

赵迪, 赵畅, 田成丽, 等. 环总科线虫 1 种中国新纪录种的描述[J]. 沈阳农业大学学报, 2024, 55(6): 719–726.

ZHAO Di, ZHAO Chang, TIAN Chengli, et al. Taxonomic of one new record species of criconematoidea from china[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2024, 55(6): 719–726.

环总科线虫 1 种中国新纪录种的描述

赵迪^{1a}, 赵畅², 田成丽³, 范海燕^{1b}, 朱晓峰^{1b}, 王媛媛^{1b}, 段玉玺^{1b}, 陈立杰^{1b}

[1. 沈阳农业大学 a. 分析测试中心, b. 植物保护学院, 沈阳 110161; 2. 满洲里海关技术中心, 内蒙古 呼伦贝尔 0214004; 3. 吉林省农业科学院(中国农业科技东北创新中心)植物保护研究所, 吉林 公主岭 136100]

摘要: 环总科线虫是一类具有环型食道、根外寄生(少数为半内寄生)植物寄生性线虫, 其寄主范围广, 主要生活在农作物与木本植物根系周围。从中国浙江省杭州市女贞根围土壤中分离获得 1 种环总科线虫种群, 经形态学和分子生物学鉴定, 结果表明: 分离到的环总科线虫为腓尼基半轮线虫(*Hemicriconemoides phoenicis*)。雌虫体长 501.2 (439.2~519.6) μm , 环形食道, 有两个唇环, 口针基球呈锚形, 长为 82.3 (79.8~85.2) μm , 受精囊呈椭圆形且充满圆形的精子细胞, 尾长 29.8 (28.4~32.7) μm , 幼虫和雌虫形态相似, 雄虫未见。利用最大似然法(maximum likelihood, ML)对该线虫 18S rDNA 基因构建系统发育进化树, 表明该线虫种群和 *H. phoenicis* (MN660076) 环总科半轮属线虫群体聚类在最高置信度(100%)的分支上。 *H. phoenicis* 是我国迄今首次报道的新纪录种, 枣椰树是其首选寄主植物, 女贞也是其寄主, 拓宽了 *H. phoenicis* 的寄主范围。

关键词: 环总科线虫; 腓尼基半轮线虫; 形态鉴定; 分子鉴定; 中国

中图分类号: S432.45

文章编号: 1000-1700(2024)06-0719-08

文献标识码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Taxonomic of One New Record Species of Criconematoidea from China

ZHAO Di^{1a}, ZHAO Chang², TIAN Chengli³, FAN Haiyan^{1b}, ZHU Xiaofeng^{1b},
WANG Yuanyuan^{1b}, DUAN Yuxi^{1b}, CHEN Lijie^{1b}

[1.a. Analysis and Testing Center, b. College of Plant Protection, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110161, China;

2. Technology Center of Manzhouli Customs District, Hulun Buir Inner Mongolia 021400, China; 3. Institute of Plant Protection, Jilin Academy of Agricultural Sciences (Northeast Agricultural Research Center of China), Gongzhuling Jilin 136100, China]

Abstract: Criconematoidea were a class of parasitic nematodes with ring-type esophagus, extra-root parasitism (a few semi-parasitic) plants, with a particularly wide range of hosts, mainly living around the roots of crops and woody plants. In this study, a new record species of Criconematoidea was isolated from privet rhizosphere soil in Hangzhou Zhejiang province, China. The morphological characteristics of the nematode were identified by optical microscopy. The results showed that the isolated nematode was identified as *Hemicriconemoides phoenicis*, a new record species in China. The body length of female *Hemicriconemoides phoenicis* is 501.2 (439.2–519.6) μm , has a ring-shaped esophagus, two lip rings, and its knobs anchor-shaped 82.3(79.8–85.2) μm long, spermatocyst is oval and filled with rounded sperm cells, a tail of 29.8 (28.4–32.7) μm long. The juvenile is similar to the female. The male has not been seen. The maximum Likelihood method was used to construct a phylogenetic tree for the 18S rRNA gene of this nematode. The results showed that the isolated nematode were located on the branch of *H. phoenicis* (MN660076) cluster with the highest confidence (100%). *H. phoenicis* is a new record

收稿日期: 2024-09-11

基金项目: 辽宁省教育厅基本科研课题(LJ212410157004)

第一作者: 赵迪(1985-), 女, 博士, 副教授, 从事植物线虫病害等方面研究, E-mail: 2015500089@syau.edu.cn

通信作者: 陈立杰(1971-), 女, 博士, 教授, 博士生导师, 从事植物线虫病害等方面研究, E-mail: chenlj-0210@syau.edu.cn

species reported for the first time in China. The date palm was the preferred host plant, but this study broadened the host range of *H. phoenicis*, suggesting that *Ligustrum* might also be its host plant.

