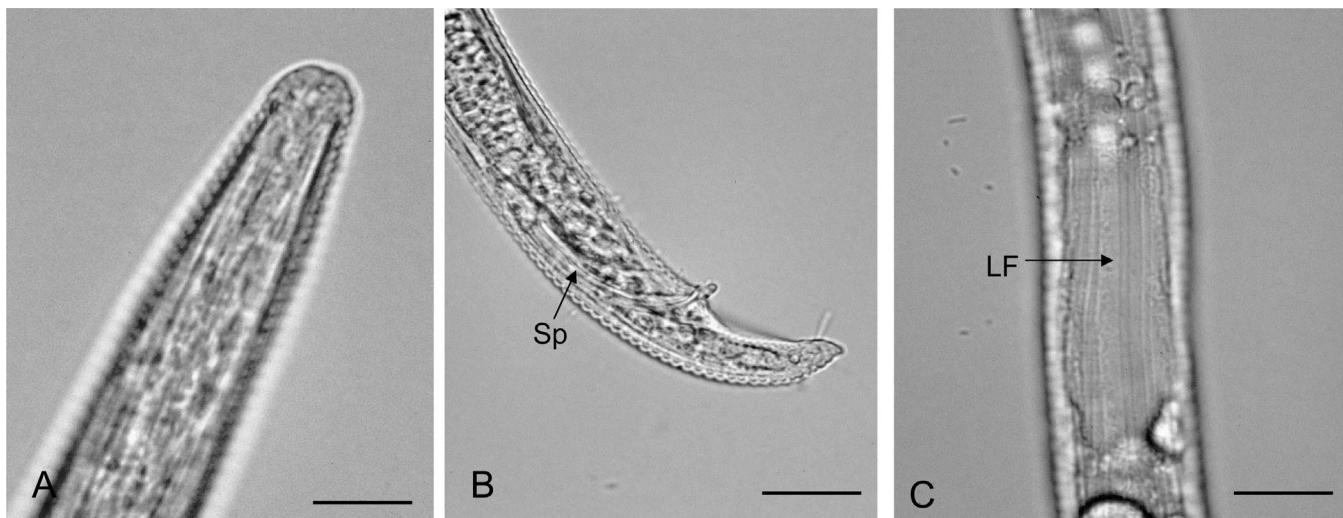
圖二、*Hemicriconemoides kanayaensis* 雄蟲之光學影像形態：A，蟲體前端部分 (EP, 排泄孔)；B，尾部 (Sp, 交接刺)；C，蟲體中段部分 (LF, 側帶)。比例尺長度：圖A-C皆為10微米。

Fig. 2. Photomicrographs of male *Hemicriconemoides kanayaensis*: A, Anterior region (EP, excretory pore); B, Tail region (Sp, spicule); C, Middle region (LF, lateral field). Scale bars is $10 \mu\text{m}$ in all pictures.



圖三、*Hemicriconemoides californianus* 雌蟲之光學影像形態：A，蟲體靜止時形態 (Vu, 陰門)；B，頭唇部分 (St, 口針)；C，尾部 (An, 肛門；Sm, 受精囊；Vu, 陰門)。比例尺長度：A = 30微米；B & C = 10微米。

Fig. 3. Photomicrographs of female *Hemicriconemoides californianus*, A, Whole body (Vu, vulva); B, Head region (St, stylet); C, Tail region, (An, anus; Sm, spermatheca; Vu, vulva). Scale bars in A = $30 \mu\text{m}$; B & C = $10 \mu\text{m}$.



圖四、*Hemicriconemoides californianus* 雄蟲之光學影像形態：A，頭端部分；B，尾部部分 (Sp, 交接刺)；C，蟲體中段部分 (LF, 側帶)。比例尺長度：圖A-C皆為10微米。

Fig. 4. Photomicrographs of male *Hemicriconemoides californianus*, A, Anterior end; B, Tail region (Sp, spicule); C, Middle region, (LF, lateral field). Scale bars is 10 μm in all pictures.

