

王宏洪,陈廷丰,张灿,等.广东省红树林中华新锥线虫的形态和分子鉴定[J].华中农业大学学报,2026,45(2):190-198.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2026.02.020

广东省红树林中华新锥线虫的形态和分子鉴定

王宏洪¹,陈廷丰²,张灿¹,陶冶¹

1. 广东生态工程职业学院植物有害生物防控与生物环境健康应用技术协同创新中心,广州 510520;
2. 广东湛江红树林国家级自然保护区管理局,湛江 524088

摘要 2021—2022年,分别在广东湛江红树林国家级自然保护区和广东镇海湾红树林国家湿地公园采集到2个新锥线虫种群样本。为探明该线虫的系统发育关系,利用形态学、分子生物学和系统发育的方法,将其鉴定为中华新锥线虫(*Neodolichodorus sinensis*),并获得中华新锥线虫湛江种群和镇海湾种群的18S rDNA和28S rDNA D2D3区序列数据。系统发育树构建结果显示:基于18S rDNA序列的系统发育树中中华新锥线虫与波斯湾新锥线虫(*N. persiangulfus*)聚为高度支持的单系分支;基于28S rDNA D2D3区序列的系统发育树中中华新锥线虫与波斯湾新锥线虫和白龙尾新锥线虫(*N. bachlongviensis*)聚为高度支持的单系分支。以上结果表明,中华新锥线虫与波斯湾新锥线虫互为姐妹种。

关键词 红树林;中华新锥线虫;分子鉴定;系统发育

中图分类号 S763.1; S432.5 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2026)02-0190-09

1976年,Andrássy将锥属(*Dolichodorus* Cobb, 1914)中侧线4条和尾半球形的物种组建为新锥属(*Neodolichodorus*)^[1]。随着更多新种的报道,发现新锥属线虫尾形比较多样,包括圆形、半球形、亚圆锥形、乳突状和圆锥形^[2]。迄今该属已报道15个物种^[2-3]。多位线虫学家对新锥属进行过评述并提供了鉴定检索表^[4-7],物种相对容易鉴定。我国目前仅记录过2个物种,分别是广东深圳福田红树林保护区根际土壤中分离的中华新锥线虫(*N. sinensis* Zhuo, Wang & Liao, 2010)^[8]和海南高尔夫球场草坪根际土壤中分离的海南新锥线虫(*N. hainanensis* Xu, Xie & Li, 2012)^[9]。

2019年Gharahkhani等^[2]将锥属已知物种依据雌虫尾部特征划分为2组:第1组包括雌虫尾部呈长锥形(elongate-conoid)或乳突状(mammillate)且尾长与肛门处体宽之比(c') >1.2 的物种;第2组的雌虫尾部呈圆形(rounded)、半球形(hemispherical)或亚锥形(sub-conoid),且 $c' < 1.2$ 。依据此标准,第1组包括6个物种,分别是短针新锥线虫[*N. brevistylus* (Heyns & Harris, 1973) Siddiqi, 1976]、光头新锥线

虫(*N. leiocephalus* Doucet, 1981)、拟长尾新锥线虫(*N. paralongicaudatus* Rashid, Geraert & Heyns, 1990)、拉格什新锥线虫(*N. rageshi* Siddiqi, 2000)、中华新锥线虫和波斯湾新锥线虫(*N. persiangulfus* Gharahkhani, Pourja & Pedram, 2019);第2组包括9个物种,分别是钝头新锥线虫[*N. obtusus* (Allen, 1957) Andrassy, 1976]、沙地新锥线虫[*N. arenarius* (Clark, 1963) Siddiqi, 1977]、阿德莱德新锥线虫[*N. adelaidensis* (Fisher, 1964) Siddiqi, 1977]、卡萨特新锥线虫[*N. cassati* (Luc & Dalmasso, 1971) Siddiqi, 1977]、具喙突新锥线虫[*N. rostrulatus* (Siddiqi, 1976) Siddiqi, 1977]、柑橘新锥线虫(*N. citri* / Jacob & Loof, 1996)、澳大利亚新锥线虫(*N. australis* Hodda & Nambiar, 2005)、海南新锥线虫和白龙尾新锥线虫(*N. bachlongviensis* Trinh, Nguyen, Le & Dam, 2024)^[2-3]。

老鼠筋(*Acanthus ilicifolius* L.)是爵床科老鼠筋属直立灌木,最高可达2 m^[10]。蜡烛果[*Aegiceras corniculatum* (L.) Blanco],别名桐花树,是报春花科蜡烛果属灌木或小乔木,高1.5~4.0 m^[11]。二者均为

收稿日期:2025-09-30

基金项目:广东省林业科技创新项目(2024KJCX007);广东省教育厅2022年度高等学校科研平台“森林健康与保护研究高校创新团队”(2022KCXTD050)

王宏洪,E-mail:angongong2003@163.com

通信作者:陶冶,E-mail:taoye126@163.com

海岸滩涂红树林常见树种,是优良的红树植物^[10-11]。本研究从广东湛江红树林国家级自然保护区老鼠簕和广东镇海湾红树林国家湿地公园蜡烛果根围采集到2个新锥线虫种群样本,分别编号为湛江种群和镇海湾种群,利用形态学和分子生物学方法对其进行准确鉴定,旨在为研究中华新锥线虫与近似种之间的系统发育关系提供依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集、分离和形态学观察

样品分别采自广东湛江红树林国家级自然保护区老鼠簕和广东镇海湾红树林国家湿地公园蜡烛果根围。用烧杯量取100 mL淤泥,用过筛法结合蔗糖离心法分离线虫^[12]。线虫经65℃热水3 min杀死后,用4%甲醛固定24 h以上,然后利用甘油乙醇法进行脱水,最后将线虫挑入载玻片上的纯甘油滴中,蜡封法制作线虫永久玻片^[12]。利用徕卡科研级正置显微镜DM4B对线虫标本进行形态学观察、测量和拍照^[13]。形态特征依据De Man公式测量和计算^[14]。测量值用Excel2010进行分析。

