

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2021.04.009

福建省直播稻根结线虫病的病原种类鉴定

柯叶鑫¹, 陈晶伟^{1,2}, 肖 顺¹, 杨小龙¹, 程 曦¹, 刘国坤^{1*}
¹福建农林大学生物农药与化学生物学教育部重点实验室, 福建 福州 350002;
²江苏徐淮地区徐州农业科学研究所农业部甘薯生物学与遗传育种重点实验室, 江苏 徐州 221131

摘要:【目的】福建省福清市江镜镇与福安市潭溪镇水稻区直播稻苗期分别发生严重的根结线虫病, 本研究对其病原物进行形态和分子鉴定, 明确病原物种类, 以期对福建省直播稻根结线虫病害防控提供理论依据。【方法】通过根结线虫各虫态形态学特征进行观测; 同时对其 rDNA-ITS 区进行测序, 通过贝叶斯法与最大似然法构建了系统发育树来确定种类; 利用拟禾本科根结线虫特异性引物 Mg-F/Mg-R 检测种群。【结果】根结线虫的雌虫、雄虫和 2 龄幼虫的形态学特征与拟禾本科根结线虫原始描述种一致; rDNA-ITS 区序列长度为 576 bp, 与 GenBank 拟禾本科根结线虫种群相似度均达 99% 以上; 系统发育树明确了该根结线虫与拟禾本科根结线虫处于同一分支; 特异性引物 Mg-F/Mg-R 检测进一步明确病原为拟禾本科根结线虫单一种群。【结论】本研究通过形态与分子特征, 明确了在福建直播稻上发现的根结线虫为拟禾本科根结线虫。拟禾本科根结线虫在福建省最早于 2011 年在政和县小范围水稻田发现, 此后未在其他水稻种植区发现。本次在福建直播稻上首次发现大面积的根结线虫为害。随着直播稻的种植面积扩大, 拟禾本科根结线虫引起的水稻病害可能会成为制约其发展的新问题, 应引起足够重视。

关键词: 直播稻; 拟禾本科根结线虫; 形态学鉴定; 系统发育树



Identification of pathogen species of rice root-knot nematode disease of direct seeding rice (*Oryza sativa*) in Fujian Province

KE Yexin¹, CHEN Jingwei^{1,2}, XIAO Shun¹, YANG Xiaolong¹, CHENG Xi¹, LIU Guokun^{1*}
¹Key Laboratory of Biopesticide and Chemical Biology, Ministry of Education, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China; ²Xuzhou Institute of Agricultural Sciences of Jiangsu Xuhuai Area, Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Sweet Potato of Ministry of Agriculture, Xuzhou, Jiangsu 221131, China

Abstract: 【Aim】 Severe root-knot nematode disease occurs during the seedling stage of direct seeding rice in Jiangjing Town, Fuqing City and Tanxi Town, Fu'an City, Fujian Province. This study was performed to identify the species of *Meloidogyne*, based on morphological and molecular characteristics and to provide a insights for disease prevention and control. 【Method】 Morphological characteristics of the nematode were determined, and its rDNA ITS was sequenced. Phylogenetic trees were constructed based on the rDNA-ITS sequences using Bayesian and maximum likelihood analyses. The population was also examined using *M. graminicola*-specific primers. 【Result】 The morphological characteristics of female, male, and second-stage juveniles (J2) matched the original description of *M. graminicola*. The rDNA-ITS sequence was 576 bp long, and BLAST analysis suggested > 99% similarity to other available *M. graminicola* sequences in GenBank. Phylogenetic analyses revealed that this nematode clustered with *M. graminicola*. Species identity was further confirmed using *M. graminicola*-specific primers. 【Conclusion】 In the study, the species of rice root-knot nematode parasitizing direct seeding rice in Fujian Province was confirmed as *M. graminicola* based on morphological and molecular data. The rice root-knot nematode disease caused by *M. graminicola* was first found in small scale rice field in Zhenghe County, Fujian Province in 2011, and has not been found again in other rice paddy fields in Fujian Province. The research has found *M. graminicola* has caused severe disease on direct seeding rice for the first time in Fujian Province. With the promotion of direct see-

