

竹子根际螺旋线虫中国新记录种—— 尖尾螺旋线虫 *Helicotylenchus cuspicaudatus*

王宏洪¹, 申东², 黄少彬¹, 卓侃², 廖金铃^{1,2*}

(1. 广东生态工程职业学院, 广州 510520; 2. 华南农业大学植物线虫研究室, 广州 510642)

摘要 在广东省园林植物线虫调查期间, 从粉单竹 *Bambusa chungii* 根部土壤中分离到一种螺旋线虫。经详细的形态学观察和测量数据比较, 将其鉴定为尖尾螺旋线虫 *Helicotylenchus cuspicaudatus*, 并获得了尖尾螺旋线虫 rDNA 的 28S D2-D3 区和 ITS 序列, 为今后螺旋线虫的种类鉴定提供了分子数据。尖尾螺旋线虫为中国新记录种。

关键词 粉单竹; 尖尾螺旋线虫; 形态学; 分子特征; 新记录种

中图分类号: S 432.45 文献标识码: A DOI: 10.16688/j.zwbh.2017492

First record of *Helicotylenchus cuspicaudatus* on *Bambusa chungii* in China

WANG Honghong¹, SHEN Dong², HUANG Shaobin¹, ZHUO Kan², LIAO Jinling^{1,2}

(1. Guangdong Eco-Engineering Polytechnic College, Guangzhou 510520, China;

2. Laboratory of Plant Nematology, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

Abstract A species of spiral nematode was isolated from the rhizosphere soil of *Bambusa chungii* during the survey of parasitic nematodes associated with landscape plants in Guangdong Province. The detailed morphological study confirmed the species as *Helicotylenchus cuspicaudatus*. The fragments of rDNA 28S D2-D3 and ITS were amplified and sequenced, which provided molecular characters for rapid and accurate identification of this species in the future. *H. cuspicaudatus* was reported in China for the first time.

Key words *Bambusa chungii*; *Helicotylenchus cuspicaudatus*; morphology; molecular characterization; first-record species

螺旋线虫属 *Helicotylenchus* 是 Steiner 1945 年建立的, 该属大多数种类是迁移性外寄生线虫, 通过口针刺破根表皮取食; 少数种类是半内寄生线虫, 有的种类甚至能够完全进入根内生活, 造成寄主生长受阻, 并伴随其他病原物的侵染^[1-2]。螺旋线虫属已报道 230 个有效种^[3], 其寄主种类多样, 地理分布广泛^[1-2]。目前中国报道的螺旋线虫有效种约有 50 个^[4], 其中, 双宫螺旋线虫 *H. dihystra* (Cobb, 1893) Sher, 1961、双角螺旋线虫 *H. digonicus* Perry, 1959、假强壮螺旋线虫 *H. pseudorobustus* Golden, 1956、多带螺旋线虫 *H. multicinctus* (Cobb, 1893) Golden, 1956 和刺桐螺旋线虫 *H. erythrinae* (Zimmermann) Golden, 1956 是寄主和分布最广泛的种类。在 2015—2017 年间, 对广东省园林植物的线虫种类进

行了调查, 从粉单竹 *Bambusa chungii* McClure 根围土壤中分离到一种螺旋线虫。通过形态学特征观察、测量和拍照, 以及详细的文献比对, 最终将其鉴定为尖尾螺旋线虫 *Helicotylenchus cuspicaudatus*, 并对该线虫的核糖体 DNA (rDNA) 的 28S D2-D3 区和 ITS 区进行了扩增和测序, 分析了螺旋线虫属的系统进化关系。

1 材料与方法

1.1 样品采集

用土壤取样器(宏光仪器, 型号: 304)分别采集广东省惠州市国营油田林场和华南农业大学树木园的粉单竹根围土壤和根系, 取样深度为 5~25 cm, 每个样品约 500 g, 装入自封袋, 并分别标记为

收稿日期: 2017-12-30 修订日期: 2018-01-26

基金项目: 广东省林业科技创新专项资金(2015KJ CX045)

* 通信作者 E-mail: jilliao@scau.edu.cn

YT07 和 SCAU。

1.2 线虫分离、标本制作、形态测量和拍照

用贝曼漏斗法分离线虫 24~48 h,用胶头滴管将分离出的线虫吸入培养皿中观察。在体视显微镜下,用自制线虫挑针(粘有毛发的竹签)将螺旋线虫挑入装有清水的指形管中,放入 60~65℃水浴中 2~3 min 杀死线虫;加入等体积 8%甲醛溶液,固定至少 24 h;采用甘油酒精法对线虫进行脱水处理后,制作线虫玻片标本^[5]。利用配备尼康数码相机和专业图像分析软件 NIS-Elements BR 的尼康显微镜(ECLIPSE 90i, Nikon, 日本)对线虫进行形态测量和拍照^[6]。

