

DOI: 10.19663/j.issn2095-9869.20171226001

http://www.yykxjz.cn/

谢志胜, 马江霞, 杨昆明, 段成任, 郭爱民, 岳城. 图丽鱼寄生破坏古氏虫的形态描述及系统发育. 渔业科学进展, 2019, 40(3): 87-93

Xie ZH, Ma JX, Yang KM, Duan CR, Guo AM, Yue C. Morphological description and molecular phylogeny of the *Gussevia asota* parasite on *Astronotus ocellatus*. Progress in Fishery Sciences, 2019, 40(3): 87-93

# 图丽鱼寄生破坏古氏虫的形态描述及系统发育\*

谢志胜 马江霞 杨昆明 段成任 郭爱民 岳城<sup>①</sup>

(新疆农业大学动物医学学院 乌鲁木齐 830052)

**摘要** 在调查新疆乌鲁木齐市观赏鱼感染寄生虫种类期间,从图丽鱼(*Astronotus ocellatus*)鳃部采集到一种单殖吸虫,经过形态学比较具有鉴定依据的背腹中央大钩、联接片、交接器等结构后,鉴定为锚首虫亚科(Ancyrocephalinae)的破坏古氏虫(*Gussevia asota*)。首次测定了破坏古氏虫 28S rDNA 基因序列(GenBank 登录号: MG596661),系统发育分析表明,该虫与鲮鱼虫属(*Ligophorus*)、嗜丽鱼虫属(*Cichlidogyrus*)的亲缘关系较近,聚为稳定的独立分支。

**关键词** 图丽鱼; 破坏古氏虫; 形态描述; 系统发育

**中图分类号** S941.5 **文献标识码** A **文章编号** 2095-9869(2019)03-0087-07

图丽鱼(*Astronotus ocellatus*)别名“地图鱼”、“猪仔鱼”等,是一种原产于秘鲁、哥伦比亚和巴西亚马逊流域和法属圭亚那、阿根廷一带的热带淡水、底栖性鱼类(鲈形目 Perciformes、慈鲷科 Cichlidae);作为一个引进的物种也存在于巴西流域盆地(De Azevedo *et al.*, 2007)。对水族爱好者来说,它是一种非常受欢迎的商业性慈鲷科鱼类,同时,也因其鲜美的肉质而被亚马逊流域的人作为一种食用鱼(Delgado *et al.*, 2014; Tavares-Dias *et al.*, 2014)。近年来,随着“一带一路”经济带的建设,新疆地区的水产养殖发展迅速,但在发展的过程中,也出现一些疾病问题,如寄生虫就是严重危害当地养殖鱼类的重要病原之一。

古氏虫属(*Gussevia*)(Kohn *et al.*, 1964)隶属于锚首虫亚科(Ancyrocephalinae),其中,包括 17 种有效物种,这些单殖吸虫通常寄生于慈鲷科鱼类的鳃部(Thatcher, 1991)。Lubomír Šmiga 等(2016)研究发现,当大量的虫体寄生于鱼体时,鱼表现出明显的窒息,神经系统症状(狂游、碰壁等),运动失调和突然死亡。

长期以来,单殖吸虫的鉴定主要是依靠其具有鉴定意义的几丁质结构的形态进行,但是,由于单殖吸虫种类繁多,且形态极为相近,这就为虫种的正确鉴定带来一定的困难。近年来,随着分子标记技术的迅速发展,基因组序列测定已逐步成为物种分子系统发育研究的普遍方法,尤其是核糖体基因,在寄生虫物种鉴定、亲缘关系的演化等方面尤为突出(孟飞燕, 2016; Mollaret *et al.*, 2000; 丁雪娟等, 2005)。本研究通过测定破坏古氏虫的 28S rDNA 的序列,旨在为该虫在分子系统进化方面提供基础资料,同时,也填补了该虫在分子生物学研究方面的空白。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品的来源

2016年5月~2017年6月,对新疆乌鲁木齐明珠花卉市场和华凌观赏鱼市场养殖观赏鱼做寄生虫学调查期间,先后采集到图丽鱼 18 尾。将活鱼运送到实验

\* 国家自然科学基金(31360644)和科技成果转化专项资金(2016C03013)共同资助 [This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (31360644), and Scientific and Technological Achievements Transformation Special Funds (2016C03013)]. 谢志胜, E-mail: 1127090984@qq.com