Key words: Criconematoidea; *Hemicriconemoides phoenicis*; morphological characteristic; molecular identification; China

环总科线虫最初是被 Certes 于 1889 年发现并被描述,最初定名为 *Eubostriachus guernei*, RASKI 等^[1] 1984 年报道后重新描述并命名为 *Criconema giardi*, MAGGENTI 等^[2] 1988 年把其作为环属的模式种。环总科线虫是分类地位复杂的植物寄生性线虫,寄主植物种类非常广泛,其中主要危害农作物和木本植物,在高海拔的热带雨林中种类最为丰富。该类线虫通常根外寄生或半内寄生,具有典型的环型食道,被统称为环线虫^[3-4]。环线虫中的一些种类可以引起梨、桃树早衰病以及半穿刺线虫引起的柑橘慢衰病,其强壮的口针不仅对寄主植物根部造成损害,而且制造的伤口还会为其他病原微生物提供便利引起复合侵染,从而使植物遭受更严重的生物胁迫^[5]。

环总科线虫(Criconematoidea)隶属于垫刃目,下设 2 个科 2 个亚科 13 个属,分别包括环科(Criconematidae)、垫环科(Tylenchulidae)。环总科线虫是一类在世界范围内均有分布的重要植物寄生线虫,国际上现已报道 9 个属共 606 个有效种,半轮属 55 种、环属 71 种、沟环属 64 种、小环属 115 种、针属 80 种、细小属 45 种、盘环属 35 种、鞘属 140 种、贝壳属 1 种^[6-7]。我国已报道的共有 8 属 69 种,半轮属 7 种、环属 5 种、沟环属 1 种、小环属 25 种、针属 15 种、细小属 3 种、盘环属 11 种、鞘属 2 种^[8-13]。本研究主要是依据 CORDERO 等^[14]于 2013 年及 BERG 等^[15]于 2017 年报道的分类系统进行环线虫的分类鉴定研究。环线虫传统的鉴定主要依据是虫体表面体环、有无附属、食道类型、有无体鞘进行分类鉴定。环线虫雌雄异型、体环明显、单生殖腺并向前延伸,阴门靠后。环线虫的重要鉴别特征是其食道类型,判断一种线虫是否为环线虫时,应首先看其食道类型是否为环形食道。

目前,我国环总科线虫物种仍有大部分尚未被发现,具有很大的挖掘潜力。本研究于 2019-2023 年进行全国范围内多种植物根系周围土壤进行采集并分离,从中国浙江省杭州市女贞根围土壤中分类到 1 种环总科线虫,经形态学及分子生物学鉴定为腓尼基半轮线虫(*Hemicriconemoides phoenicis*),为中国首次发现,对中国线虫种类多样性研究具有重要意义。

1 材料与方 法

1.1 材 料

试验所用样品采集自中国浙江省杭州市(30°15'36.72"N, 119°43'46.40"E)女贞根围土壤中。土壤取样深度为 20 cm,每个样品取 500 g,装入自封袋编号,并记录采样时间、采样地点和寄主等信息。

1.2 线虫的分离与形态学鉴定

本研究采用淘洗-过筛-重糖离心法分离土壤样本中的线虫。利用温和热杀死的方法,将处理后的线虫立即加入等体积的 8% 的福尔马林固定剂(福尔马林 20 mL,无菌水 80 mL)或 FG 固定液(40% 的福尔马林 8 mL,甘油 2 mL、蒸馏水 90 mL),摇匀后倒入液体标本小瓶中,在小瓶上贴好标签。在标签上注明实验室编号,寄主植物,地点信息,登记后放入标本盒中。随机挑取雌虫 28 条、幼虫 10 条于玻片上,加无水甘油封片将线虫制作成永久玻片,通过光学显微镜进行形态观察和鉴定^[16-17]。用 Leica - TCS SP8 复合显微镜观察、测量线虫的形态特征并拍照。