1.3 DNA 抽提、扩增和测序

利用蛋白酶 K 法提取单条线虫 DNA,具体方法参照 Mundo-Ocampo 等^[7]。扩增 rDNA 28S D2-D3 区的引物为 D2A (5'-ACA AGT ACC GTG AGG GAA AGT-3')和 D3B (5'-TCG GAA GGA ACC AGC TAC TA-3')^[8],扩增 ITS 区引物为 18S (5'-TTG ATT ACG TCC CTG CCC TTT-3')和 26S (5'-TTT CAC TCG CCG TTA CTA AGG-3')^[9]。PCR 反应体系参照说明书(Ex Taq[®], TaKaRa, 日本)。PCR 程序为:95℃ 预变性 5 min;95℃ 30 s, 55℃ 30 s,72℃ 1.5 min,39 个循环;72℃ 延伸 10 min。用 1%琼脂糖凝胶电泳检测扩增产物,用 EasyPure PCR Purification Kit(全式金生物,北京)切胶回收产物。将纯化的 YT07 群体扩增产物直接送至艾基生物技术(广州)有限公司测序,将 SCAU 群体的扩增产物克隆到 T 载体(PMD-18T vector, TaKaRa, 日本),转化 DH5 α 菌株后,挑取阳性克隆送至上述公司测序。测序结果经序列分析软件 Lasergene 7.0 DNAs-tar 拼接编辑后,登录 GenBank 数据库获取序列号。

1.4 系统进化分析

从 GenBank 下载螺旋线虫属有关种的 28S D2-D3 和 ITS 序列,利用 MEGA 6.0 软件中的 ClustalW 程序进行序列比对,用 PAUP 4.0 软件分析序列比对文件,用 Modeltest 3.7 软件分析后选择核酸替代模型,用 MrBayes 3.2 软件进行系统进化树构建,Treeview 1.6 软件打开和编辑系统进化树^[6]。基于 rDNA 28S D2-D3 序列构建的螺旋线虫系统进化树,外群为塞氏纽带线虫 *Hoplolaimus seinhorsti* 和 *Hoplolaimus galeatus*^[10];基于 rDNA-ITS 序列构建的系统进化树,外群为锥尾盘旋线虫 *Rotylenchus conicaudatus*。

2 结果与分析

2.1 形态鉴定结果

通过仔细的形态特征和测计值比较,采自广东省惠州市国营油田林场和华南农业大学树木园粉单竹上的螺旋线虫 YT07 群体和 SCAU 群体,均为尖尾螺旋线虫 *H. cuspicaudatus* Saha, Lal, Singh, Kaushal & Sharma, 2000。形态测计值见表 1,表中符号采用 De Man 公式。

形态特征:

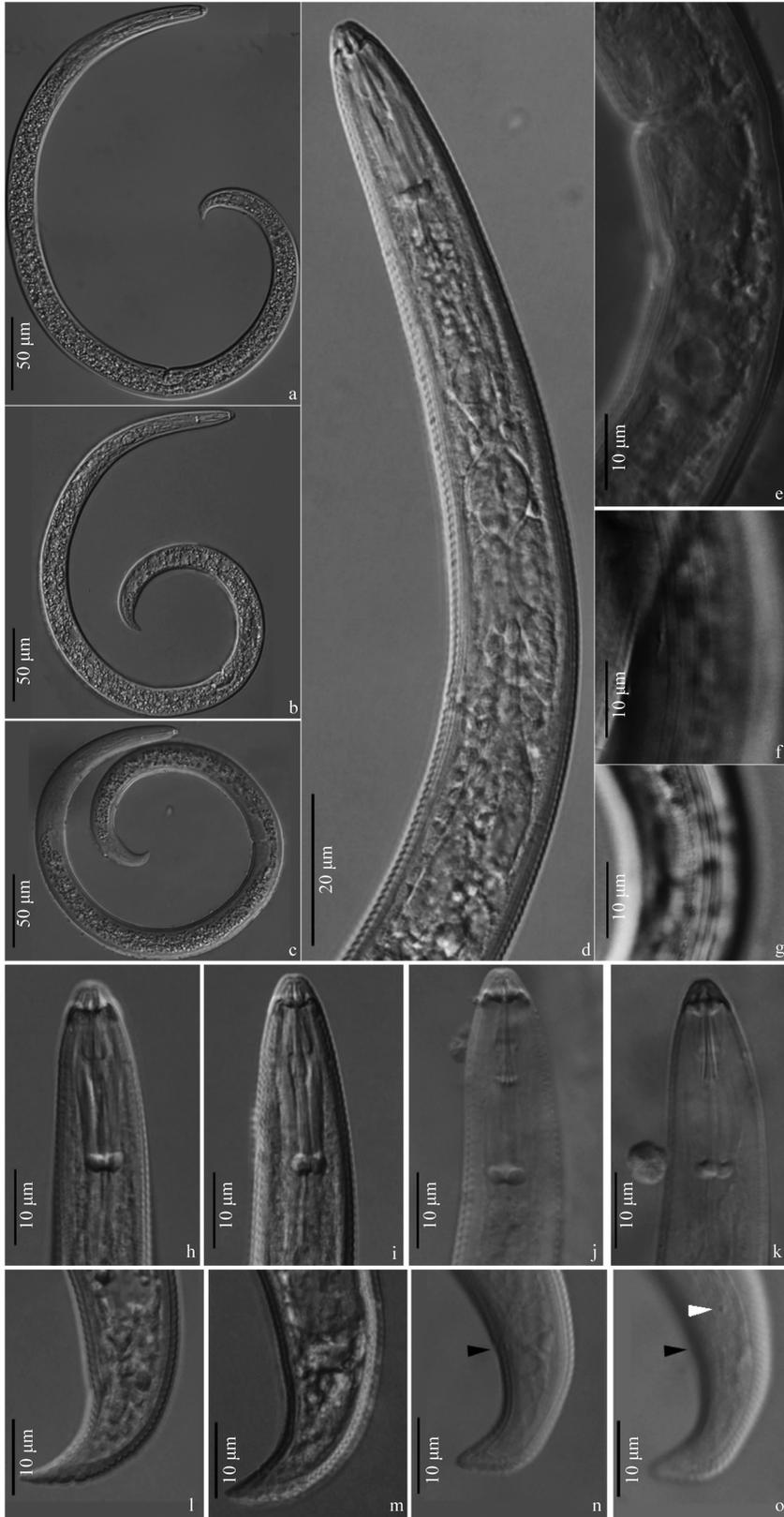
雌虫:虫体热杀死后呈闭合的“C”形(图 1a)至螺旋形(图 1b~c);体环清晰(图 1d),侧线 4 条,不具网纹(图 1f~g);唇区半球形,前端略平,与体部连续,唇环 4 个,不清晰(图 1h~k);口针强壮,口针基部球形,前缘平(图 1h,j)至明显凹陷(图 1i,k);食道腺背腹覆盖肠道,腹面覆盖较长(图 1d);排泄孔位于半月体后 0~2 个体环处(图 1d);双生殖腺,对伸,卵母细胞 1~2 行排列;受精囊通常不明显,偶尔能看到中空的方形受精囊(图 1e);尾圆锥形,腹弯,末端尖(图 1l~m)至细圆(图 1n~o),腹面 14~21 个体环纹(图 1l~n);侧尾腺孔位于肛门前 5~7 个体环处(图 1o)。

雄虫:未发现。

寄主:粉单竹 *Bambusa chungii* McClure。

与原始描述相比,尖尾螺旋线虫 YT07 群体排泄孔至体前端距离更短(104.4~109.8 μm vs 115~125 μm),且尾部环纹数更少(15~17 vs 19~25),其余形态特征基本一致。SCAU 群体仅排泄孔至体前端距离与原始描述有差异(101~112.2 μm vs 115~125 μm)。YT07 群体与 SCAU 群体相比,仅食道腺与肠瓣膜至体前端的距离略短(98.1~109.5 μm vs 110~121.2 μm),其余形态特征基本一致。因此,两个群体均鉴定为尖尾螺旋线虫。

尖尾螺旋线虫的形态近似种有 *H. assamensis* Saha, Lal, Singh, Kaushal & Sharma, 2000、桑尼螺旋线虫 *H. thornei* Gupta & Chhabra, 1967 和 *H. shakii* Sultan, 1981^[11],其共同特征为:体长介于 500 μm 至 720 μm 之间, $c' > 1.2$,口针长 $> 24 \mu\text{m}$ ^[3]。与 *H. assamensis* 相比,尖尾螺旋线虫的尾部环纹数更多(19~25 vs 13~16),唇环数更多(4 vs 3)。与桑尼螺旋线虫相比,尖尾螺旋线虫有唇环(vs 无唇环),雄虫缺失(vs 存在),侧尾腺孔位于肛门前(vs 位于肛门后);与 *H. shakii* 相比,尖尾螺旋线虫唇区为半球形(vs 圆锥形), c' 值更大(1.5~2.5 vs 1.2~1.5)。



a-c: 整体; d: 食道区域; e: 受精囊; f-g: 侧线; h-k: 唇区与口针; l-o: 尾部, 黑箭头示意肛门位置, 白箭头示意侧尾腺孔位置
 a-c: Entire body; d: Pharyngeal region; e: Spermatheca; f-g: Lateral lines; h-k: Lip region and stylet; l-o: Tail, black arrow indicates position of anus; white arrow indicates position of phasmids