1.2 线虫DNA提取、PCR扩增和测序

采用蛋白酶K法提取单条线虫DNA^[15]。28S rDNA D2D3扩增引物为D2A/D3B^[16],18S rDNA扩增引物分别为1096F/1912R和1813F/2646R^[17]。PCR反应体系参照相关报道^[16-17]。PCR产物用1%琼脂糖凝胶电泳检测,扩增产物直接送测序公司测序。利用Lasergene 7.0软件对测序结果进行分析和拼接,然后上传至GenBank数据库,序列登录号分别为PV926529-PV926530(18S rDNA)和PV926532-PV926535(28S rDNA D2D3区)。

1.3 系统发育关系分析

参考锥科线虫系统发育研究文献^[2],下载锥科线虫rDNA(18S和28S D2D3)序列。利用MEGA 11.0进行序列比对,PAUP 4.0和Modeltest 3.7选择核酸替代模型,MrBayes 3.2构建系统发育树^[13]。基于18S rDNA和28S rDNA D2D3区系统发育树的外组选择参考Gharakhani等^[2]。

2 结果与分析

2.1 形态学鉴定结果

中华新锥线虫形态测量值及形态特征分别见表1和图1。

雌虫(湛江种群):热杀死后虫体腹弯,呈C形,向两端渐变细。虫体中部角质层环纹宽1.6~1.7

μm。侧区4条侧线,从唇区后延伸至尾中部,体前部具完全网纹,体中部无网纹,体后部具不规则网纹,后部侧区内带明显比外带宽。唇区与体部连续,唇环5~6个,唇高13.6~14.1 μm,唇宽5.0~6.6 μm。唇盘不突出。头骨架硬化。口针长,针锥部长于杆部,基部球向后倾斜,高3.8~4.4 μm,宽8.1~8.6 μm。食道前体部圆柱形,中食道球发育完善,卵圆形,长35.3~44.4 μm,宽30.1~33.6 μm,具有明显的中食道球瓣,后食道腺长梨形。排泄孔在中食道球基部至中食道球瓣的相应位置。半月体明显,位于排泄孔后约18~21个体环处,阴道长度约为体宽的1/2,阴道不对称硬化。双生殖腺,对伸,卵母细胞2~3行排列。尾长圆锥形,肛门后15~18体环处略变窄。侧尾腺开口孔状,位于肛门后4~7个体环处。

雄虫(湛江种群):虫体唇区、体环、排泄孔位置、半月体和侧区类似于雌虫,体长略小于雌虫。精巢前伸,占体长的57%~66%,交合伞三叶状,侧叶圆,具圆锯齿的边缘。交合伞中叶长圆锥形,末端不分叉。交合刺1对,略腹弯,末端腹面明显凹陷。引带大,细长且直。侧尾腺开口孔状,位于尾尖至泄殖腔之间。侧面观尾部呈钉状,细短,末端尖。

分布:广东湛江红树林国家级自然保护区老鼠簕根围(21°27'40.1"N;109°58'37.3"E)和广东镇海湾红树林国家湿地公园蜡烛果根围(21°56'14.7"N;112°23'9.3"E)。

与原始报道^[8]相比,中华新锥线虫湛江种群雌虫尾更长(119.6~144.8 μm vs 90.0~105.0 μm),从而导致c'值更大(3.8~4.7 vs 3.3~4.0),侧尾腺孔位置更靠后(肛门后4~7个体环处 vs 肛门附近或略前于肛门位置),其他形态特征和测量值基本一致。中华新锥线虫镇海湾种群仅雄虫食道长比原始报道种群^[8]短(252.0~269.0 μm vs 272.5~287.5 μm),侧尾腺孔位置更靠后(肛门后2~7个体环处 vs 肛门附近或略前于肛门位置),其余形态特征没有明显差异。

2.2 分子鉴定结果

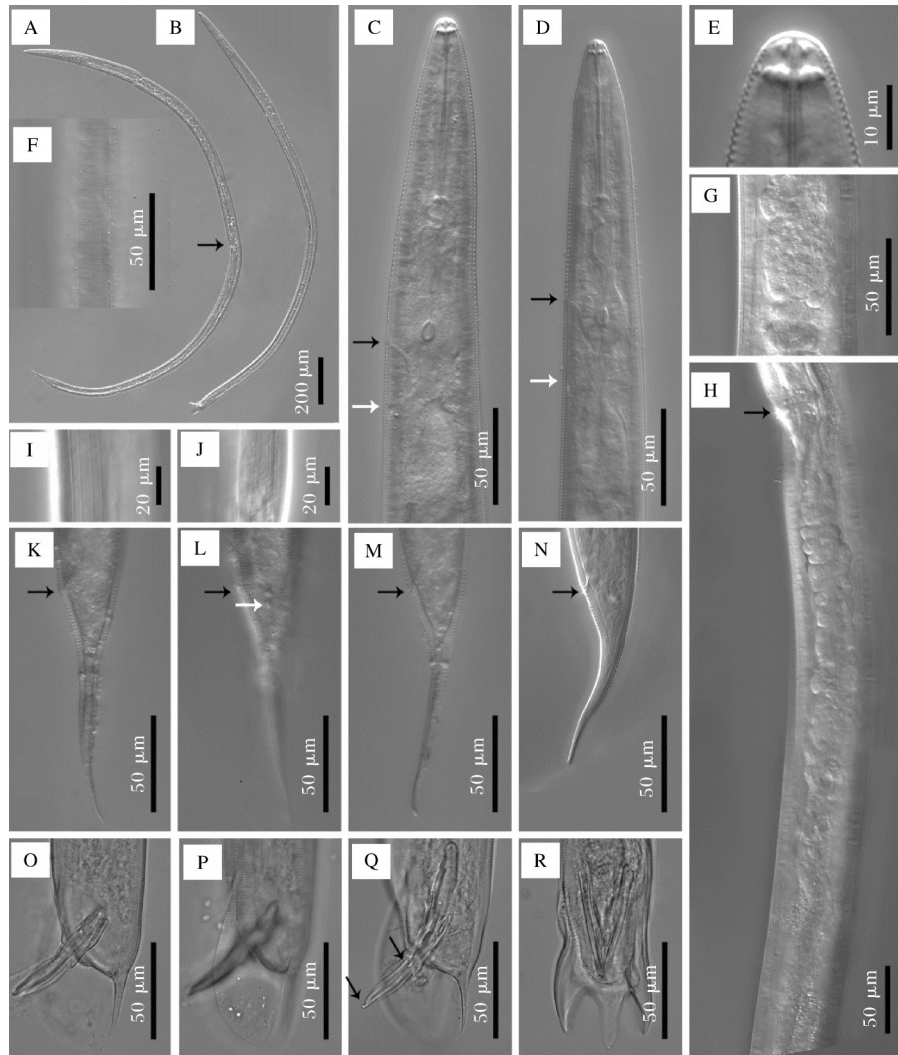
通过PCR扩增和测序后,获得中华新锥线虫湛江种群18S rDNA序列和28S rDNA D2D3区序列。