1.3 线虫的分子生物学鉴定

1.3.1 单条线虫的 DNA 提取及 PCR 扩增 单条线虫 DNA 提取方法参见 TIAN 等^[18],以单条线虫 DNA 为模板,扩增 18S rDNA, 18S988F: 5' - CTCAAAGATTAAGCCATGC - 3', 18S1912R: 5' TTTACGGT-CAGAACTAGGG-3'; 18S1813F: 5' - CTGCGTGAGAGGTGAAAT - 3', 18S2646R: 5' - GCTACCTTGT-TACGACTTTT-3'。

PCR 反应体系 25 μ L 参考 YE 等^[19]: 2 \times Taq PCR Master Mix(KT201)12.5 μ L、正反引物各 1 μ L、DNA 模板 1 μ L、ddH₂O 9.5 μ L,扩增程序先 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 52 $^{\circ}$ C 退火 40 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 80 s, 进行 35 个循环;最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min, PCR 产物置于 4 $^{\circ}$ C 中保存。所用 PCR 引物和产物分别由苏州安升达生物科技有限公司合成、纯化和 Sanger 测序。该线虫的 18S rDNA 测序结果提交到 GenBank 中,登

录号为OM891093。

1.3.2 系统发育树的构建 测序结果使用DNAMAN软件进行序列拼接,同时结合测序结果中峰图采取人工校对。测序结果拼接后,利用NCBI进行BLAST比对^[20],利用GenBank数据库部分环总科线虫基因序列,同时结合本研究分子鉴定扩增获得的基因序列进行分析。利用ClustalW进行序列比对^[21],使用MEGA-X软件对序列进行多重序列比对剪辑后,采用最大似然法ML进行系统发育树的构建^[22-23]。

1.4 数据处理

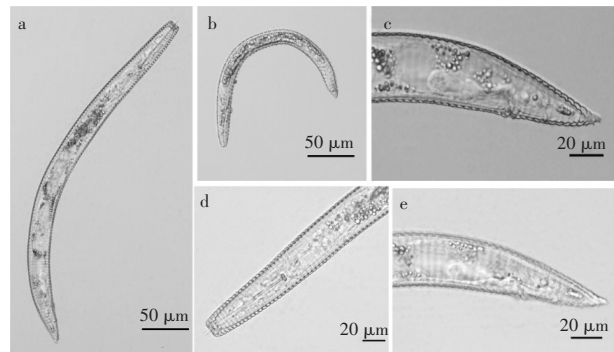
本试验涉及的数据分析均使用 Excel 2019 和 SPSS 26.0 统计分析软件完成。

2 结果与分析

2.1 形态鉴定

本研究对分离到的1种环总科线虫进行形态学鉴定,其中对雌虫及幼虫的形态特征进行了详细的测量及描述。由于雄虫未见,因此未对其进行描述。

2.1.1 雌虫形态特征 温和热杀死后,雌虫虫体两端略向腹部弯曲(图1a),具有典型的环形食道。头部平圆,口针细直(图1a),长82.3 (79.8~85.2) μm (表1),偶有弯曲,口针基球呈锚形,有两个唇环,第1个唇环前端唇部前部平且向外突出,第1个唇环直径略小于第2个,呈圆形。表皮鞘与虫体紧密贴合,其中也有少数虫体的表皮鞘向前延伸至唇部(图1d)。排泄孔位于口针基球后第9个体环处。体环呈半圆形且光滑,后缘呈不规则的环,体环数为128 (119~132),虫体平均长度为501.2 (439.2~519.6) μm ,尾长29.8 (28.4~32.7) μm (图1c、表1),尾部呈圆锥形,虫体中间部位向后逐渐变细。阴门明显,阴门距尾端13~15个体环,阴门闭合且无阴门盖。阴门呈裂缝状,外阴略突出。肛门位于阴门后2~6环。受精囊呈椭圆形且充满圆形的精子细胞(图1c、图1e)。



a. 雌虫整体;b. 幼虫;c. e. 雌虫尾部;d. 雌虫头部
a. The whole body of female;b. Juvenile;c. e. The tail of female;
d. The head of female

图1 腓尼基半轮线虫(*Hemicriconemoides phoenicis*)
光学显微形态

Figure 1 Light micrographs of
Hemicriconemoides phoenicis

分离到的雌虫形态特征及测量值与AZIMI等^[23]及VAN DEN BERG等^[24]报道的虫体形态进行比较,其主要形态特征和测量值与原始描述基本一致(表1)。初步认为是同种,为半轮属腓尼基半轮线虫(*H. phoenicis*)。