图 1 尖尾螺旋线虫雌虫光学显微图片

Fig. 1 Light micrographs of *Helicotylenchus cuspicaudatus* female

2.2 分子序列分析

经扩增和测序,获得尖尾螺旋线虫 YT07 群体和 SCAU 群体 rDNA 28S D2-D3 区片段长度分别为 656 bp 和 793 bp, GenBank 登录号为 MG696757 (YT07 群体) 和 MG696758-MG696760 (SCAU 群体)。群体间序列相似性为 98.2%~99.1%。BLAST 结果显示,这两个群体与锥尾盘螺旋线虫 *R. conicaudatus* 的序列相似性最高,为 91.7%~92.3%。

扩增得到的尖尾螺旋线虫 YT07 群体和 SCAU 群体 rDNA-ITS 片段长度分别为 1 267 bp 和 1 378 bp, GenBank 登录号为 MG696761 (YT07 群体) 和 MG696762-MG696764 (SCAU 群体)。群体间序列相似性为 97.7%~97.8%。BLAST 结果显示,这两个群体与多带螺旋线虫 *H. multincinctus* 的序列相似性最高,为 74.8%~76.1%。

2.3 系统进化分析

总共有 39 条序列用于 rDNA 28S D2-D3 区序列比对数据集,比对后的长度为 582 bp,其中保守位点 310 个,简约信息位点 183 个。图 2 为基于 rDNA 28S D2-D3 序列在 GTR+I+G 模型下的贝叶斯一致树,后验概率(PP)超过 50%的数值显示在合适的分支上,尖尾螺旋线虫与锥尾盘螺旋线虫、*H. brevis* (Whitehead, 1958) Fortuner, 1984、*Helicotylenchus* sp. VII-2 和 *Helicotylenchus* sp. VII-3 聚为一个高度支持的分支(PP=95)。rDNA-ITS 区序列比对数据集包含 22 条序列,比对后的长度为 1 350 bp,其中保守位点 572 个,简约信息位点 625 个。图 3 为基于 rDNA-ITS 序列在 GTR+I+G 模型下的贝叶斯一致树,后验概率(PP)超过 50%的数值显示在合适的分支上,除尖尾螺旋线虫外的所有螺旋线虫序列以非常高的置信度聚为一支(PP=100),尖尾螺旋线虫位于螺旋线虫系统进化树的基部。

表 1 尖尾螺旋线虫两个中国群体雌虫的形态测量值

Table 1 Morphometrics of females of two *Helicotylenchus cuspicaudatus* populations from *Bambusa chungii* in China