其中,中华新锥线虫湛江种群2条线虫18S rDNA序列长度分别为1 546 bp和1 540 bp,登录号分别为PV926529和PV926530,种群内个体间序列的相似性为100%。与GenBank数据库波斯湾新锥线虫(MK346929和MK797740)18S rDNA序列的一致性为99.0%~99.1%,相差14~15 bp。

表1 中华新锥线虫(*Neodolichodoros sinensis*)湛江种群和镇海湾种群的形态测计数据
Table 1 Morphometrics data for *Neodolichodoros sinensis* Zhanjiang population and Zhenhai Bay population

形态特征 Characteristics	湛江种群 Zhanjiang population			镇海湾种群 Zhenhai Bay population			深圳种群 Shenzhen population ^[8]		
	6♀♀	6♂♂	3♀♀	3♂♂	3♂♂	5♀♀	6♂♂		
体长/ μm Length	2 759.7±311.1 (2 409.0~3 249.0)	2 353.1±94.2 (2 236.0~2 513.0)	2 477.7±26.7 (2 447.0~2 493.0)	2 117.8±130.6 (2 023.0~2 267.0)	2 272.5~3 085.0	2 259.2 (2 155.0~2 375.0)			
最大体宽/ μm Maximum body diam	61.2±5.2 (55.0~67.9)	56.9±5.9 (51.6~66.2)	61.1±4.4 (58.4~66.2)	59.3±3.8 (55.8~63.4)	60.0~70.0	59.0 (52.5~65.0)			
口针长/ μm Stylet length	91.2±3.4 (87.5~96.5)	90.3±6.0 (80.0~97.5)	83.9±2.9 (82.0~87.0)	83.3±5.1 (78.5~88.5)	84.0~92.0	85.6 (82.5~87.5)			
口针锥部长/ μm Stylet cone length	50.8±2.8 (47.5~54.5)	52.6±3.9 (47.0~58.0)	47.0±2.6 (45.0~50.0)	47.1±3.7 (43.0~49.5)	46.0~52.0	48.2 (47.5~52.5)			
<i>m</i>	56.0±1.2 (54.8~57.1)	57.9±1.2 (56.2~59.6)	56.5±0.8 (55.4~57.3)	57.9±1.2 (56.2~59.6)	—	—			
<i>O</i>	4.8±0.4 (4.3~5.1)	4.4±0.4 (3.8~4.7)	—	—	—	—			
DGO/ μm	4.4±0.3 (4.2~4.8)	4.2±0.4 (3.6~4.6)	—	—	—	—			
食道长/ μm Oesophagus length	276.4±18.1 (253.0~303.5)	288.2±14.4 (274.0~308.5)	251.3±13 (241.5~266.0)	261.5±8.8 (252.0~269.0)	237.5~272.5	277.1 (272.5~287.5)			
体前端至中食道球距离 Anterior end to center of metacarpus	170.9±12.3 (157.4~189.4)	176.2±7.5 (167.5~185.7)	150.7±2.9 (148.3~154.0)	157.9±6.6 (151.6~164.7)	—	—			
体前端至排泄孔距离 Anterior end to excretory pore	190.3±19.7 (170.5~224.0)	191.7±14.5 (172.5~213.5)	172.7±5.2 (167.0~177.5)	178.9±7.3 (173.0~187.0)	142.5~187.5	180.4 (172.5~190.0)			
尾长/ μm Tail length	126.5±9.4 (119.6~144.8)	52.3±4.2 (46.8~57.5)	95.5±1.5 (93.8~96.6)	43.0±1.9 (41.3~45.0)	90.0~105.0	49.2 (42.5~52.5)			
肛门处体宽/ μm Anal body diameter	31.0±2.7 (27.3~35.2)	38.2±4.3 (33.8~44.5)	27.4±1.4 (25.7~28.3)	31.5±2.0 (29.2~32.7)	25.0~30.0	35.8 (30.0~40.0)			
交合刺长/ μm Spicules length	—	67.6±2.2 (65.2~70.4)	—	63.7±3.2 (60.0~65.5)	—	64.2 (60.0~70.0)			
引带长/ μm Gubernaculum length	—	31.0±2.3 (28.4~33.7)	—	29.8±2.1 (27.4~31.4)	—	32.5 (31.0~33.8)			
侧尾腺孔位置/ μm Phasmid position	(+) 5.5±1.3 [(+) 4~(+) 7]	—	(+) 4.5±3.5 [(+) 2~(+) 7]	—	—	—			
<i>a</i>	45.1±2.7 (42.0~49.4)	41.1±3.9 (36.1~45.3)	40.7±3.2 (37.0~42.7)	35.7±1.3 (34.5~37.0)	37.9~44.1	38.5 (33.9~41.5)			
<i>b</i>	10.0±0.7 (8.9~10.7)	8.2±0.3 (7.7~8.4)	9.9±0.6 (9.2~10.3)	8.1±0.4 (7.7~8.4)	9.4~10.7	8.2 (7.7~8.5)			
<i>c</i>	21.8±1.4 (20.1~23.4)	45.2±3.5 (41.5~49.1)	26.0±0.1 (25.8~26.1)	44.9±4.6 (40.9~49.9)	22.7~30.9	46.4 (41.0~51.8)			
<i>c'</i>	4.1±0.3 (3.8~4.7)	1.4±0.2 (1.1~1.6)	3.5±0.1 (3.4~3.6)	1.4±0.1 (1.3~1.5)	3.3~4.0	1.4 (1.2~1.7)			
<i>V</i>	49.9±1.1 (48.5~51.6)	—	50.2±0.6 (49.8~50.8)	—	49.2~52.9	—			
MB	61.8±1.2 (60.5~63.2)	61.2±2.5 (57.9~64.8)	60.1±1.9 (57.9~61.4)	60.4±0.8 (59.7~61.2)	61.4~65.6	61.4 (58.3~64.3)			