<sup>①</sup> 通讯作者: 岳城, 教授, E-mail: yuechengxd@aliyun.com

收稿日期: 2017-12-26, 收修改稿日期: 2018-04-02

室并进行拍照、测量和称重,并使用常规解剖法将鱼处死后,对其进行寄生虫学检查,分别剪取每条鱼的鳃片,在解剖镜下逐一检查,发现寄生虫后,用吸管吸取到 1.5 ml 的 EP 管中,滴加不同浓度的乙醇保存。

## 1.2 形态学鉴定

在解剖镜下挑取形态完整的虫体放置在载玻片上,用 4% 聚乙烯乳酸酚(伍惠生, 1980)固定封片,并在光学显微镜下拍照,测定背腹中央大钩、联接片、交接器等几丁质结构,小括号前的数值为所测量标本的平均值,括号中为量度变化范围。所制虫体标本保存在新疆农业大学动物医学学院寄生虫实验室。

## 1.3 DNA 提取及目的基因的 PCR 扩增

依据形态学鉴定结果,选取 95% 乙醇保存的虫体若干只,清水冲洗,TE 缓冲液浸泡过夜后,分别装入 1.5 ml 的 EP 管中,用 DNA 提取试剂盒提取虫体 DNA,保存于 -20℃ 冰箱中,用于后续实验。

分子标记选取核糖体 DNA 的 28S rDNA 序列,目的序列的扩增引物参照 Hassouna 等(1984),引物序列为 MF1: 5'-ATTCCGATAACGAACGAGACT-3', MR1: 5'-GCTAGCTGCGTTCTTCATCGA-3'。PCR 扩增的反应体系为 50  $\mu$ l,反应程序: 95℃ 4 min; 92℃ 1 min, 55℃ 1 min, 72℃ 1 min 30 s, 35 个循环; 72℃ 10 min, 4℃ 终止。

## 1.4 目的 DNA 序列的测定

将扩增产物经 1% 的琼脂糖电泳分析,切取目的条带,用全式金胶回收试剂盒纯化后,送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序。

## 1.5 基于 28S rDNA 序列的系统发育分析

基于 28S rDNA 序列,以 *Gyrodactylus pterygialis* 为外类群,选取 20 种(表 1)已发表的分属于锚首虫亚科不同属之间的 28S rDNA 序列,与本研究所测得的序列一起,在 MEGA 7.0 软件中构建系统发育树。

表 1 本实验用到的已发表的锚首虫亚科 28S rDNA 序列信息  
Tab.1 List of published Ancyrocephalinae 28S rDNA sequences used in this study

属 Genus	拉丁名 Latin name	GenBank 登录号 GenBank accession number
鲮鱼虫属 <i>Ligophorus</i>	<i>L. uruguayensis</i>	KF442630
	<i>L. chabaudi</i>	JN996834
	<i>L. cephalis</i>	JN996830
嗜丽鱼虫属 <i>Cichlidogyrus</i>	<i>C. casuarinus</i>	KX007822
	<i>C. amieti</i>	KT945076
	<i>C. yanni</i>	HE792777
	<i>P. gigi</i>	KX812456
伪锚盘虫属 <i>Pseudancylo-discoides</i>	<i>Pseudancylo-discoides</i> sp.	EF100544
	<i>Q. kobiensis</i>	EF100545
四刺虫属 <i>Quadriacanthus</i>	<i>Q. clariadis</i>	KX685952
	<i>Q. bagrae</i>	KX685951
	<i>A. percae</i>	KF499080
锚首虫属 <i>Ancyrocephalus</i>	<i>A. percae</i>	KF499080
	<i>A. paradoxus</i>	AJ969952
	<i>H. cromileptis</i>	EU523146
海盘虫属 <i>Haliotrema</i>	<i>H. johnstoni</i>	DQ157664
	<i>H. platycephali</i>	DQ157662
	<i>C. pricei</i>	AJ969939
锁盘虫属 <i>Cleidodiscus</i>	<i>B. rosetta</i>	DQ537364
嗜石鲈虫属 <i>Bravohollisia</i>	<i>T. asoti</i>	MG601546
撒氏虫属 <i>Thaparocleidus</i>		