2 及 5.8S 的序列大小，依序分別為 380 bp、215 bp 及 155 bp。

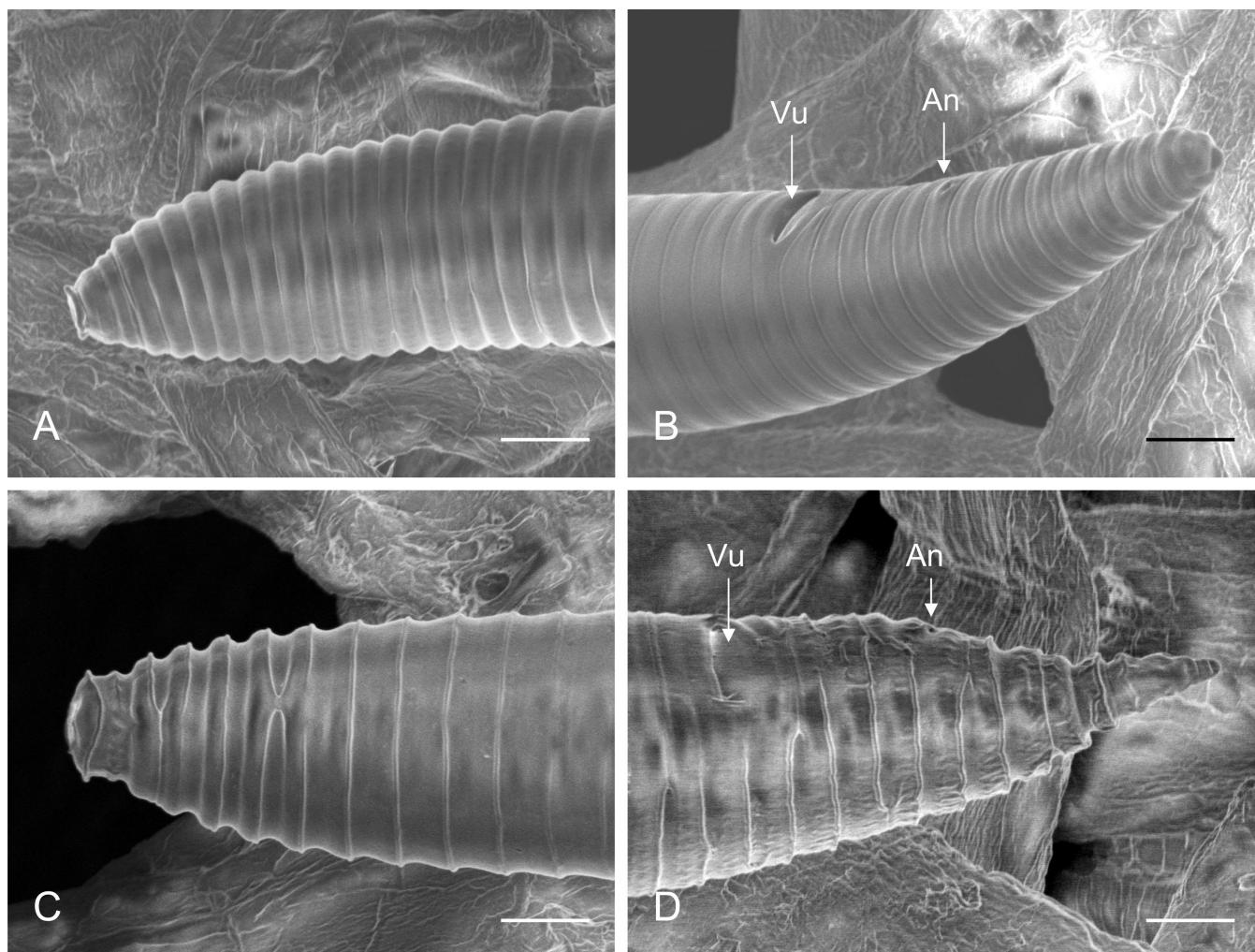
H. californianus 雌蟲的外觀呈現長圓筒狀，最大體寬約 28.7 μm (23-34 μm)，蟲體固定靜止時大多呈現微向腹面彎曲，體環明顯，尾部長圓錐形，尾端尖細(圖三, A)。口唇盤略隆起，頭唇部具有二個體環，第一個體環低平，外緣平滑，而第二個體環不明顯(圖三, B, 圖五, C)。口針粗壯，口針結球外緣略向前突出，類似船錨狀，其橫寬度約 6.7 μm (5.7-7.7 μm) (圖三, B)。尾部上的陰門及肛門位置明顯，二者構造間的體環數目約為 4-5 個；陰門開口兩側無陰門蓋(vulva flap)；受精囊(spermatheca) 為圓形或卵圓形，充滿精子(圖三, C；圖五, D)。*H. californianus* 雄蟲的外觀形態和雌蟲間有明顯差異，不具有外鞘，體型較短且細，最大體寬約 15 μm (14-16 μm)；頭唇部外觀形狀和雌蟲不同，稍為膨大且體環明顯，不具口針(圖四, A)；食道構造不明顯，但排泄孔的位置相當顯著。尾部形態和雌蟲不同，明顯向腹面彎曲；交接刺弓型(圖四, B)。雄蟲體表側帶不明顯，具有4條側帶溝(圖四, C)。