注:表中*m*、*O*、DGO、*a*、*b*、*c*、*c'*、*V*和MB值等形态测量参数参考De Man公式^[18],数据为平均值±标准差(范围)。m、O、DGO、*a*、*b*、*c*、*c'*、*V*和MB分别表示:口针锥部长/口针长、背食道腺开口至口针基部球之间的距离×100/口针长、背食道腺开口至口针基部球之间的距离、体长/最大体宽、体长/体前端至食道与肠连接处的距离、体长/尾长、尾长/肛门处体宽、体前端至阴门的距离×100/体长、体前端至中食道球中间的距离/食道长。表中“—”表示:“没有”。Note: Morphometric parameters such as *m*, *O*, DGO, *a*, *b*, *c*, *c'*, *V* and MB value were developed by De Man, 1880^[18], all measurements are in μm and in the form mean±sd (range). *m*, *O*, DGO, *a*, *b*, *c*, *c'*, *V* and MB respectively stand for: ; stylet cone length/stylet length, style knob to dorsal esophageal gland stylet, dorsal gland orifice to style knob, length/maximum body diam, length/anterior end to cardia, length/tail length, tail length/anal body diameter, anterior end to vulva length×100/length, anterior end to center of metacarpus/oesophagus length. “—” stand for: “none”.



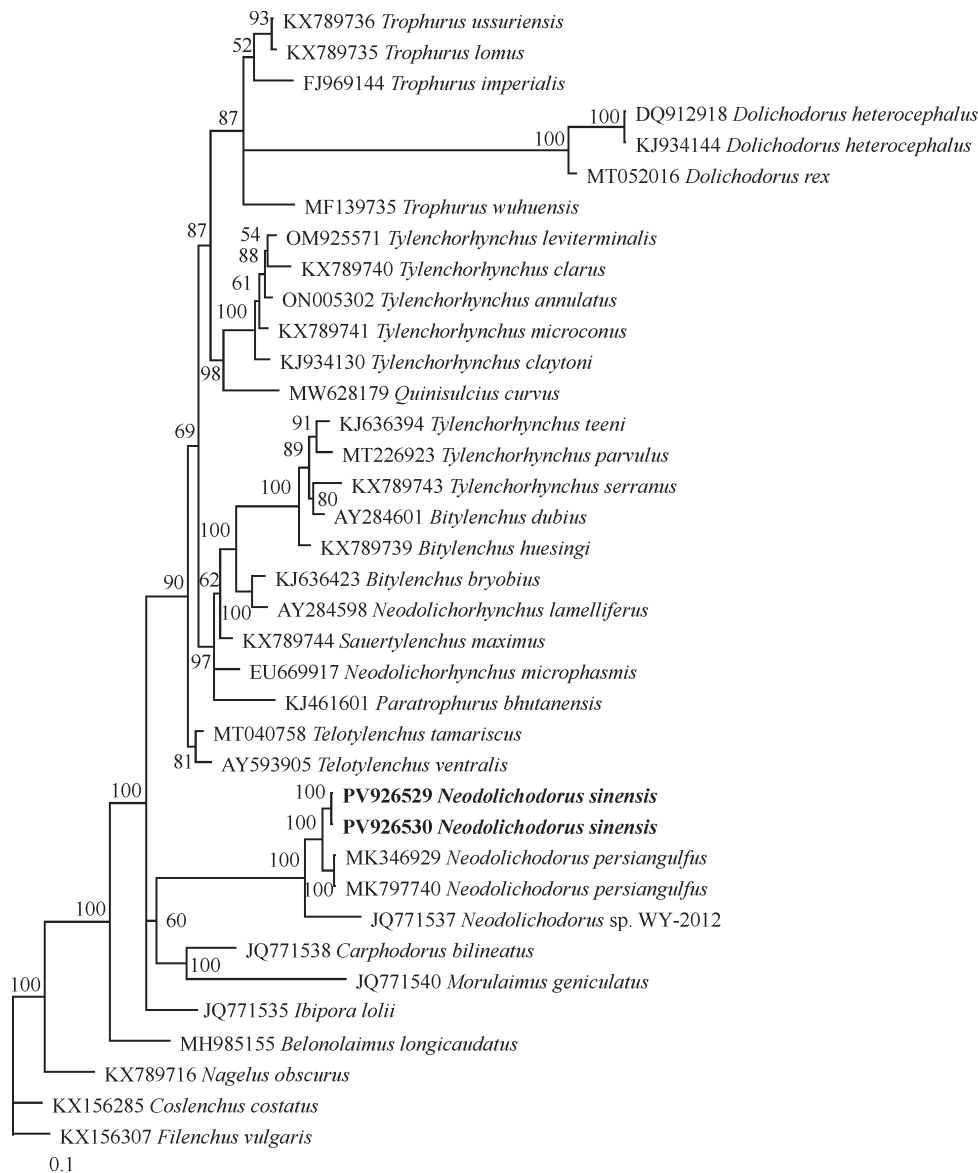
A: 雌虫整体(箭头示意阴门位置); B: 雄虫整体; C: 雌虫体前部(黑箭头示意排泄孔, 白箭头示意半月体); D: 雄虫体前部(黑箭头示意排泄孔, 白箭头示意半月体); E: 雌虫头部; F: 体前部侧区; G: 受精囊; H: 雌虫后生殖腺(箭头示意阴门位置); I: 体中部侧区; J: 体后部侧区; K~N: 雌虫尾部(黑箭头示意肛门, 白箭头示意侧尾腺孔); O~Q: 雄虫尾部侧面观(箭头示意交合刺末端); R: 雄虫尾部腹面观。A: Entire female body (arrow shows vulva position); B: Entire male body; C: Anterior region of female (black arrow shows excretory pore; white arrow shows hemizonid); D: Anterior region of male (black arrow shows excretory pore; white arrow shows hemizonid); E: Female head region; F: Lateral field of anterior region; G: Spermatheca (arrow shows vulva); H: Female genital system (arrow shows vulva position); I: Lateral field at mid body; J: Lateral field of posterior region; K~N: Female tails (black arrow shows anus; white arrow shows phasmid); O~Q: Lateral view of male's tail (arrows show spicules end); R: Ventral view of male's tail.