表1 腓尼基半轮线虫(*Hemicriconemoides phoenicis*)雌虫形态学测量数据与文献记述的比较

Table 1 Comparison of morphological measurements of female *Hemicriconemoides phoenicis* population with that described in the literature

形态指标 Morphological index	本研究,中国浙江种群 This study, population of Zhejiang Province, China	参考文献 ^[23] , 伊朗胡齐斯坦种群 Reference ^[23] , population of Khuzestan Province, Iran	参考文献 ^[24] , 美国加利福尼亚种群 Reference ^[24] , population of California, USA	参考文献 ^[24] , 美国佛罗里达州种群 Reference ^[24] , population of Florida, USA
测量虫体数量/只 Measure the number of nematode bodies	28	20	10	27
虫体体长/ μm Nematode body length	501.2(439.2~519.6)	583(518~645)	542(491~583)	630(549~699)
体长/最大体宽/ μm Body length/Maximum body width	16.3(15.4~17.2)	18.3(16.2~21.5)	18.9(16.2~22.6)	21.6(16.7~24.3)

续表

形态指标 Morphological index	本研究, 中国浙江种群 This study, population of Zhejiang Province, China	参考文献 ^[23] , 伊朗胡齐斯坦种群 Reference ^[23] , population of Khuzestan Province, Iran	参考文献 ^[24] , 美国加利福尼亚种群 Reference ^[24] , population of California, USA	参考文献 ^[24] , 美国佛罗里达州种群 Reference ^[24] , population of Florida, USA
体长/食道长/ μm Body length/Esophageal length	3.8(3.3~4.6)	4.5(3.9~5.8)	4.4(4.0~4.8)	4.7(4.0~5.7)
体长/尾长/ μm Body length/Tail length	16.3(15.2~17.5)	17.8(16.0~21.8)	18.5(14.7~21.7)	16.9(12.6~21.4)
尾长/肛门处体宽/ μm Tail length/Anal body width	1.3(1.2~1.4)	1.5(1.3~1.9)	1.5(1.2~2.1)	1.9(1.5~2.2)
外阴至前端距离/体长 $\times 100/\mu\text{m}$ Distance from external genitalia to anterior end/Body length $\times 100$	89.3(87.6~91.2)	91.6(90.4~92.5)	91.7(90.2~93.0)	91.0(87.5~92.5)
体环数目/条 Number of body rings	128(119~132)	137(128~144)	128(85~146)	130(123~137)
排泄孔至头端的体环数/条 Number of body rings from the excretory orifice to the head end	33(28~39)	37(32~39)	36(32~38)	36(32~39)
阴门至尾部的体环数目/条 Number of body rings from the vulva to the tail	12(10~14)	13(12~15)	13(12~14)	14(13~19)
肛门至阴门之间的体环数目/条 Number of body rings between anus and vulva	3(2~4)	3.0(3~5)	2(2~3)	3(1~4)
肛门至尾部的体环数目/条 Number of body rings from anus to tail	9(8~11)	10(8~13)	9(8~10)	10(9~15)
第1唇环直径/ μm First lip annulus diameter	9.2(8.9~9.8)	9.5(9.0~10.6)	9.7(9~10.8)	9.5(9~11)
第2唇环直径/ μm Second lip annulus diameter	9.8(9.2~11.4)	11.3(10.4~12.0)	11.4(10.4~12)	11.5(10.5~12.5)
口针长/ μm Stylet length	82.3(79.8~85.2)	80(76~82)	78.9(69.3~86.1)	88(81~97)
口针基球高/ μm Stylet knob height	3.4(3.0~4.1)	3.6(3.2~4.5)	3.9(3.3~4.4)	3.5(3.0~4.5)
咽长/ μm Pharynx length	123(108~132)	127(110~136)	122(115~135)	133(117~149)
口针长 $\times 100$ /体长/ μm Stylet length $\times 100$ /body length	12.7(11.3~14.6)	13.8(12.7~15.5)	14.5(12.3~16.2)	14(12.6~16.3)
体前端至阴门处的距离/ μm Vulva-anterior body distance	-	-	498(450~538)	-
阴门到肛门的距离/ μm Vulva-anus distance	-	-	15.6(13~18.3)	18(13~28)
体环宽/ μm Annulus width	5.3(4.9~6.1)	5.7(5.0~6.5)	4.4(4~5)	5.5(4.5~6.5)
阴门至前端距离/阴门处体宽/ μm Distance from the vulva to the head/ The body at the vulva	1.7(1.6~1.9)	1.8(1.6~2.1)	1.8(1.6~2.4)	2.2(1.9~2.6)