討 論

在本研究中所鑑定的 6 群 *Hemicriconemoides kanayaensis* 雌蟲，雖然其中 Hkan1 的 a 項平均值和其他 5 群有顯著地差異，但是其測量值的範圍和其他各群間皆有顯著的重疊，且該群的其餘測量平均值和其

他 5 群亦相當接近。至於 Hkan2, 3, 6 等 3 群雄蟲間，亦只有 EP 項的平均值在各群間有較大差異，其他各項的平均值 (spicule 項未經統計分析) 皆無顯著差異。另外在 rDNA 片段序列分析上，Hkan2, 3, 4, 6 等 4 群的原始序列大小相近 (1042-1043 bp)，且與代表性序列的相似度高達 99.5% 以上。同樣地，3 群的 *H. californianus* 雌蟲，Hcal2 的 EP 項，以及 Hcal3 的 Rv 和 Ran 二項的平均值雖然分別和其他 2 群有顯著性差異，但是該三項測量值的範圍和其他二群間都具有明顯重疊部分，且其餘各項平均值在 3 群間的差異並不明顯。另於 rDNA 片段序列分析上，全部 3 群的原始序列大小皆和其代表性序列相同 (1051 bp)，且相似度高達 99.9 % 以上。至於這二種鞘線蟲之代表性序列間的相似度則只有 87.4 %。由上述結果分析，確定本研究依形態測量值所鑑定的其中 6 個線蟲族群皆應屬於同一種鞘線蟲 *H. kanayaensis*，另外 3 個線蟲族群皆應屬於 *H. californianus*。

從台灣地區茶園所分離鑑定的鞘線蟲 *H. kanayaensis* 雌蟲之供試族群與在日本 Shizuoka 地區，同樣從茶園所分離的副模標本比較，在可供比對的測量值項目中，只有 a 項的平均值有差異 (16.6-18.6 vs. 21.5)，但是其範圍值有部分重疊情形，另外其他各項的平均值及範圍則吻合。在雄蟲方面，可供比對的測量值僅有 3 項 (L, a, c)，其中只有 c 項的平均值有差異，但是範圍值間仍有重疊。另該報告文中提及交接刺 (spicule) 的長度約為 23.8 μm ，頭端至排泄孔位置的距離 (EP) 約為 86 μm ，而此二個數值分別介於 Hkan3



圖五、*Hemicriconemoides kanayaensis* 和 *H. californianus* 雌蟲之SEM影像形態：A, *H. kanayaensis* 頭端部分；B, 尾端部分 (An, 肛門；Vu, 陰門)；C, *H. californianus* 頭端部分；D, 尾端部分 (An, 肛門；Vu, 陰門)。比例尺長度：圖A-D皆為10微米。

Fig. 5. SEM photomicrographs of female *Hemicriconemoides kanayaensis* and *H. californianus*: A, Anterior region of *H. kanayaensis*; B, Tail region (An, anus; Vu, vulva); C, Anterior region of *H. californianus*; D, Tail region (An, anus; Vu, vulva). Scale bars is 10 μ m in all pictures.