图 1 中华新锥线虫 *Neodolichodorus sinensis* 形态特征光学显微图片 (N 和 R 来自镇海湾种群, 其余均来自湛江种群)

Fig. 1 Light micrographs of *Neodolichodorus sinensis* (N and R are from Zhenhai Bay population, the rest are from Zhanjiang population)

中华新锥线虫湛江种群中 2 条线虫 28S rDNA D2D3 区序列长度分别为 693、695 bp, 登录号分别为 PV926532 和 PV926533, 种群内个体间序列的相似性为 99.9%。镇海湾种群 2 条线虫 28S rDNA D2D3 区序列长度均为 784 bp, 登录号分别为 PV926534 和 PV926535, 种群内个体间序列相似性为 100%。中华新锥线虫湛江种群与镇海湾种群之间的序列相似性为 99.9%, 仅相差 1 bp。与波斯湾新锥线虫

(MK796421~MK796424; MK346928) 28S rDNA D2D3 区序列的一致性为 90.6%~92.8%, 相差 46~56 bp。与 GenBank 数据库新锥线虫未定种 XY-2012 18S rDNA 序列 (JQ771537) 的一致性为 96.7%, 相差 49~50 bp。与新锥线虫未定种 XY-2012 28S rDNA D2D3 区序列 (JQ771549) 的一致性为 89.1%, 相差 134 bp。



在靠近的分支上标出超过50%的贝叶斯后验概率,中华新锥线虫湛江种群的序列用加粗字体表示。Bayesian posterior probabilities exceeding 50% are given next to each node. Sequences from the *N. sinensis* Zhanjiang population are in bold font.

图2 基于锥科线虫18S rDNA的GTR+I+G模型下的贝叶斯一致树

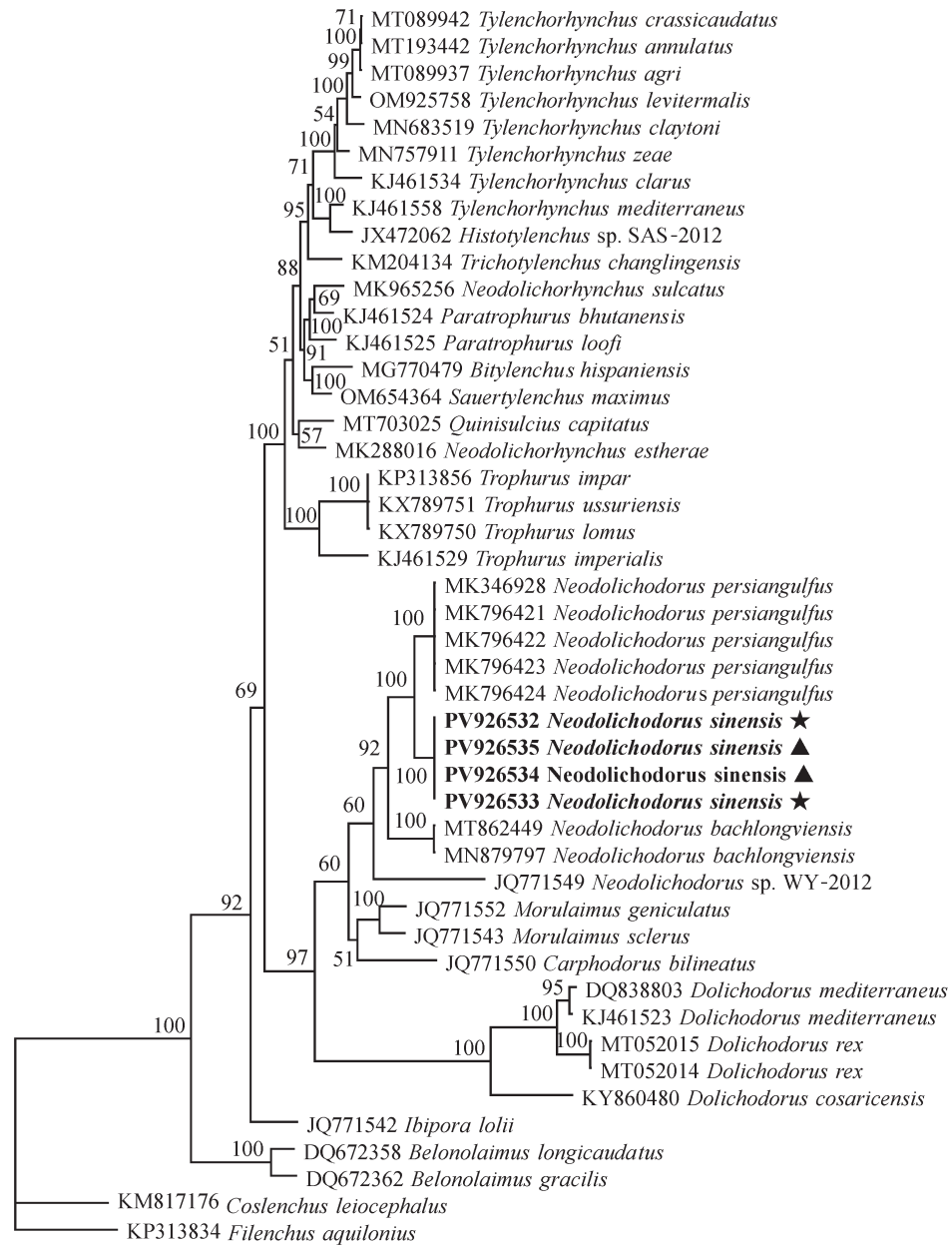
Fig. 2 BI phylogenetic tree generated from 18S rDNA sequences of Dolichodorinae under GTR+I+G model