续表

形态指标 Morphological index	本研究,中国浙江种群 This study, population of Zhejiang Province, China	参考文献 ^[23] , 伊朗胡齐斯坦种群 Reference ^[23] , population of Khuzestan Province, Iran	参考文献 ^[24] , 美国加利福尼亚种群 Reference ^[24] population of California, USA	参考文献 ^[24] , 美国佛罗里达州种群 Reference ^[24] population of Florida, USA
口针基球至头端的体环数/条 Number of body rings from the stylet knob to the head end	21(18~23)	23(19~24)	23(19~24)	23(21~25)
尾长/ μm Tail length	29.8(28.4~32.7)	32.4(28.0~39.8)	29.6(22.7~36.6)	38.0(33.0~49.0)

2.1.2 雄虫形态特征 本次采集的样品中未发现雄虫。

2.1.3 幼虫形态特征 幼虫与雌虫非常相似,虫体略小于雌虫(图1b),体长324 (238~389) μm ,口针长61 (50~69) μm ,生殖器官不发达,温和热杀死呈敞开的“C”形,体环呈锯齿状,尾端(至少3~4个体环)尖锐,尾长17.4 (12.3~21.3) μm (表2),温和热杀死后头部向腹部弯曲。

表2 腓尼基半轮线虫(*Hemicriconemoides phoenicis*)幼虫形态学测量数据与文献记述的比较

Table 2 Comparison of morphological measurements of juvenile *Hemicriconemoides phoenicis* population with that described in the references

形态指标 Morphological index	本研究,中国浙江种群 This study, population of Zhejiang Province, China	参考文献 ^[23] , 伊朗胡齐斯坦种群 Reference ^[23] , population of Khuzestan Province, Iran	参考文献 ^[24] , 美国佛罗里达州种群 Reference ^[24] population of Florida, USA
测量虫体数量/条 Measure the number of nematode bodies	10	8	3
虫体体长/ μm Nematode body length	324(238~389)	379(291~465)	327(301~365)
体长/最大体宽/ μm Body length/Maximum body width	13.7(12.1~14.9)	15.7(13.6~19.4)	17.2(13.1~20.7)
体长/食道长/ μm Body length/Esophageal length	2.9(2.3~3.7)	3.8(2.8~4.6)	3.4(3.0~3.8)
体长/尾长/ μm Body length/Tail length	14.7(13.5~15.6)	16.9(13.8~18.7)	16.8 (14.6~17.9)
尾长/肛门处体宽/ μm Tail length/Anal body width	1.2(1.1~1.4)	1.5(1.2~1.9)	1.8(1.4~2.0)
体环数目/条 Number of body rings	124(116~131)	135(125~140)	132(129~136)
排泄孔至头端的体环数/条 Number of body rings from the excretory orifice to the head end	34(29~39)	36(33~39)	36, 37 (n=2)
肛门至尾部的体环数目/条 Number of body rings from anus to tail	9(7~11)	10(7~12)	11
第1唇环直径/ μm First lip annulus diameter	6.8(6.1~7.2)	7.3(6.4~8.3)	7.0(6.5~7.5)
第2唇环直径/ μm Second lip annulus diameter	9.3(8.1~10.2)	9.6(9.4~10.1)	9
口针长/ μm Stylet length	61(50~69)	61(56~63)	56(53~60)
口针基球高/ μm Stylet knob height	3.0(2.7~3.3)	3.3(3.0~3.5)	3.0(n=1)
咽长/ μm Pharynx length	98(89~105)	100(93~106)	95(90~99)

续表

形态指标 Morphological index	本研究, 中国浙江种群 This study, population of Zhejiang Province, China	参考文献 ^[23] , 伊朗胡齐斯坦种群 Reference ^[23] , population of Khuzestan Province, Iran	参考文献 ^[24] , 美国佛罗里达州种群 Reference ^[24] population of Florida, USA
口针长×100/体长/μm Stylet length×100/body length	17(14.2~18.6)	16.7(14.7~19)	17.1(16.6~17.6)
体环宽/μm Annulus width	2.4(1.9~3.1)	2.7(2.0~3.5)	2.5(2.0~3.0)
口针基球至头端的体环数/条 Number of body rings from the stylet knob to the head end	23(19~25)	23(18~27)	25(24~26)
尾长/μm Tail length	17.4(12.3~21.3)	22.4(19.0~26.5)	20.0(17~25)