## 2 结果

### 2.1 形态学鉴定结果

在对图丽鱼进行寄生虫学检查时,除了检查鳃丝外,还检查了其他内部的脏器组织和体表皮肤,但并没有发现其他的病原体存在。而在鳃片的检查过程中发现,该寄生虫偏好寄生在鳃丝顶端末梢,且感染率

和感染强度非常高,分别达到 92% 和 1~224。

基于被测量的 8 个虫体玻片标本,虫体全长为 441.6 (307.7~530.8)  $\mu$ m,纺锤形,头区狭窄。头腺非常发达,4 对,分别在头区顶部两端。眼点 2 对,等距,后一对较大。最大体宽为 82.3 (50.8~96.4)  $\mu$ m。咽为卵圆形,直径为 21.9 (19.8~25.1)  $\mu$ m。后吸器发育完全,分为发达的前叶和后叶,前叶大于后叶的腺

体斑块, 后吸器宽为  $64.3 (50.9\sim 79.8) \mu\text{m}$ 。腹中央大钩全长为  $20.5 (15.7\sim 22.9) \mu\text{m}$ , 钩基长为  $18.2 (12.2\sim 20.8) \mu\text{m}$ , 钩尖长为  $8.7 (8.0\sim 10.3) \mu\text{m}$ , 具有发达的几丁质丝, 内外突分化不明显, 内突长为  $5.7 (3.5\sim 9.8) \mu\text{m}$ , 外突长为  $3.4 (3.1\sim 3.7) \mu\text{m}$ 。背中央大钩全长为  $25.4 (24.4\sim 26.8) \mu\text{m}$ , 钩基长为  $21.4 (20.6\sim 24.4) \mu\text{m}$ , 钩尖长为  $15.9 (14.3\sim 17.4) \mu\text{m}$ , 内外突分化明显, 内突长为  $10.2 (8.7\sim 12.0) \mu\text{m}$ , 外突长为  $4.6 (4.3\sim 4.9) \mu\text{m}$ 。腹联接片大小为  $1.9\times 27.4 [(1.2\sim 2.6)\times (21.5\sim 30.9)] \mu\text{m}$ , 细丝状, 末端卷曲在腹中央大钩基部。背联接片大小为  $3.8\times 37.5 [(2.6\sim 5.7)\times (24.5\sim 44.1)] \mu\text{m}$ , 棒状, 末端稍扩大。边缘小钩 7 对, 第 1~4 对和第 6、7 对边缘小钩为锥形钩, 长为  $10.7 \mu\text{m} (N=2)$ , 第 5 对边缘小钩长为  $12.2 \mu\text{m} (N=2)$ 。交接器由交接管和支持器 2 部分组成, 交接管卷曲, 基部膨大, 长为  $52.2 (47.9\sim 56.4) \mu\text{m}$ 。支持器与交接管基部相连, 末端扇形片具有 1 个几丁质结构的环, 长为  $29.8 (28.8\sim 30.8) \mu\text{m}$ 。阴道右旋, 外部具有硬化的保护结构。虫体前端有散在的虫卵分布, 大小为  $2.1\times 1.1 [(1.4\sim 2.7)\times (0.7\sim 1.6)] \mu\text{m}$ 。

根据玻片标本图, 测量虫体各结构, 通过与各国已报到破坏古氏虫的测量数值进行比对(表 2)发现, 部分数值大于或者小于其他测量值。根据 Kritsky 等(1989b)和 Abdallah 等(2008)研究表明, 寄生虫的鉴定是基于后吸器几丁质结构(背腹中央大钩、联接片和边缘小钩)的形状和交配器。本研究发现, 虫体的交接器、后吸器的结构(图 1)与 Kritsky 等(1989b)(图 2)所描述的原始种虫体的形态结构略有差异。而中国广东地区发现分离的虫体后吸器分叶不明显, 且头区较宽, 虫体并不呈纺锤形, 且腹中央大钩的基本形态与本研究 and 国外报道的有一定差异。