2.3 系统发育分析

基于18S rDNA序列的锥科线虫系统发育树如图2所示。数据集包含37条序列,比对后长度为1570 bp,其中保守位点1131个,选择GTR+I+G模型为核酸替代模型。本研究获得的中华新锥线虫序列聚为一个高度支持的分支(置信度PP=100),中华新锥线虫与波斯湾新锥线虫和*Neodolichodus* sp. WY-2012聚为高度支持的单系分支(置信度PP=100)。同为锥亚科(Dolichodorinae)的锥属(*Dolichodorus*)没有与新锥属(*Neodolichodus*)聚

在一起,而是与大尾属(*Trophurus*)聚在一起。

基于28S rDNA D2D3区序列的锥科线虫系统发育树如图3所示。数据集包含46条序列,比对后长度为728 bp,其中保守位点316个,选择GTR+I+G模型为核酸替代模型。本研究获得的中华新锥线虫序列聚为一个高度支持的分支(置信度PP=100),中华新锥线虫与波斯湾新锥线虫和白龙尾新锥线虫聚为一个高度支持的单系分支(置信度PP=92)。*Neodolichodus* sp. WY-2012与其他几种新锥线虫以低置信度(PP=60)聚为一支。



0.1
 在靠近的分支上标出超过 50% 的贝叶斯后验概率, 中华新锥线虫湛江种群和镇海湾种群的序列分别用加粗字体★、▲表示。Bayesian posterior probabilities exceeding 50% are given next to each node. Sequences of *N. sinensis* Zhanjiang population and Zhenhai Bay population are in bold font and with ★, ▲, respectively.

图 3 基于锥科线虫 28S rDNA D2D3 区的 GTR+I+G 模型下的贝叶斯一致树

Fig.3 BI phylogenetic tree generated from 28S rDNA D2D3 sequences of Dolichodoridae under GTR+I+G model

3 讨论

本研究采集到的中华新锥线虫分别来自广东湛江红树林国家级自然保护区和广东镇海湾红树林国家湿地公园, 距离模式产地广东深圳福田红树林国家级自然保护区分别为 200 多公里和 500 多公里, 推测此线虫在广东沿海红树林生态系统广泛分布。中

华新锥线虫原始报道是在秋茄 (*Kandelia candel*) 根围采集到, 本研究的线虫种群采自老鼠簕和蜡烛果根围^[18-19], 三者均为广东省红树林重要树种。与中华新锥线虫原始报道的深圳种群^[8]相比, 本研究的湛江种群雌虫有更长的尾部。镇海湾种群与深圳种群的雌虫尾长没有明显差别。尾长的变化可能与种群

的地理位置或寄主植物有关。

中华新锥线虫和波斯湾新锥线虫形态特征十分相似,互为姐妹种。两者相比,波斯湾新锥线虫具更短的交合刺(47~58 vs 60~70 μm)和更短的引带(18~27 vs 31~36 μm)。波斯湾新锥线虫外部侧线为圆齿状,而中华新锥线虫外部侧线平滑。波斯湾新锥线虫雌虫尾部变窄位置更靠前(肛门后5~12环 vs 肛门后13~15环)^[2,8]。此外,波斯湾新锥线虫侧尾腺孔总是在肛门之后,而原始报道的中华新锥线虫侧尾腺孔位于肛门附近或略前于肛门位置^[2,8]。本研究的中华新锥线虫侧尾腺孔位置稳定在肛门之后,与波斯湾新锥线虫一致。这说明中华新锥线虫种群间的侧尾腺孔位置有变化,不能用于区分中华新锥线虫和波斯湾新锥线虫。

本研究首次获得了中华新锥线虫湛江种群的18S rDNA序列和28S rDNA D2D3区序列,以及镇海湾种群的28S rDNA D2D3区序列,为中华新锥线虫的鉴定提供了分子依据,也丰富了稀缺的锥科线虫分子序列数据库。基于18S rDNA序列构建的锥科线虫分子系统发育树中,所有新锥线虫种类的分子序列聚为一个单系分支,与Gharahkhani等^[2]报道的结果一致。基于28S rDNA D2D3区的系统发育树中,*Neodolichodorus* sp. WY-2012与其他几种新锥线虫聚为一支,但是后验概率并不高(PP=60)。目前新锥线虫的分子序列还比较少,属内系统发育关系还需获得更多序列后进一步研究。