形态特征 Morphological character	YT07 群体 YT07 population	SCAU 群体 SCAU population	<i>H. cuspicaudatus</i> 原始描述 ^[1] Original description
<i>n</i>	10	10	11
<i>L</i>	569±30.5(527~616)	635±35.8(564~664)	650±47.8(580~720)
<i>a</i>	27.6±0.8(26.7~28.9)	29.8±1.6(27.6~32.7)	26.8±2.2(23~30)
<i>b</i>	5.4±0.3(5~5.8)	5.5±0.3(4.9~5.9)	5.9±0.5(5.2~6.3)
<i>b'</i>	4.4±0.4(4.1~5.2)	4.4±0.3(4~5)	4.8±0.4(4.0~5.3)
<i>c</i>	27±1.6(24.1~29.4)	28.7±3.4(23~33.2)	29±2.2(26~33)
<i>c'</i>	1.8±0.1(1.5~2)	1.9±0.2(1.6~2.2)	1.9±0.2(1.6~2.5)
<i>V</i>	63.6±1.1(62~65.4)	62.7±1.1(60.4~63.8)	63±2.6(60~67)
口针长 Stylet length	25.4±0.9(24.6~26.9)	25.8±1.2(23.6~27.3)	26.5±0.3(25~28)
背食道腺开口至口针基部球的距离 DGO from stylet base	10.6±0.9(9.6~12.4)	10±1(8.9~11.6)	12±0.8(11~13)
唇区宽度 Lip width	5.8±0.2(5.7~6.1)	5.9±0.2(5.6~6.2)	—
唇区高度 Lip height	2.8±0.1(2.7~3)	2.9±0.1(2.8~3)	—
虫体前端至中食道球瓣 Anterior end to centre of metacarpus	73.3±3.1(69.4~77)	74.1±3.1(69.8~80.3)	—
虫体前端至食道与肠瓣 Anterior end to cardia	103.6±4.5(98.1~109.5)	115.2±4.4(110~121.2)	—
虫体前端至食道腺末端 Anterior end to end of pharyngeal gland lobe	133.2±10(113.5~140.6)	142.4±5(133.1~147.7)	—
虫体前端至排泄孔 Anterior end to excretory pore	105.8±2(104~110)	107.1±3.8(101~112)	119±4.1(115~125)
最大体宽 Maximum body diameter	22.1±0.8(21.2~23.2)	22±1.6(19.4~24.2)	—
肛门处体宽 Anal body diameter	12.1±0.9(10.7~13)	12±0.5(11~12.8)	—
前生殖腺长 Anterior genital tract length	130.7±10.6(115.6~144.7)	127.2±11.2(111.3~143.9)	—
后生殖腺长 Posterior genital tract length	88.9±11.2(75.1~102.7)	93.1±11.5(79.4~113.4)	—
尾长 Tail length	21.2±1.6(19.4~24.5)	22.4±1.8(19.3~24.7)	—
尾环数 Number of tail annuli	16±1(15~17)	16±3(14~21)	20±2.1(19~23)
虫体前端至排泄孔距离占体长的比例/% Anterior end to excretory pore/Body length	16.7±0.5(15.9~17.6)	18.2±0.7(17.3~19.1)	—

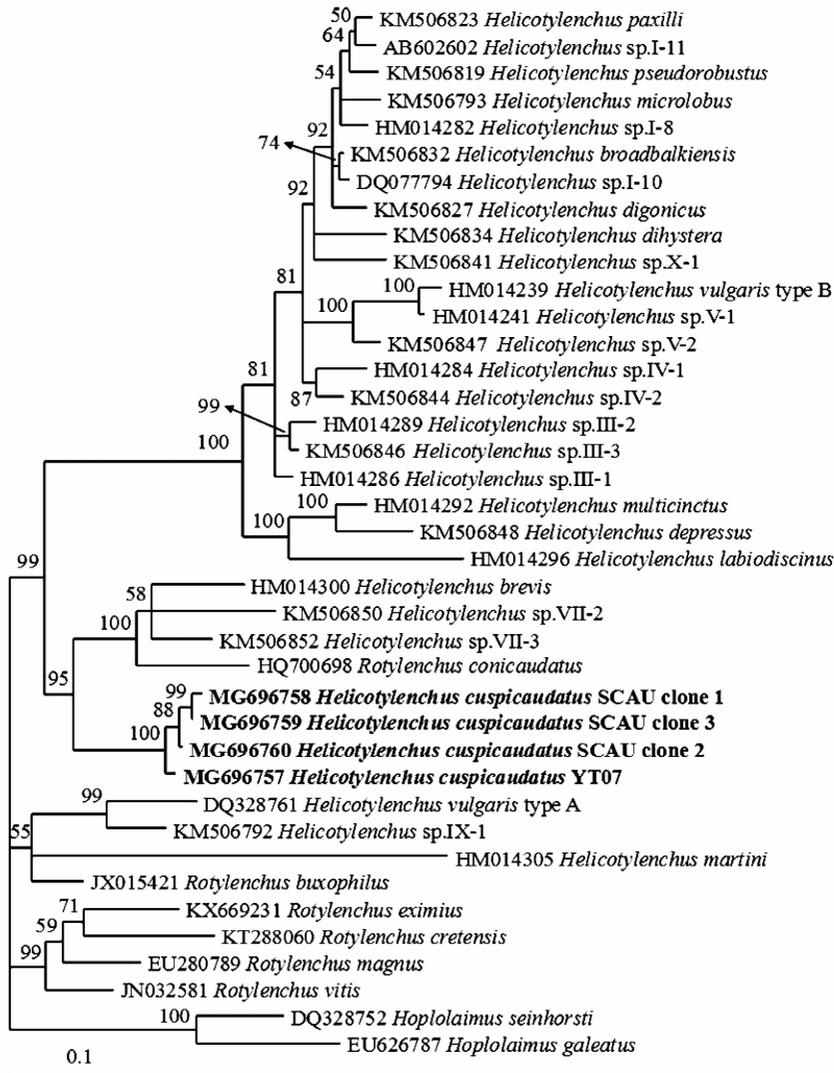


图 2 基于 rDNA 28S D2-D3 序列在 GTR+I+G 模型下的贝叶斯一致树

Fig. 2 Bayesian consensus tree inferred from 28S rDNA D2-D3 sequences under GTR+I+G model