收稿日期 (Received): 2021-04-02 接受日期 (Accepted): 2021-06-03
基金项目: 福建省现代农业水稻产业技术体系建设项目 (2019-2021)
作者简介: 柯叶鑫, 男, 硕士研究生。研究方向: 植物线虫病害及线虫病害防治。E-mail: kyxfbyx@163.com
* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: liuguok@126.com

ding rice, the disease caused by *M. graminicola* has become a major problem restricting direct seeding rice production and should thus receive sufficient attention.

Key words: direct seeding rice; *Meloidogyne graminicola*; morphological characteristic; phylogenetic tree

水稻 *Oryza sativa* L. 是全世界最重要的粮食作物之一, 拟禾本科根结线虫 *Meloidogyne graminicola* (Golden and Birchfield) 作为水稻上最严重的植物寄生性线虫, 广泛分布于世界热带和亚热带水稻产区, 因其经济危害性, 被许多国家列为检疫性线虫 (Mantelin *et al.*, 2017)。拟禾本科根结线虫在中国最早发现于海南的葱 *Allium fistulosum* L. 上 (赵洪海等, 2001), 2011 年在福建省政和县发现其危害水稻 (刘国坤等, 2011)。近几年来, 该根结线虫在湖北 (Wang *et al.*, 2017)、江苏 (冯辉等, 2017)、江西 (叶梦斐等, 2018)、海南 (罗激光等, 2018)、湖南 (吕军等, 2019) 等水稻种植区相继发生危害, 备受国内植物线虫界关注 (黄文坤等, 2018)。2019 年, 福建省福清市和福安市的直播稻区, 水稻苗期发生大面积的根结线虫病, 稻苗生长严重不良。本研究对根结线虫种进行形态学和分子生物学鉴定, 并基于系统发育树分析, 以明确其种类。

1 材料与方法

1.1 根结线虫种群的采集

2019 年 5 月, 在福建省福清市江镜镇玉仑村与福安市溪潭镇的上百亩直播稻的稻苗根系发生严重的根结线虫病害, 样本采集采用随机采样方法, 随机拔取 100 株植株, 观察植株发病率。并将采集根结样本分装进聚乙烯薄膜自封袋内, 带回实验室后进行处理。

1.2 线虫的分离与纯化

将采集的病根清洗干净, 在体视显微镜下检查根结。将根结中的单卵囊挑出, 接种于提前在灭菌沙土中培植的 3 叶期水稻根部, 在温室条件下培养, 接种 2 周后可见有根结产生, 正常水肥管理保存种群。纯化的种群用于形态测定及分子检测。形态测定的雌虫剖离于根结中, 雄虫挑自根结卵囊胶质物, 2 龄幼虫通过根结内挑取的卵囊在无菌水中孵化后收集获得。

1.3 线虫的形态观察和测量

通过配备 Nikon 相机 (DS-Ri1) 的显微镜 (Eclipse Ni-U 931609) 观察制作的线虫玻片。线虫的杀死、TAF 固定、会阴花纹等标本制作均参照张绍

升 (1999)。使用相机的配套软件进行拍摄并记录根结线虫各形态特征图片; 各形态测量值按照 De Man 公式利用软件进行测计。

1.4 线虫分子生物学鉴定

1.4.1 DNA 提取方法 冻融裂解法 (Liu *et al.*, 2011): 把挑到的单条 2 龄幼虫在 ddH₂O 清洗干净之后, 转移至装有 15 μL 线虫裂解液 WLB (50 mmol · L⁻¹ KCl, 10 mmol · L⁻¹ Tris pH 8.3, 2.5 mmol · L⁻¹ MgCl₂, 0.45% NP40, 4.5% Tween 20, pH = 8.3) 的 PCR 管内, 将 PCR 管在小型离心机快速离心后在液氮中浸泡约 1 min, 然后加 1.5 μL 蛋白酶 K (1.0 mg · mL⁻¹) 到管内。将 PCR 管放置于 PCR 仪中处理 (65 °C 温育 1 h, 95 °C 10 min)。