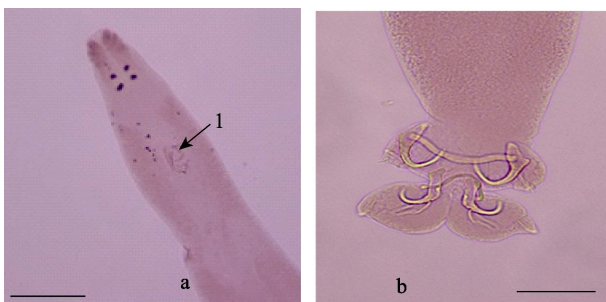


图 1 破坏古氏虫交接器和后固着器的形态

Fig.1 The morphological features of copulatory organ and haptor of *G. asota*

a: 破坏古氏虫前端; b: 破坏古氏虫后端(后吸器);  
1: 交接器; 比例尺=50  $\mu\text{m}$

a: Anterior region of *G. asota*; b: Posterior region of *G. asota* (Haptor); 1: Copulatory organ; Scale bar=50  $\mu\text{m}$

在本研究中, 增加了腹、背中央锚钩的参数测量, 这些参数特征在原始种中没有表现出来。通过比对发现, 本研究虫体的体长与原始种和广东地区分离的虫体体长最为接近, 而秘鲁发现的虫体体长最大。体宽、后吸器宽与原始种最为接近。对比腹、背中央大钩长发现, 其测量值均小于已报到虫体。而背联接片的测量参数大于其他虫体。

## 2.2 28S rDNA 基因序列分析

根据形态学鉴定结果, 测定虫体的 28S rDNA 基因序列。此外, 经文献检索尚无学者对古氏虫属的虫体做分子生物学方面的研究分析。本研究首次测定了破坏古氏虫的 28S rDNA 片段, 其目的条带为 864 bp, G+C 含量为 48.4%。将已获得的序列在 NCBI 中 BLAST 比对分析发现, 该序列与嗜丽鱼虫属(*Cichlidogyrus*)、鲮鱼虫属(*Ligophorus*)物种的同源性最高, 达 90%。将获得的序列上传至 GenBank, 获得 GenBank 序列收录号为 MG596661。

选取锚首虫亚科不同属的序列绘制系统发育树分析表明, 该虫与鲮鱼虫属、嗜丽鱼虫属的虫体亲缘关系较近, 聚为稳定的独立分支。

## 3 讨论

古氏虫属至今为止共报道 17 种有效物种, 该属为鳃寄生虫, 通常寄生在热带慈鲷科鱼类鳃上。该属的虫体形态非常相近, 而后吸器的几丁质结构和交接器是区别该属虫体的主要形态学依据。图丽鱼所寄生的破坏古氏虫最早由 Kritsky 等(1989b)做过详尽的描述, 而破坏古氏虫是该属中最常见的种, 后来也在不同国家、不同地区的图丽鱼上报道过。但是, 通过直观的形态图比较发现, 在新疆采集到的破坏古氏虫与在欧洲斯洛伐克(Lubomír Šmiga *et al*, 2016)和巴西(Abdallah *et al*, 2008)采集到的虫种形态最为相似, 而巴拿马(Mendoza-Franco *et al*, 2010)、韩国(Kim *et al*, 2002)、秘鲁亚马逊发现的破坏古氏虫没有绘制模式图, 故无法进行直观的形态比较。而李海燕(2015)在中国广东地区采集的破坏古氏虫后吸器分叶不明显, 部分结构也略有不同, 也有可能和绘图或个人的测量操作有关。而关于虫体的测量数值, 各国的报道均有差异, 可能与采集季节、水域温度等外界条件和观察角度等有关。

近年来, 利用分子生物学技术研究单殖吸虫的报道日渐增多, 研究的靶基因以核糖体 RNA 基因(rDNA)及其内转录间隔区(ITS)为主(Hansen *et al*, 2003), 在通过对多种蠕虫的分析研究发现, 28S rDNA 基因 5'

表2 已报道图丽鱼寄生破坏古氏虫的形态比较(括号中为范围)( $\mu\text{m}$ )  
Tab.2 Reported morphological comparison of *A. ocellatus* parasitic *G. asota* (The brackets indicate the range)( $\mu\text{m}$ )