因此,本研究分离到的线虫种群主要特征与 AZIMI 等^[23]和 VAN DEN BERG 等^[24]报道的虫体形态进行比较,其主要形态特征和测量值与原始描述基本一致。从形态学角度,初步鉴定为半轮属腓尼基半轮线虫(*H. phoenicis*)。

2.2 系统发育分析

对从浙江杭州分离到的线虫种群 18S rDNA 进行扩增和测序,获得长为 1 554 bp 片段。在 BLAST 检索该片段,发现和未定种的 *Hemicriconemoides* sp. MF095013.1 相似度最高,为 99.87% 和 *H. phoenicis* MN660076.1 相似度为 99.74%。

选取 18 个环总科线虫的序列和 1 个滑刃线虫序列作为外类群,构建系统发育进化树(图 2),浙江杭州腓尼基半轮线虫种群 OM891093 和 GenBank 上递交的 *H. phoenicis* MN660076 聚类在最高置信度(100%)的分支上,和腓尼基半轮线虫呈现并系关系,该线虫种群 *H. phoenicis* 和 *H. parasinensis* 为姐妹分支。

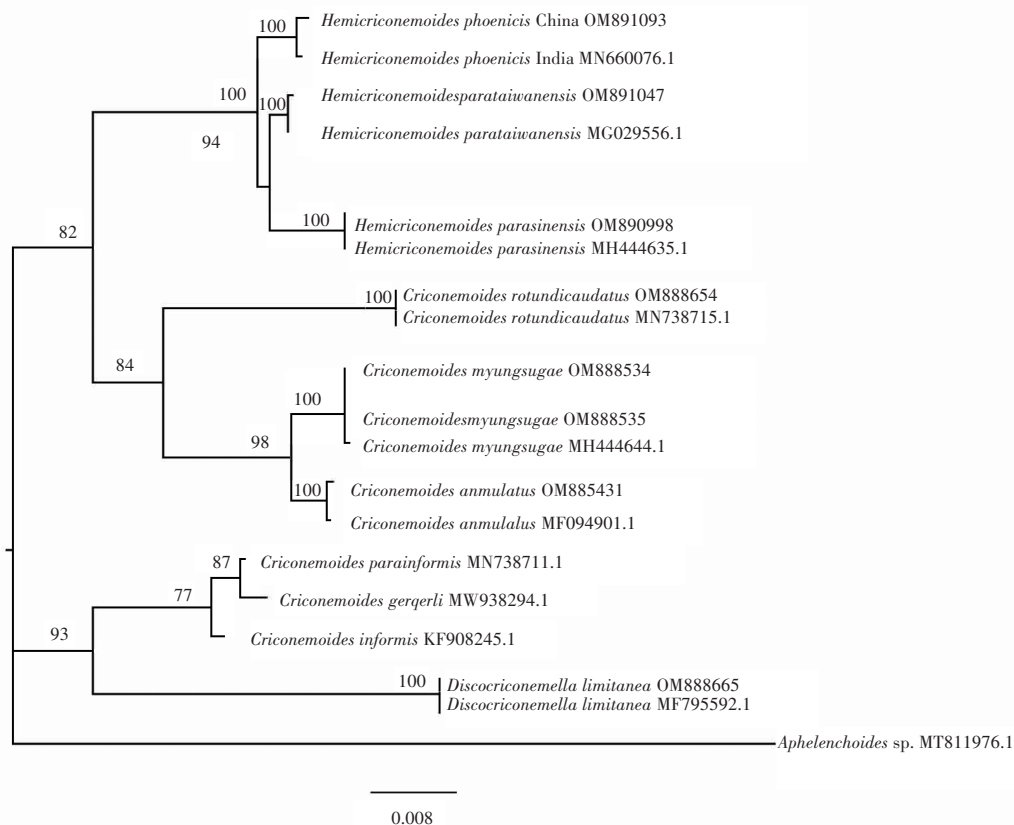


图2 中国新纪录种腓尼基半轮线虫(*Hemicriconemoides phoenicis*) 18S rDNA基因序列分子系统发育分析
Figure 2 Molecular phylogenetic analysis of *Hemicriconemoides phoenicis* 18S rDNA gene in China