3 结论与讨论

本文将采自广东省惠州市国营油田林场和华南农业大学树木园粉单竹根围的螺旋线虫均鉴定为尖尾螺旋线虫, 该线虫为中国新记录种。本文首次获得了尖尾螺旋线虫的 28S rDNA D2-D3 区和 rDNA-ITS 序列, 为今后螺旋线虫的种类鉴定提供了分子依据。

由于种间形态特征覆盖和种内形态特征多样性, 螺旋线虫的形态学鉴定十分困难^[1]。在原始文献报道中^[11], 尖尾螺旋线虫的口针基部球圆, 前缘平或略凹陷, 尾末端尖, 而本研究中两个群体口针基部球和尾末端形态多样, 口针基部球前缘平至明显凹陷, 尾末端尖至细圆。分子序列分析可以作为螺

旋线虫鉴定的重要辅助手段, 许多作者提供了越来越多螺旋线虫种类的分子序列^[1, 10-12]。然而, 由于缺乏地模标本的分子数据, 一些螺旋线虫种类的分类地位还有待确认^[10]。

在尖尾螺旋线虫原始描述文献中^[11], 同时报道了另一种与之形态十分相近的物种—*H. assamensis*。然而, 在本研究中, 尖尾螺旋线虫尾部环纹数的变化很大 (YT07 群体: 15~17; SCAU 群体: 14~21)。YT07 群体和 SCAU 群体的唇环数均为 4 个。唇环数被视为螺旋线虫鉴定的重要诊断特征, 但一些种类的唇环数也存在变异^[3]。另外, 尖尾螺旋线虫和 *H. assamensis* 都是发现于印度阿萨姆邦 Jorhat 市的竹子。因此, 这两个种之间的关系还有待进一步确认。

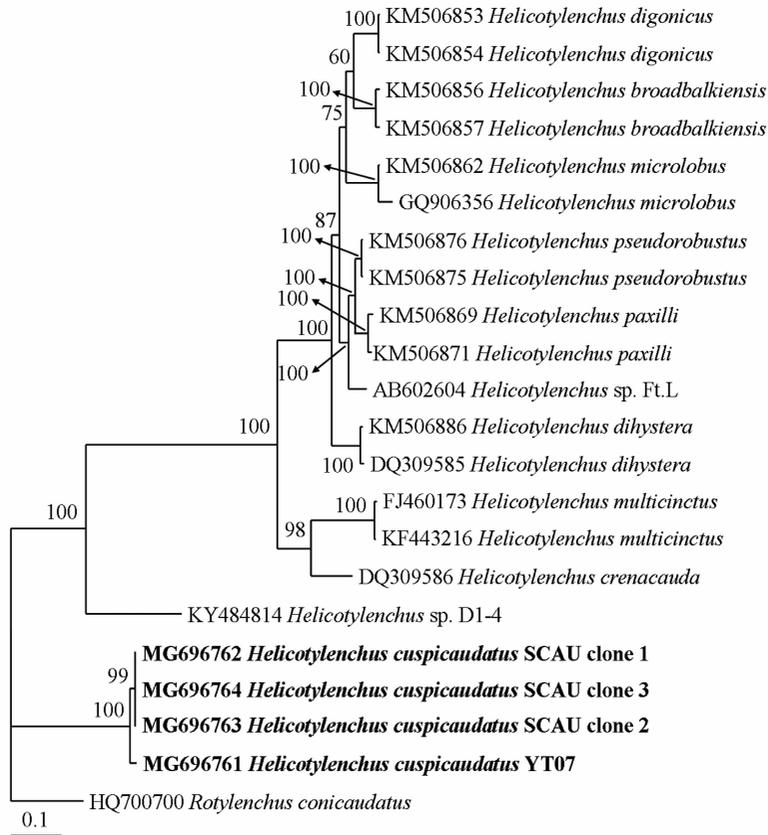


图 3 基于 rDNA-ITS 在 GTR+I+G 模型下的贝叶斯一致树

Fig. 3 Bayesian consensus tree inferred from rDNA-ITS sequences under GTR+I+G model