项目 Items	地区 Region						
	原始种 The original	巴拿马 Panama	斯洛伐克 Slovakia	巴西 Brazil	秘鲁 Peru	广州市 Guangzhou	新疆(本研究) Xinjiang (This study)
体长 Body length	394(380~462)	—	544(540~564)	523(510~540)	630	366(325~400)	441.6(307.7~530.8)
体宽 Greatest width	88(73~111)	—	92(81~121)	100(91~105)	103	75(70~80)	82.3(50.8~96.4)
咽直径 Pharynx width	25(21~30)	—	—	22(20~23)	23~29	25(22~27)	21.9(19.8~25.2)
后吸器宽 Haptor width	66(61~78)	—	105(102~111)	109(90~118)	160	69(60~75)	64.3(50.9~79.8)
腹中央大钩全长 Ventral anchor length	26(25~28)	25~26	26(24~29)	27(26~29)	25(24~27)	27(25~28)	20.5(15.7~22.9)
钩尖长 Point	—	—	—	—	—	12(11~13)	8.7(8.0~10.0)
钩基部长 Shaft	—	—	—	—	18	13(11~16)	18.2(12.2~20.8)
内突长 Inner root	—	—	—	—	—	—	5.7(3.5~9.8)
外突长 Outer root	—	—	—	—	—	—	3.4(3.1~3.7)
背中央大钩全长 Dorsal anchor length	27(24~30)	26	27(24~28)	28(26~30)	26(25~27)	23(20~25)	25.4(24.4~26.8)
钩尖长 Point	—	—	—	—	—	15(13~16)	15.9(14.3~17.4)
钩基部长 Shaft	—	—	—	—	12	14(13~16)	21.4(20.6~24.4)
内突长 Inner root	—	—	—	—	—	6(5~7)	10.2(8.7~12.0)
外突长 Outer root	—	—	—	—	—	2	4.6(4.3~4.9)
腹联接片长 Ventral bar length	31(24~35)	30	26~35	31~32	32(30~33)	29(26~32)	27.4(21.5~30.9)
背联接片长 Dorsal bar length	31(23~36)	28	23~36	34(33~35)	33(31~38)	30(26~34)	37.5(24.5~44.1)
第1~4、6~7对边缘小钩 Hooks pairs 1~4, 6~7	11(10~12)	10~11	—	11~12	11(10~12)	11(10~12)	10.7(9.7~10.9)
第5对边缘小钩 Hooks pairs 5	14(13~15)	—	—	13(12~14)	15(14~15)	—	12.2
交接管 Copulatory tube	61~62	16	54~73	52(49~54)	30(28~35)	56(47~60)	52.2(47.9~56.4)
支持器 Accessory piece	27(23~29)	31	—	33(32~35)	21(26~31)	42(38~45)	29.8(28.8~30.8)

注：“—”为无原始数据

Note: “—” represents no original data

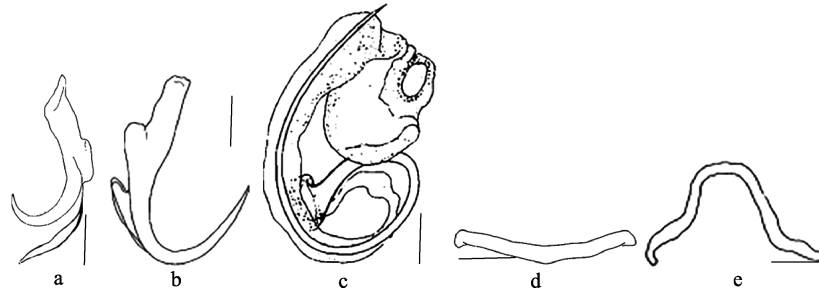


图 2 原始描述中关于破坏古氏虫的部分几丁质结构

Fig.2 The sclerotized hard parts of *G. asota* in the original description (Kritsky, 1989b)

a: 腹中央大钩; b: 背中央大钩; c: 交接器; d: 背联接片; e: 腹联接片。比例尺=30 μm  
 a: Ventral anchor; b: Dorsal anchor; c: Copulatory organ; d: Ventral bar; e: Dorsal bar. Scale bar=30 μm