病虫害的暴发是促使红树林衰退的一个重要因素,目前已有大量有关红树林病虫害的报道^[20-26]。红树林生态系统研究多关注自由生活海洋线虫,而植物线虫作为一类重要的植物病原物,仅少数几个植物线虫类群被报道^[2,8,27-31]。例如:海雌小环线虫(*Criconemoides avicenniae* (Nicholas & Stewart, 1985) Loof & De Grisse, 1989)^[28]、垫刃线虫未定种^[29]、梅尔沙根结线虫(*Meloidogyne mersa* Siddiqi & Booth, 1991)^[30]、加勒比海潜根线虫(*Hirschmanniella caribbeana* Van den Berg and Queneherve, 2000)^[31]、潜根线虫未定种^[27]、中华新锥线虫^[8]和波斯湾新锥线虫^[2]。目前尚未有新锥线虫致病性的报道,中华新锥线虫对红树林生态系统的潜在影响仍待进一步研究。

参考文献 References

[1] ANDRÁSSY I. Evolution as a basis for the systematization of

nematodes[M]. London: Pitman, 1976.

- [2] GHARAHKHANI A, POURJAM E, PEDRAM M. Occurrence of *Neodolichodorus persiangulfus* n. sp. (Nematoda: Dolichodoridae) in mangrove forests of southern Iran[J/OL]. Forest pathology, 2019, 49(6): e12563[2025-09-30]. <https://doi.org/10.1111/efp.12563>.
- [3] TRINH Q P, NGUYEN H T, LE T M L, et al. Morphological and molecular characterizations of *Neodolichodorus bachlongviensis* sp. n. (Nematoda: Dolichodoridae), a new plant-parasitic nematode species from Bach Long Vy island in Vietnam [J]. Australasian plant pathology, 2024, 53 (2): 141-150.
- [4] SIDDIQI M R. Tylenchida parasites of plants and insects [M]. 2nd edition. Wallingford, UK: CABI Publishing, 2000.
- [5] VOVLAS N, TROCCOLI A, LAMBERTI F. An illustrated diagnostic compendium of *Neodolichodorus* Andrassy, 1976 (Nematoda: Dolichodoridae), with additional data on morphology of *N. citris* Jacob & Loof, 1996 [J]. Journal of Nematode Morphology and Systematics, 2004, 6 (2): 129-138.
- [6] HODDA M, NAMBIAR L. *Neodolichodorus australis* n. sp. (Nematoda: Dolichodoridae) on carrot in Australia [J]. Australasian plant pathology, 2005, 34(1): 1-9.
- [7] GERAERT E. The Dolichodoridae of the world: identification of the family Dolichodoridae (Nematoda) [M]. Ghent, Belgium: Academia Press, 2011.
- [8] ZHUO K, WANG H H, LIAO J L. *Neodolichodorus sinensis* sp. nov. (Nematoda: Dolichodoridae) from China [J]. Zootaxa, 2010, 2362(1): 63-68.
- [9] XU C L, XIE H, LI Y. Description of *Neodolichodorus hainanensis* n. sp. (Nematoda: Dolichodoridae) from rhizosphere soil of golf turf in China [J]. Zootaxa, 2012, 3236(1): 62-68.
- [10] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志(第58卷) [M]. 北京: 科学出版社, 1979: 33. Editorial Committee of Flora of China. Flora of China (Volume 58) [M]. Beijing: Science Press, 1979: 33 (in Chinese).
- [11] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志(第70卷) [M]. 北京: 科学出版社, 2002: 45. Editorial Committee of Flora of China. Flora of China (Volume 58) [M]. Beijing: Science Press, 2002: 45 (in Chinese).
- [12] 冯志新. 植物线虫学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2001. FENG Z X. Plant Nematology [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2001 (in Chinese).
- [13] WANG H H, ZHUO K, CAI R D, et al. Morphological and molecular characterisation of *Paralongidorus sacchari* (Nematoda: Longidoridae), a new record of needle nematode in China [J]. European journal of plant pathology, 2019, 155 (2): 615-625.
- [14] DE MAN J G. Die, frei in der reinen Erde und im süßen Wasser lebenden Nematoden der niederländischen Fauna: eine sys-