基于 rDNA 28S D2-D3 区的系统进化树揭示, 尖尾螺旋线虫与锥尾盘旋线虫和 *H. brevis* 聚在一起。尖尾螺旋线虫与后两种线虫形态差异明显。锥尾盘旋线虫食道腺从背面和侧腹面覆盖肠, 而尖尾螺旋线虫食道腺背腹覆盖肠道, 腹面覆盖较长; *H. brevis* 单卵巢, 而尖尾螺旋线虫双卵巢。基于 rDNA-ITS 的系统进化树中, 尖尾螺旋线虫位于树的基部, 推测尖尾螺旋线虫可能是比较原始的种类。尖尾螺旋线虫与基于 rDNA-ITS 的系统树中其他 8 种螺旋线虫的重要形态区别是 c' 值更大或尾环数更多。双角螺旋线虫 c' 值为 0.7~0.9, 尾环数为 4~10; *H. broadbalkiensis* c' 值为 0.8~0.9, 尾环数为 15~17; *H. microlobus* c' 值为 0.9~1.8, 尾环数为 8~13; 双宫螺旋线虫 c' 值为 0.8~1.2, 尾环数为 6~12; 假强壮螺旋线虫 c' 值为 0.9~1.4, 尾环数为 7~12; *H. paxilli* c' 值 0.9~1.5, 尾环数为 4~13; 刻尾螺旋线虫 c' 值为 1~1.3, 尾环数为 8; 多带螺旋线虫 c' 为 0.8~1, 尾环数为 6~12^[10-11]。

尖尾螺旋线虫仅在印度的竹子上有报道^[11], 但没有确定竹子种类, 本文明确粉单竹为尖尾螺旋线

虫的寄主。粉单竹是中国南方特产丛生竹类, 在广东分布比较普遍。粉单竹病虫害的研究较少^[13], 植物线虫的研究未见报道。本研究首次报道了粉单竹根围的一种螺旋线虫, 其对粉单竹生长的危害程度仍需进一步研究。

参考文献

- [1] SUBBOTIN S A, INSERRA R N, MARAIS M, et al. Diversity and phylogenetic relationships within the spiral nematodes of *Helicotylenchus* Steiner, 1945 (Tylenchida: Hoplolaimidae) as inferred from analysis of the D2-D3 expansion segments of 28S rRNA gene sequences [J]. *Nematology*, 2011, 13(3): 333-345.
- [2] DAVIS L T, BELL N L, WATSON R N, et al. Host range assessment of *Helicotylenchus pseudorobustus* (Tylenchida: Hoplolaimidae) on pasture species [J]. *Journal of Nematology*, 2004, 36(4): 487.
- [3] UZMA I, NASIRA K, FIROZA K, et al. Review of the genus *Helicotylenchus* Steiner, 1945 (Nematoda: Hoplolaimidae) with updated diagnostic compendium [J]. *Pakistan Journal of Nematology*, 2015, 33(2): 115-160.