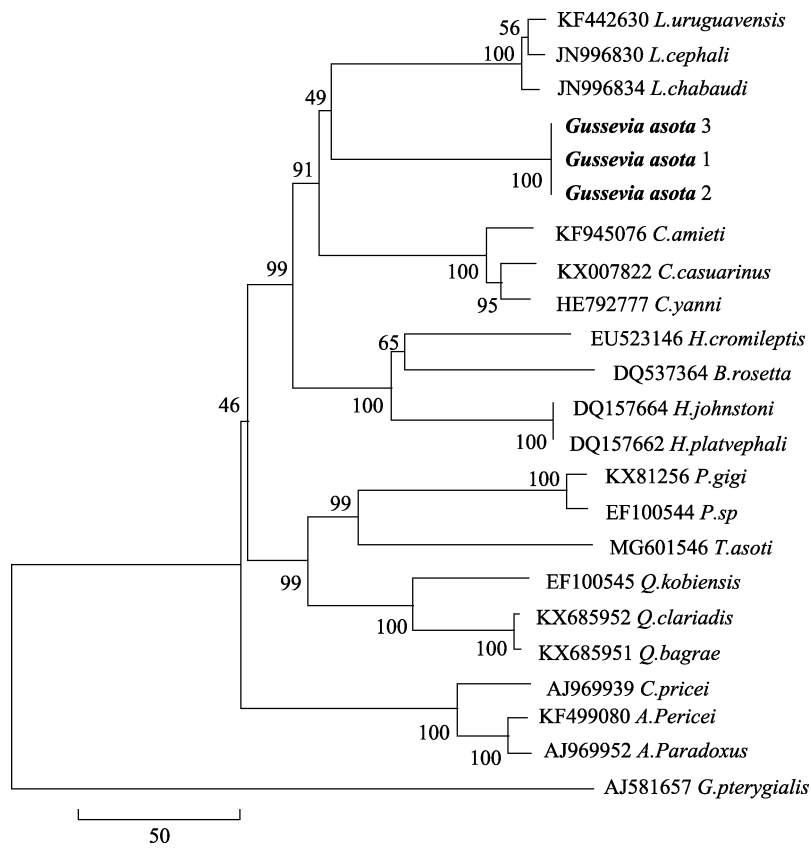


图 3 基于 28S rDNA 序列构建的图丽鱼寄生破坏古氏虫邻接法(NJ)系统发育树

Fig.3 Phylogenetic tree of *A. ocellatus* parasitic *G. asota* based on 28S rDNA sequences using Neighbour-Joining method

端包括 D1 可变区适合于推断种间、属间及近缘科间的关系(Qu *et al*, 1988; Barker *et al*, 1996)。鉴于 GenBank 中尚未有关于古氏虫的相关分子序列, 为此选用国际单殖吸虫界采用较多的 28S rDNA 基因序列, 首次测定了古氏虫的 28S rDNA 序列, 研究结果显示, 古氏虫属与鲮鱼虫属和嗜丽鱼虫属关系最近, 三者互为姐妹群, 与上述三属关系最近的是海盘虫属与嗜石鲈虫属, 这五属构成一支; 与伪锚盘虫属、四

刺虫属、锚首虫属、撒氏虫属和锁盘虫属构成的另一支互为姐妹群。而这一结果与 Mendoza-Palmero 等(2015)的研究结果略有不同, 可能与系统发育树制作方法、虫种序列选择、宿主及环境等有关。由于锚首虫亚科及其所属的地位自建立以来一直备受争论(Gusev, 1961), 而 Mendoza-Palmero 等(2015)研究表明, 锚首虫亚科目前的分类是人为的, 并不能反映这个物种极其多样化的单殖吸虫组成的系统发育关系。在

Lim(2001)等对寄生于鲈形目鱼类单殖吸虫的分类地位进一步修订后,提议将锚盘虫亚科提升到科水平以容纳 17 属,而 Kritsky 等(1989a)运用分子的手段得出,锚首虫科在系统发育中的位置是存在问题,因此有必要对其进行修订,而这也是一个开放的问题。