及 Hkan2 和 Hkan3 的測量值範圍中。雖然雄蟲方面可供比對的形態測量值項目較少，但是本研究中，雄蟲凸出的頭唇部外觀特徵和文中插圖相當一致。另本研究鑑定的結果和 Germani 和 Anderson 二氏 (1991) 所記錄的測量值更加吻合，但是後者的報告缺少雄蟲的形態測量值和圖片資料⁽¹⁶⁾。

在 *H. californianus* 的鑑定上，台灣地區 3 個供試雌蟲族群的外觀特徵和形態測量值與最早在美國加州葡萄 (*Vitis vinifera L.*) 園中所分離鑑定之該種鞘線蟲的副模標本 (paratypes) 之數值最為相符，雖然在其可供比對的形態測量值中，但與 c、VL/VW、R、Rex 及 Ran 等 5 項的平均值間具有差異，但是其測量值範圍間均有部分重疊。至於與雄蟲副模標本 ($n = 8$, $L = 0.44$

$0.38\text{-}0.47$); $a = 25$ (22-28); $c = 17$ (14-18); spicule = 24 (22-25)) 比較，本研究的雄蟲蟲體較短，但是交接刺則明顯較長。另外和中國遼寧省瀋陽市和鞍山市地區，從榆樹 (*Ulmus pumila*)、山楂 (*Crataegus pinnatifida*) 及核桃 (*Juglans mandshurica*) 等共 9 種植物所分離到的 *H. californianus* 互相比較，其大部分形態測量值間皆比和副模標本更為相近，只有 a 項 (15.0-16.7 vs. 13.9) 和 c' 項 (1.5-1.6 vs. 1.0) 有較大差異，但是其範圍值間仍有些許重疊部分；至於和北韓 Anju 地區，從 *Buxus sempervirens* 植物上所分離的該種鞘線蟲相比，其形態測量值間亦相當吻合，只有 a 項的差異較大 (15.0-16.7 vs. 12.4)。上述在中國和北韓地區的調查研究報告皆未發現雄蟲^(13, 19)。

依據 Campos 氏等 (1990) 的報告⁽¹⁾，在茶園中發現的鞘線蟲種類僅有 *H. kanayaensis* 一種，而其分佈地區只限於日本、中國及台灣等 3 個地區，至於本研究所鑑定的 *H. californianus* 為首次在茶園中發現。除了本文提及的這二種鞘線蟲，其他學者如 Loos 氏 (1949)⁽²⁰⁾ 於錫蘭 (Ceylon, 今稱斯里蘭卡) 地區的茶樹苗圃土壤 (tea-nursery soil) 中分離鑑定之鞘線蟲為 *H. gaddi*，該種鞘線蟲的總體環數目 (R) 明顯多於本研究的 *H. californianus* (about 120 vs. 111-113)；中國大陸張氏 (1998)⁽³¹⁾ 於福建地區的山茶花 (*Camellia japonica*) 根圈土壤中所分離鑑定的鞘線蟲為 *H. camelliae*，其雌蟲尾部為圓錐形，末端漸細，其形態和 *H. californianus* 頗為相似，總體環數目 (R) 的範圍亦相近 (107-118 vs. 106-119)，但是口針長度的平均值差異很大 (89 μm vs. 76.8-80.2 μm)，頭唇部的形態也有明顯不同。

本研究提供較多供試群及更多項的形態測量值 (其中雌蟲包括 c'、m、EP、p、VL 及 VW 等共 6 項，雄蟲包括 c'、spicule、EP、p、Tail 及 ABW 等共 6 項)，並進行部分供試群的 rDNA 片段序列相似度的綜合比較，對台灣地區茶園中此二種鞘線蟲的形態變異範圍已有了更確切的認知。雖然測量值和該二種線蟲的副模標本，以及後續在中國和北韓所分離鑑定的族群互相比較後，部分項目的測量值間仍存在些許差異，這些差異或許可歸咎於地理環境條件或寄主植物種類不同，及檢視樣本的數量及測量方法不同所致。另外本研究亦首次將此二種鞘線蟲的完整 5.8S 基因和內轉錄區間 (ITS-1 和 ITS-2)，以及部分 18S 和 28S 基因的序列登錄至 GenBank 資料庫中，而此一類型序列資料可做為分子標誌 (genetic marker) 或生命條碼 (barcode of life)，提供未來鞘線蟲鑑定的另一個較為客觀的輔助鑑別依據。

謝 辭

本研究承農委會農業藥物毒物試驗所蘇秋竹副研究員和李祈益先生提供掃描式電子顯微鏡之相關儀器和技術指導；本所作物組試驗統計研究室呂椿棠助理研究員協助數據統計分析，特致謝忱。

引用文獻 (LITERATURE CITED)