- silla on larval antennae and mouthparts in the peach fruit moth, *Carposina sasakii* Matsumura (Lepidoptera: Carposini-
dae)[J]. *Micron*, 2011, 42(5): 478 - 483.
- [13] SONG Yueqin, SUN Huizhong, WU Junxiang. Morphology of the sensilla of larval antennae and mouthparts of the oriental fruit moth, *Grapholitha molesta* [J]. *Bulletin of Insectology*, 2014, 67(2): 193 - 198.
- [14] LIN Chengshing. Sensilla on the larval antennae and mouthparts of *Pentateucha inouei* Owada et Brechlin (Lepidoptera: Sphingidae)[J]. *Formosan Entomology*, 2002, 22(1): 115 - 124.
- [15] FAUCHEUX M J. Sensilla on the larval antennae and mouthparts of the European sunflower moth, *Homoeosoma nebulella* Den. and Schiff. (Lepidoptera: Pyralidae)[J]. *International Journal of Insect Morphology and Embryology*, 1995, 24(4): 391 - 403.
- [16] ZACHARUK R Y. *Antennae and sensilla*[M]. Oxford, UK: Pergamon Press, 1985.
- [17] SCHOONHOVEN L M. Some cold receptors in larvae of three Lepidoptera species [J]. *Journal of Insect Physiology*, 1967, 13(6): 821 - 826.
- [18] ALBERT P J. Morphology and innervation of mouthpart sensilla in larvae of the spruce budworm, *Choristoneura fumiferana* (Clem.) (Lepidoptera: Tortricidae)[J]. *Canadian Journal of Zoology*, 1980, 58(5): 842 - 851.
- [19] BAKER G, PARROTT W, JENKINS J. Sensory receptors on the larval maxillae and labia of *Heliothis zea* (Boddie) and *Heliothis virescens* (F.) (Lepidoptera: Noctuidae)[J]. *International Journal of Insect Morphology and Embryology*, 1986, 15(3): 227 - 232.
- [20] DAVIS D R, QUINTERO D A, CAMBRA R A T, et al. Biology of a new Panamanian bagworm moth (Lepidoptera: Psychi-
dae) with predatory larvae, and eggs individually wrapped in setal cases [J]. *Annals of the Entomological Society of America*, 2008, 101(4): 689 - 702.
- [21] BOER G, DETHIER V, SCHOONHOVEN L. Chemoreceptors in the preoral cavity of the tobacco hornworm, *Manduca sexta*, and their possible function in feeding behavior [J]. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 1977, 21(3): 287 - 298.
- [22] DEVITT B, SMITH J. Morphology and fine structure of mouthpart sensilla in the dark-sided cutworm *Euxoa messoria* (Harris) (Lepidoptera: Noctuidae)[J]. *International Journal of Insect Morphology and Embryology*, 1982, 11(5): 255 - 270.
- [23] KENT K S, HILDEBRAND J G. Cephalic sensory pathways in the central nervous system of larval *Manduca sexta* (Lepidoptera: Sphingidae)[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 1987, 315(1168): 1 - 36.
- [24] HANSON F E. *Sensory responses of phytophagous Lepidoptera to chemical and tactile stimuli* [M]. New York, USA: Academic Press, 1970.
- [25] ISHIKAWA S, HIRAO T, ARAI N. Chemosensory basis of host plant selection in the silkworm [J]. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 1969, 12(5): 544 - 554.
- [26] GRIMES L R, NEUNZIG H H. Morphological survey of the maxillae in last stage larvae of the suborder Ditrysia (Lepidoptera): palpi [J]. *Annals of the Entomological Society of America*, 1986, 79(3): 491 - 509.
- [27] KEIL T. Sensilla on the maxillary palps of *Helicoverpa armigera* caterpillars: in search of the CO₂-receptor [J]. *Tissue and Cell*, 1996, 28(6): 703 - 717.
- (责任编辑: 田 喆)
-
- (上接 80 页)
- [4] 刘维志. *植物线虫志*[M]. 北京: 中国农业出版社, 2004.
- [5] 冯志新. *植物线虫学*[M]. 北京: 中国农业出版社, 2001.
- [6] WANG H, ZHUO K, YE W, et al. Morphological and molecular characterisation of *Pratylenchus parvaezeae* n. sp. (Nematoda: Pratylenchidae) parasitizing sugarcane in China [J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2015, 143(1): 173 - 191.
- [7] MUNDO-OCAMPO M, TROCCOLI A, SUBBOTIN S A, et al. Synonymy of *Afenestrata* with *Heterodera* supported by phylogenetics with molecular and morphological characterisation of *H. koreana* comb. n. and *H. orientalis* comb. n. (Tylenchida: Heteroderidae)[J]. *Nematology*, 2008, 10(5): 611 - 632.
- [8] SUBBOTIN S A, STURHAN D, CHIZHOV V N, et al. Phylogenetic analysis of Tylenchida Thorne, 1949 as inferred from D2 and D3 expansion fragments of the 28S rRNA gene sequences [J]. *Nematology*, 2006, 8(3): 455 - 474.
- [9] VRAIN T C, WAKARCHUK D A, LEVESQUE A C, et al. Intraspecific rDNA restriction fragment length polymorphism in the *Xiphinema americanum* group [J]. *Fundamental and Applied Nematology*, 1992, 15(6): 563 - 573.
- [10] SUBBOTIN S A, VOVLAS N, YEATES G W, et al. Morphological and molecular characterization of *Helicotylenchus pseudorobustus* (Steiner, 1914) Golden, 1956 and related species (Tylenchida: Hoplolaimidae) with phylogeny of the genus [J]. *Nematology*, 2015, 17(1): 25 - 52.
- [11] SAHA M, LAL M, SINGH M, et al. Four new species of *Hoplolaimoidea* (Nematoda: Tylenchida) from India [J]. *International Journal of Nematology*, 2000, 10(2): 192 - 198.
- [12] SUBBOTIN S A, STURHAN D, VOVLAS N, et al. Application of the secondary structure model of rRNA for phylogeny: D2-D3 expansion segments of the LSU gene of plant-parasitic nematodes from the family Hoplolaimidae Filipjev, 1934 [J]. *Molecular Phylogenetics & Evolution*, 2007, 43(3): 881 - 890.
- [13] 周纪刚, 舒夏竺, 徐平, 等. 广东粉单竹病虫害调查及防治 [J]. *林业实用技术*, 2014(7): 47 - 49.
- (责任编辑: 田 喆)