## 参 考 文 献

- Abdallah VD, Azevedo RK, Luque JL. Notes on the morphology of two species of *Gussevía* Kohn & Paperna (Monogenea: Dactylogyridae) parasitic on *Astronotus ocellatus* (Agassiz) (Perciformes: Cichlidae) from Brazil. *Pan-American Journal of Aquatic Sciences*, 2008, 3(2): 101–104
- Barker SC, Blair D. Molecular phylogeny of *Schistosoma* species supports traditional groupings within the genus. *Journal of Parasitology*, 1996, 82(2): 292–298
- De Azevedo RK, Abdallah VD, Luque JL. Community ecology of metazoan parasites of apaiari *Astronotus ocellatus* (Cope, 1872) (Perciformes: Cichlidae) from Guandu river, State of Rio de Janeiro, Brazil. *Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária*, 2007, 16(1): 15–20
- Delgado PM, Delgado JPM, Orbe RI. Parasitism by *Gussevía asota* in gills of juveniles of *Astronotus ocellatus* cultured in the Peruvian Amazon. *Journal of Fisheries Sciences*.com, 2014, 8(1): 61–66
- Ding XJ, Liao XH. Phylogenetic position of the monogeneans *Pseudodactylogyrus*, *Heteronchocleidus* and *Trianchoratus* inferred from the 5' terminal sequences of 28S rDNA. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 2005, 30(2): 244–251 [丁雪娟, 廖翔华. 伪指环虫、异钩虫和三钩虫的系统位置. *动物分类学报*, 2005, 30(2): 244–251]
- Gusev AV. New subfamily of monogeneans (Monogenoidea). *Dokl Akad Nauk SSSR*. 1961, 139: 1480–1482 (in Russian)
- Hansen H, Bachmann L, Bakke TA. Mitochondrial DNA variation of *Gyrodactylus* spp. (Monogenea, Gyrodactylidae) populations infecting Atlantic salmon, grayling, and rainbow trout in Norway and Sweden. *International Journal for Parasitology*, 2003, 33(13): 1471–1478
- Hassouna N, Michot B, Bachelier JP. The complete nucleotide sequence of mouse 28S rRNA gene. Implications for the process of size increase of the large subunit rRNA in higher eukaryotes. *Nucleic Acids Research*, 1984, 12(8): 3563–3583
- Kim JH, Hayward CJ, Joh SJ, *et al.* Parasitic infections in live freshwater tropical fishes imported to Korea. *Diseases of Aquatic Organisms*, 2002, 52(2): 169–173
- Kohn A, Paperna I. Monogenetic trematodes from aquarium fishes. *Revista Brasileira de Biologia*, 1964, 24(2): 145–149
- Kritsky DC, Boeger WA. The phylogenetic status of the Ancyrocephalidae Bychowsky, 1937 (Monogenea: Dactylogyroidea). *The Journal of Parasitology*, 1989a, 75(2): 207–211
- Kritsky DC, Thatcher VE, Boeger WA, *et al.* Neotropical Monogenea. 15. Dactylogyrids from the gills of Brazilian Cichlidae with proposal of *Sciadicleithrum* gen.n. (Dactylogyridae). *Proceedings of the Helminthological Society of Washington*, 1989b, 56(2): 128–140
- Li HY. Description of three species of *Gussevía* Kohn & Paperna, 1964 (Monogenea, Ancyrocephalidae) from the gills of exotic fish *Astronotus ocellatus* in China. *Journal of South China Normal University (Natural Science Edition)*, 2015, 47(3): 107–111 [李海燕. 中国外来鱼类寄生古氏虫属(单殖吸虫, 锚首虫科)3 个种的描述. *华南师范大学学报(自然科学版)*, 2015, 47(3): 107–111]
- Lim LHS, Timofeeva TA, Gibson DI. Dactylogyridean monogeneans of the siluriform fishes of the Old World. *Systematic Parasitology*, 2001, 50(3): 159–197
- Lubomír Šmiga, Košuthová L, Koščo J, *et al.* First report of *Gussevía asota* (Monogenea: Dactylogyridae), destructive parasite of *Astronotus ocellatus* (Perciformes: Cichlidae) in Europe. *Biologia*, 2016, 71(5): 547–550
- Mendoza-Franco EF, Scholz T, Rozkošná P. Tucunarella n. Gen. and other dactylogyrids (Monogenoidea) from cichlid fish (Perciformes) from Peruvian Amazonia. *Journal of Parasitology*, 2010, 96(3): 491–498
- Mendoza-Palmero CA, Blasco-Costa I, Scholz T. Molecular phylogeny of Neotropical monogeneans (Platyhelminthes: Monogenea) from catfishes (Siluriformes). *Parasites and Vectors*, 2015, 8: 164
- Meng FY. Morphological taxonomy of monogeneans and molecular identification of Diplozoidae and Ancyrocephalidae parasitizing 10 host fishes from Lancang River, Jinghong Basin. Master's Thesis of 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. 云南师范大学硕士研究生学位论文, 2016]
- Mollaret I, Lim LHS, Justine JL. Phylogenetic position of the monogeneans *Sundanonchus*, *Thaparocleidus*, and *Cichlidogyrus* inferred from 28S rDNA sequences. *International Journal for Parasitology*, 2000, 30(5): 659–662
- Qu LH, Nicoloso M, Bachelier JP. Phylogenetic calibration of the 5' terminal domain of large rRNA achieved by determining twenty eucaryotic sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 1988, 28(1–2): 113–124
- Tavares-Dias M, Sousa TJSM, Neves LR. Parasitic infections in two benthopelagic fish from Amazon: The arowana *Osteoglossum bicirrhosum* (Osteoglossidae) and oscar *Astronotus ocellatus* (Cichlidae). *Bioscience Journal*, 2014, 30(2): 546–555
- Thatcher VE. Amazon fish parasites. *Amazoniana*, 1991, 11(3–4): 263–572