因此,结合形态学结果,从浙江杭州分离到的线虫种群鉴定为半轮属腓尼基半轮线虫(*H. phoenicis*)。

3 讨论与结论

环总科线虫口针强壮且具有特殊的环型食道类型,主要对农作物及树木造成危害。环总科线虫一般为根外寄生,利用强壮口针对植物根系进行损伤,同时为其他病原物提供了侵染位点,对植物造成复合侵染。环总科线虫的典型特征为环形食道、雌雄异形、单生殖腺^[6]。CROZZOLI等^[25]在2005年对28S rDNA的D2/D3区域进行扩增并测序,建立系统发育树进行分析,发现中环属(*Mesocriconema*)、半轮属(*Hemicriconemoides*)和环属(*Criconema*)这3个属的分类地位提供了有效的支撑,同时否定环总科线虫具有表皮鞘或双层为独立属假说。ZENG等^[26]发现18S rDNA区域相对较保守,而ITS区域与18S区域相对变异大一些。在分子系统发育研究中,研究者们利用18S、28S、ITS区域联合对环总科线虫进行研究。CORDERO等^[14]认为ITS rDNA序列变化过大,不能用于环总科系统发育研究,但可以利用ITS rDNA区域扩增出来的基因序列,对环总科线虫进行分子生物学鉴定。一些研究表明线虫的18S、28S、COI基因序列存在种内差异,同时也与CROZZOLI等^[25]的结果相似。在18S rDNA基因序列构建系统发育树的过程中,发现轮属为旁系分类群,此观点与POWERS等^[27]提出的研究结论相似。环总科线虫通常使用18S rDNA、28S rDNA基因序列构建系统发育树,以便进一步研究其系统发育。本研究以形态学鉴定为主结合分子生物学鉴定方法,并利用18S rDNA基因序列构建环总科线虫系统发育树(ML法),对浙江省杭州市分离到的环总科线虫进行鉴定,确定分离得到的线虫种群为我国新纪录种半轮属腓尼基半轮线虫(*H. phoenicis*)。

我国幅员广阔、地域差异大,环总科线虫种类繁多,但是对于环线虫的分类研究很少,且已发现的环总科线虫大部分物种缺乏分子序列描述。截至目前,仅报道69个种,相较于国际上报道的606种而言,具有很大的挖掘潜力。因此,本研究以形态学为基础进行分类鉴定,同时以分子生物学鉴定技术为辅助手段进行环总科线虫的分类鉴定及系统发育分析,为我国环总科线虫系统发育研究提供了重要的理论依据。

参考文献:

- [1] RASKI D J, LUC M, VALENZUELA A. Redescription of *criconema giardi* (certes, 1889) micoletzky, 1925, type species of the genus *criconema* hofmänner and menzel, 1914 (Criconematidae: Nematoda)[J]. Japanese Circulation Journal, 1984, 61(3): 141-147.
- [2] MAGGENTI A, LUC M, RASKI D, et al. A reappraisal of Tylenchina (Nemata): 11. List of generic and supra-generic taxa, with their junior synonyms[J]. Revue Nématol, 1988, 51(2): 177-188.
- [3] 陈立杰, 段玉玺, 刘维志. 环线虫: 一类农林植物的重要病原线虫[J]. 辽宁农业科学, 2000(5): 17-20.
- [4] 段方猛, 刘维志. 山东省莱阳市梨树根围畸形轮线虫 *Criconemoides informis* 的描述[J]. 莱阳农学院学报, 2004, 21(2): 91-93.
- [5] 陈立杰, 刘维志, 秦博. 中国环科线虫的主要寄主植物种类和地域分布研究[J]. 沈阳农业大学学报, 2001, 32(3): 192-196.
- [6] SIDDIQI M R. Tylenchida: Parasites of Plants and Insects[M]. 2nd ed. Wallingford, Oxon, UK: CABI Pub., 2000.
- [7] The Criconematidae of the World: Identification of the Family Criconematidae[M]. Ghent: Academia Press, 2010.
- [8] 陈立杰, 刘维志. 中国环科线虫2个新纪录种的描述[J]. 沈阳农业大学学报, 2001, 32(3): 197-201.
- [9] 陈立杰. 中国环总科线虫主要属种的分类研究[J]. 植物病理学报, 2002, 32(2): 191-192.
- [10] 陈立杰, 刘维志. 半轮属线虫3个新纪录种的描述[J]. 沈阳农业大学学报, 2002, 33(6): 416-419.
- [11] 陈立杰, 刘维志, 秦博. 中国针属线虫的寄主植物种类和地域分布研究[J]. 辽宁农业科学, 2002(3): 4-8.
- [12] 陈立杰, 刘维志, 段玉玺. 细小线虫属 *Gracilacus* 中国3个新纪录种的描述[J]. 莱阳农学院学报, 2004, 21(2): 83-87.
- [13] 林丽飞, 杨建, 李卫芬, 等. 云南草果根际土壤2种环科线虫新纪录[J]. 西南农业学报, 2013, 26(6): 2386-2390.
- [14] CORDERO M A, ROBBINS R T, SZALANSKI A L. Molecular based-phylogenetic relationships in the superfamily Criconematoidea using ITS1-rDNA[J]. Nematropica, 2013, 43(2): 145-151.
- [15] BERG E, TIEDT L, SUBBOTIN S. Morphological and molecular characterisation of some Criconematidae (Nematoda,