1. Campos, V. P., Sivapalan, P., and Gnanapragasam, N. C. 1990. Nematode parasites of coffee, cocoa and Tea. Pages 387-430 in: Plant parasitic nematodes in subtropical and tropical agriculture. Luc, M., Sikora, R. A., and Bridge, J. eds. CAB international, UK, 629 pp.
2. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Variability within *Xiphinema elongatum* populations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 45-60. (in Chinese with English abstract)
3. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Variability within *Xiphinema insigne* populations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 127-142. (in Chinese with English abstract)
4. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Identification and variation of *Xiphinema hunanense* populations from Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 155-166. (in Chinese with English abstract)
5. Chen, D. Y., Ni, H. F., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Identification of *Xiphinema* species from Kinmen. Plant Pathol. Bull. 13: 237-241. (in Chinese with English abstract)
6. 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.
7. Chen, D. Y., Chen, R. S., Yen, J. H., Tsay, T. T., and Ni, H. F. 2006. Species of spiral nematode and lance nematode (Nematoda: Hoplolaiminae) identified in Taiwan and Kinmen. Plant Pathol. Bull. 15: 25-38. (in Chinese with English abstract)
8. Chen, D. Y., Ni, H. F., Chen, R. S., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2006. Identification of spiral nematode (Nematoda: Rotylenchinae) collected from Taiwan and Kinmen. Plant Pathol. Bull. 15: 153-169. (in Chinese with English abstract)
9. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Chen, R. S., and Tsay, T. T. 2006. Distribution of rice root nematode *Hirschmanniella oryzae* and a new recorded *H. mucronata* (Nematoda: Pratylenchidae) in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 15: 197-210. (in Chinese with English abstract)
10. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2006. Identification of stunt nematode *Tylenchorhynchus annulatus* and a new recorded *Tylenchorhynchus leviterminalis* (Nematoda: Belonolaimidae) in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 15: 251-262. (in Chinese with English abstract)
11. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2007. Identification of a new recorded pin nematode, *Paratylenchus lepidus*, (Nematoda: Criconematoidea, Tylenchulidae) among tea plantations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 16: 41-46. (in Chinese with English abstract)