Wu HS. Polyvinyl alcohol method for sealing fish parasites and small arthropods. Chinese Journal of Zoology, 1980(1):

52-53 [伍惠生. 聚乙烯醇封固鱼类寄生虫和小型节肢动物的方法. 动物学杂志, 1980(1): 52-53]

(编辑 马瑾艳)

## Morphological Description and Molecular Phylogeny of the *Gussevia asota* Parasite on *Astronotus ocellatus*

XIE Zhisheng, MA Jiangxia, YANG Kunming, DUAN Chengren, GUO Aimin, YUE Cheng<sup>①</sup>

(College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052)

**Abstract** *Astronotus ocellatus* is a tropical, benthic freshwater fish that originated in South America and is a great favorite for a vast number of aquariums. With the development and extension of the “Belt and Road Initiative” Economic Zone, as an inland area of Xinjiang, the development of ornamental fish is particularly fast, but the rapid development is accompanied by a series of disease problems, such as common parasitic diseases, which are a common factor restricting the development of fisheries. The aim was to investigate the XinJiang common ornamental fish parasite epidemic and classification situation. This study combines the traditional morphological identification methods of parasites with modern molecular biology methods, researching the parasitic monogenean species of *A. ocellatus*, at the gill site. The subjects were common *A. ocellatus* selected from the Urumqi Ornamental fish market. From 2016 May to 2017 June, 18 fish samples were collected. The results of the experimental analysis showed that parasites on the gills of *A. ocellatus* were *Gussevia asota*, belonging to Dactylogyridae, Ancyrocephalinae, *Gussevia*. The morphological parameters of the parasite were measured and compared with all the morphological data previously reported on the parasite. It was found that there were certain differences between the data measured by different countries. By data retrieval, there is no sequence information of *Gussevia Asota* molecules in the GenBank database. Therefore, the *G. asota* 28S rDNA gene sequence was determined and submitted, obtaining GenBank sequence number: MG596661. Phylogenetic tree species from different genera of Ancyrocephalinae were analyzed. Phylogenetic analysis indicated that *G. asota* was at the top of the phylogenetic tree, with *Ligophorus* having the closest relationship, and together forming a sister group. And then get together with the parasites of the *Cichlidogyrus*, as a large branch, the kinship with *Ancyrocephalus* and *Cleidodiscus* is the furthest.

**Key words** *Astronotus ocellatus*; *Gussevia asota*; Morphological description; Phylogenetic

① Corresponding author: YUE Cheng, E-mail: yuechengxnd@aliyun.com