- Tylenchida): *Ogma decalineatus* (Chitwood, 1957) Andrassy, 1979, *Criconema silvum* (VAN DEN BERG, 1984) Raski & Luc, 1985 and *Neobakernema variable* (Raski & Golden, 1966) from South Africa and the USA[J]. Russian Journal of Nematology, 2017, 25(2): 101-119.
- [16] 刘维志. 植物病原线虫学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [17] 刘维志. 植物线虫志[M]. 北京: 中国农业出版社, 2004.
- [18] TIAN C L, ZHU F, LI X Y, et al. *Steinernema populi* n.sp. (Panagrolaimomorpha, Steinernematidae), a new entomopathogenic nematode species from China[J]. Journal of Helminthology, 2022, 96, doi: 10.1017/S0022149X22000426.
- [19] YE W M, GIBLIN-DAVIS R M, BRAASCH H, et al. Phylogenetic relationships among *Bursaphelenchus* species (Nematoda: Parasitaphelenchidae) inferred from nuclear ribosomal and mitochondrial DNA sequence data[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2007, 43(3): 1185-1197.
- [20] ALTSCHUL S F, MADDEN T L, SCHÄFFER A A, et al. Gapped BLAST and PSI-BLAST: A new generation of protein database search programs[J]. Nucleic Acids Research, 1997, 25(17): 3389-3402.
- [21] THOMPSON J D, HIGGINS D G, GIBSON T J. CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice[J]. Nucleic Acids Research, 1994, 22(22): 4673-4680.
- [22] AZIMI S, ABOLAFIA J, PEDRAM M. *Hemicycliophora ahvasiensis* n.sp. (Nematoda: Hemicycliophoridae), and data on a known species, from Iran[J]. Journal of Nematology, 2021, 52: e2020-e2128.
- [23] AZIMI S, PEDRAM M. *Hemicriconemoides phoenicis* VAN DEN BERG et AL., 2015 (Nematoda: Criconematidae) from Iran: A morphological and molecular phylogenetic study[J]. Nematology, 2020, 22(7): 815-824.
- [24] VAN DEN BERG E, TIEDT L R, INSERRA R N, et al. Characterisation of a topotype and other populations of *Hemicriconemoides strictathecatus* Esser, 1960 (Nematoda: Criconematidae) from Florida with description of *H. phoenicis* sp.n. from the USA[J]. Nematology, 2015, 17(3): 265-300.
- [25] CROZZOLI R, LAMBERTI F, VOVLAS N, et al. Phylogeny of Criconematina Siddiqi, 1980 (Nematoda: Tylenchida) based on morphology and D2-D3 expansion segments of the 28S-rRNA gene sequences with application of a secondary structure model[J]. Nematology, 2005, 7(6): 927-944.
- [26] ZENG Y S, YE W M, KERNS J, et al. Molecular characterization and phylogenetic relationships of plant-parasitic nematodes associated with turfgrasses in North Carolina and South Carolina, United States[J]. Plant Disease, 2015, 99(7): 982-993.
- [27] POWERS T, HARRIS T, HIGGINS R, et al. An 18S rDNA perspective on the classification of criconematoidea[J]. Journal of Nematology, 2017, 49(3): 236-244.

[责任编辑 李 薇]