- tematisch-faunistische Monographie [M]. Leiden: E. J. Brill, 1884.
- [15] 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.
- [16] DE LEY P, FELIX M A, FRISSE L, et al. Molecular and morphological characterisation of two reproductively isolated species with mirror-image anatomy (Nematoda: Cephalobidae) [J]. *Nematology*, 1999, 1(6): 591-612.
- [17] HOLTERMAN M, VAN DER WURFF A, VAN DEN ELSEN S, et al. Phylum-wide analysis of SSU rDNA reveals deep phylogenetic relationships among nematodes and accelerated evolution toward crown clades [J]. *Molecular biology and evolution*, 2006, 23(9): 1792-1800.
- [18] 缪绅裕, 陈桂珠, 陈正桃, 等. 广东湛江保护区红树林种群的生物量及其分布格局 [J]. *广西植物*, 1998, 18(1): 11-23. MIAO S Y, CHEN G Z, CHEN Z T, et al. Biomasses and distributive patterns of mangrove populations in Zhanjiang Nature Reserves, Guangdong, China [J]. *Guihaia*, 1998, 18(1): 11-23 (in Chinese with English abstract).
- [19] 华国栋, 庄礼凤, 李家祥, 等. 广东台山镇海湾红树林国家湿地公园土壤有机碳含量及其影响因素分析 [J]. *林业与环境科学*, 2021, 37(6): 118-123. HUA G D, ZHUANG L F, LI J X, et al. Contents of soil organic carbon of mangrove in Haiwan mangrove national wetland park, Taishan Town, Guangdong and their influencing factors [J]. *Forestry and environmental science*, 2021, 37(6): 118-123 (in Chinese with English abstract).
- [20] 蒋学建, 罗基同, 秦元丽, 等. 我国红树林有害生物研究综述 [J]. *广西林业科学*, 2006, 35(2): 66-69. JIANG X J, LUO J T, QIN Y L, et al. A summary of mangrove pests in China [J]. *Guangxi forestry science*, 2006, 35(2): 66-69 (in Chinese).
- [21] 徐家雄, 林明生, 陈瑞屏, 等. 粤港地区红树林害虫种类调查 [J]. *广东林业科技*, 2008, 24(2): 46-49. XU J X, LIN M S, CHEN R P, et al. Investigation of pest insects on mangrove in Guangdong and Hongkong area [J]. *Guangdong forestry science and technology*, 2008, 24(2): 46-49 (in Chinese with English abstract).
- [22] 付小勇, 秦长生, 赵丹阳. 中国红树林湿地昆虫群落及害虫研究进展 [J]. *广东林业科技*, 2012(4): 56-61. FU X Y, QIN C S, ZHAO D Y. Research progress in insect community and pests of Chinese mangrove [J]. *Guangdong forestry science and technology*, 2012(4): 56-61 (in Chinese with English abstract).
- [23] 范航清, 刘文爱, 曹庆先. 广西红树林害虫生物生态特性与综合防治技术研究 [M]. 北京: 科学出版社, 2012. FAN H Q, LIU W A, CAO Q X. Study on biological and ecological characteristics and integrated control techniques of mangrove pests in Guangxi [M]. Beijing: Science Press, 2012 (in Chinese).
- [24] 李志刚, 戴建青, 叶静文, 等. 中国红树林生态系统主要害虫种类、防控现状及成灾原因 [J]. *昆虫学报*, 2012, 55(9): 1109-1118. LI Z G, DAI J Q, YE J W, et al. Species, control status and outbreak causes of main pest insects in mangrove ecosystems in China [J]. *Acta entomologica sinica*, 2012, 55(9): 1109-1118 (in Chinese with English abstract).
- [25] 纪燕玲, 蔡选光, 纪丹虹, 等. 粤东地区红树林主要害虫种类调查及危险性评价 [J]. *中国森林病虫*, 2015, 34(5): 20-24. JI Y L, CAI X G, JI D H, et al. Investigation and risk assessment of main pests on mangrove in eastern region of Guangdong [J]. *Forest pest and disease*, 2015, 34(5): 20-24 (in Chinese with English abstract).
- [26] 杨华, 凌斯全, 田龙艳, 等. 广东省红树林有害生物调查与防治建议 [J]. *湿地科学*, 2025, 23(2): 262-273. YANG H, LING S Q, TIAN L Y, et al. Current status of mangrove pests in Guangdong Province and suggestions for their control management [J]. *Wetland science*, 2025, 23(2): 262-273 (in Chinese with English abstract).
- [27] 王宏洪. 深圳福田红树林线虫群体多样性研究 [D]. 广州: 华南农业大学, 2010. WANG H H. Population diversity of nematodes in Futian mangrove forest, Shenzhen [D]. Guangzhou: South China Agricultural University, 2010 (in Chinese with English abstract).
- [28] NICHOLAS W L, STEWART A. *Criconemella a vicenniae* N. sp. (Nematoda: Criconematidae) and *enchodelus coomansi* N. sp. (Nematoda: Nordiidae) associated with the roots of the mangrove *Avicennia marina* (Forsk.) Vlerh [J]. *Nematologica*, 1984, 30(4): 429-436.
- [29] HODDA M, NICHOLAS W L. Meiofauna associated with mangroves in the Hunter River estuary and Fullerton Cove, south-eastern Australia [J]. *Australian journal of marine and freshwater research*, 1985, 36(1): 41-50.
- [30] SIDDIQI M R, BOOTH W. *Meloidogyme* (Hypsoperine) *mersa* sp.n. (Nematoda; Tylenchina) attacking *Sonneratia alba* trees in mangrove forest in Brunei Darussalam [J]. *Afro-Asian Journal of Nematology*, 1991, 1: 212-220.
- [31] VAN DEN BERG E, QUÉNÉHERVÉ P. *Hirschmanniella caribbeana* sp.n. and new records of *Pratylenchus* spp. (Pratylenchidae; Nematoda) from Guadeloupe, French West Indies [J]. *Nematology*, 2000, 2(2): 179-190.

Morphological and molecular identification of awl nematode, *Neodolichodorus sinensis* associated with mangrove forest in Guangdong Province, China

WANG Honghong¹, CHEN Tingfeng², ZHANG Can¹, TAO Ye¹

1. Guangdong Eco-Engineering Polytechnic, Collaborative Innovation Center of Plant Pest Management and Bioenvironmental Health Application Technology, Guangzhou 510520, China;

2. Guangdong Zhanjiang Mangrove National Nature Reserve Administration, Zhanjiang 524088, China

Abstract During 2021–2022, two awl nematode populations were collected from the Guangdong Zhanjiang Mangrove National Nature Reserve and the Guangdong Zhenhai Bay Mangrove National Wetland Park, respectively. To investigate the phylogenetic relationships among closely related species of *Neodolichodorus*, morphological, molecular and phylogenetic analyses were conducted. These analyses confirmed that both populations were identified as *Neodolichodorus sinensis*. The 18S rDNA and 28S rDNA D2D3 region sequences were obtained for the Zhanjiang and Zhenhai Bay populations of *N. sinensis*, and phylogenetic trees were constructed based on these sequences. The results showed that in the phylogenetic tree based on 18S rDNA sequences, *N. sinensis* formed a highly supported monophyletic clade with *N. persiangulfus*. In the phylogenetic tree based on the 28S rDNA D2D3 region sequences, *N. sinensis* clustered with *N. persiangulfus* and *N. bachlongviensis* in a highly supported monophyletic clade. This study clarifies the relationships between *N. sinensis* and its closely related species. This paper identifies *N. sinensis* and *N. persiangulfus* as sister cryptic species.

Keywords mangrove; *Neodolichodorus sinensis*; molecular identification; phylogenetic analyses

(责任编辑:边书京)