12. Chen, D. Y., Ni, H. F., and Tsay, T. T. 2007. Identification of a new recorded stunt nematode *Tylenchorhynchus ziae* (Nematoda: Belonolaimidae) in Taiwan. *Plant Pathol. Bull.* 16: 79-86. (in Chinese with English abstract)
13. Chen, L. J., and Liu, W. Z. 2002. Description of three new recorded species of *Hemicriconemoides* in China. *J. Shenyang Agri. Uni.* 33: 416-419. (in Chinese with English abstract)
14. Chitwood, B. G., and Birchfield, W. 1957. A new genus, *Hemicriconemoides* (Criconematidae: Tylenchina). *Proc. Helminth. Soc. Wash.* 24: 80-86.
15. Esser, R. P., and Vovlas, N. 1990. A diagnostic compendium to the genus *Hemicriconemoides* (Tylenchida: Criconematidae). *Soil and Crop Sci. Soc. Fla. Proc.* 49: 211-219.
16. Germani, G., and Anderson, R. V. 1991. Taxonomic notes on some *Hemicriconemoides* species and description of a new species. *J. Nematol.* 23: 502-510.
17. Hoste, H., Chilton, N. B., Beveridge, I., and Gasser, R. B. 1998. Differences in the first internal transcribed spacer of ribosomal DNA among five species of *Trichostrongylus*. *Int. J. Parasitol.* 28: 1251-1260.
18. Hung, G. - C., Chilton, N. B., Beveridge, I., McDonnell, A., Lichtenfels, J. R., and Gasser, R. B. 1997. Molecular delineation of *Cylicocyclus nassatus* and *C. ashworthi* (Nematoda: Strongylidae). *Int. J. Parasitol.* 27: 601-605.
19. Kornobis, S., and Dobosz, R. 1996. Some species of Tylenchida (Nemata) from North Korea. *J. Plant Prot. Res.* 37: 113-116.
20. Loos, C. A. 1949. Notes on free-living and plant-parasitic nematodes of Ceylon - No. 4. *J. Zool. Soc. India* 1: 17-22.
21. Nakasono, K., and Ichinohe, M. 1961. *Hemicriconemoides kanayaensis* n. sp. associated with tea root in Japan (Nematoda: Criconematidae). *Japanese J. Applied Entomology and Zoology* 5: 273-276.
22. Nasmith, C. G., Speranzini, D., Jeng, R., and Hubbes, M. 1996. RFLP analysis of PCR amplified ITS ans 26S ribosomal RNA genes of selected entomopathogenic nematodes (Steinernematidae, Heterorhabditidae). *J. Nematol.* 28:15-25.
23. Newton, L. A., Chilton, N. B., Beveridge, I., and Gasser, R. B. 1998. Genetic evidence indicating that *Cooperia surnabada* and *Cooperia oncophora* are one species. *Int. J. Parasitol.* 28: 331-336.
24. Oliveira, C. M. G., Fenton, B., Malloch, G., Brown, D. J. F., and Neilson, R. 2005. Development of species-specific primers for the ectoparasitic nematode species *Xiphinema brevicolle*, *X. diffusum*, *X. elongatum*, *X. ifacolum* and *X. longicaudatum* (Nematoda: Longidoridae) based on ribosomal DNA sequences. *Ann. Appl. Biol.* 146: 281-288.
25. Pinochet, J., and Raski, D. J. 1975. Four new species of the genus *Hemicriconemoides* (Nematoda: Criconematidae). *J. Nematol.* 7: 263-270.
26. Powers, T. O., Todd, T. C., Burnell, A. M., Murray, P. C. B., Fleming, C. C., Szalanski, A. L., Adams, B. A., and Harris, T. S. 1997. The rDNA internal transcribed spacer region as a taxonomic marker for nematodes. *J. Nematol.* 29: 441-450.
27. Raski, D. J., and Luc, M. 1987. A reappraisal of Tylenchina (Nemata) 10. The superfamily Criconematoidea Taylor, 1936. *Revue Nematol.* 10: 409-444.
28. Siddiqi, M. R. 2000. Tylenchida parasites of plants and insects. 2nd edition. Wallingford, UK, CABI Publishing, 833 pp.
29. Vrain, T. C., Wakarchuk, D. A., Levesque, C. A., and Hamilton, R. I. 1992. Intraspecific rDNA restriction fragment length polymorphism in the *Xiphinema americanum* group. *Fundam. Appl. Nematol.* 15:563-573.
30. Wang, L. C. 1970. A study on soil nematodes of tea plantation in Taiwan. *Taiwan Agriculture* 6: 126-151. (in Chinese with English abstract)
31. Zhang, S. S. 1998. Two new species of *Hemicriconemoides* (Nematoda: Criconematidae). *Acta Phytopathol. Sinica* 28: 367-375.

ABSTRACT

Chen, D. Y.¹, Ni, H. F.², Yen, J. H.³, and Tsay, T. T.^{4,5}. 2007. Identification of *Hemicriconemoides kanayaensis* and *H. californianus* (Nematoda: Criconematoidea, Criconematidae) among tea plantations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 16:181-192 (¹Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan; ²Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, TARI, Taiwan; ³Agricultural Extension Center, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan; ⁴Department of Plant Pathology, NCHU, Taichung, Taiwan; ⁵Corresponding author, E-mail: tttsay@nchu.edu.tw , Fax: +886-4-22876712)

Nine populations of *Hemicriconemoides* spp. has isolated by modified Baermann funnel method from the rhizosphere soil of tea plants among 7 major tea production areas in Taiwan since April, 2006. Comparisons of the morphology, morphometrics and ribosomal DNA fragment sequences (include full 5.8S gene, ITS-1, ITS-2 and partial 18S and 28S gene) has yielded 6 populations being *H. kanayaensis* Nakasono & Ichinoe, 1961 and 3 populations being *H. californianus* Pinochet & Raski, 1975. *H. californianus* was the first reported in Taiwan. In this study, additional morphometric data (including c', m, EP, P, VL and VW of female; c', spicule, EP, P, Tail and ABW of male) and SEM figures for these two sheath nematode were provided. The representative sequences of rDNA fragment of *H. kanayaensis* and *H. californianus* had the size of 1043 bp and 1051 bp, respectively, and were firstly submitted to GenBank.

Key words: sheath nematode, *Camellia sinensis*, identification, ribosomal DNA, *Hemicriconemoides kanayaensis*, *Hemicriconemoides californianus*