1.4.2 rDNA ITS 区片段的扩增和测序 使用 25 μL 反应体系: 模板 DNA 2 μL, 上游引物 (10 μmol · L⁻¹) 1 μL, 下游引物 (10 μmol · L⁻¹) 1 μL, PCR Mix (Premix Taq™, TAKARA) 12.5 μL, ddH₂O 8.5 μL。

ITS 区 (ITS1-5.8S-ITS2) 采用引物 TW81 (5'-GTTTCCGTAGGTGAACCTGC-3') 和 AB28 (5'-ATATGCTTAAGTTCAGCGGCT-3') 扩增 (Maafi *et al.*, 2003)。PCR 反应程序: 94 °C, 4 min; 94 °C, 30 s, 55 °C, 30 s, 72 °C, 60 s, 35 个循环; 72 °C, 5 min。

用 1% 的琼脂糖凝胶对 PCR 产物进行电泳, 确定目的性条带, 扩增产物寄送广州擎科公司回收、纯化、克隆, 获得目标基因序列。

1.4.3 序列提交、分析及系统发育树构建 按照相应序列提交步骤将得到的序列上传至 Genebank, 获取序列号。采用 MAFFT 比对, 选择 G-INS-I 模型进行多序列比对分析 (Katoh *et al.*, 2019)。将获得的 FASTA 文件在网址 <http://sing.ei.uvigo.es/ALTER/> 中转换格式, 选择 MrBayes 转换 nexus 格式, 选择 RAxML 转换 PHYLIP 格式。在 CIPRES Science Gateway (www.pholy.org) 平台上进行在线序列分析 (Miller *et al.*, 2010)。分别使用 MrBayes 3.2.6 on XSEDE (Ronquist & Huelsenbeck, 2003) 和 RAxML-HPC2 on XSEDE (Stamatakis *et al.*, 2017) 进行贝叶斯法与最大似然法分析。贝叶斯系统发育树分析采用 GTR+I+G 模式, 运算 5000000 代, 每运算 100

代对树形进行 Markov chains 采样,剔除初始 25% 采样;极大似然法分析采用 GTRCAT 模型,完成 1000 次自展重复。采用 Figtree v1.4.3 (Page, 1996) 和 dobe Illustrator CC 在贝叶斯 50% 多数原则一致树上标注自展值和后验概率。

1.4.4 特异性引物检测 在福清市与福安市的水稻区随机各采集 8 只雌虫,使用拟禾本科根结线虫特异性引物 Mg-F/Mg-R (5'-TTATCGCATCATTT-TATTTG-3', 5'-CGCTTTGTTAGAAAATGACCCT-3') 随机扩增单条雌虫 (Htay *et al.*, 2016), PCR 反应程序: 95 ℃, 4 min; 94 ℃, 30 s, 51 ℃, 30 s, 72 ℃, 30 s, 35 个循环; 72 ℃, 5 min; 4 ℃ 保存。以实验室番茄 *Lycopersicon esculentum* Mill. 上保存的南方根结线虫为对照, 以单条雌虫进行扩增。



图 1 拟禾本科根结线虫侵染水稻的症状特点

Fig.1 Symptoms of rice caused by *M. graminicola*

A: 福清玉仑村田间症状; B: 病苗; C, D: 根部根结症状。

A: Field symptoms in Yulun village of Fuqing; B: Diseased seedling; C, D: Galls on rice roots.

2.2 形态学鉴定

2.2.1 形态描述 雌虫球形或梨形,虫体大多尾尖突出明显(图 2A)。口针纤细,针锥向背面弯曲,中食道球发达,排泄孔位于中食道球后(图 2D)。会阴花纹整体近似圆形,背弓中等或低,无侧线。整体线纹连续且较为平滑,但在侧区常见细碎纹路,这些细碎纹将平滑连续的线纹截断,形成不规则的条沟,通常成对出现,分布在背面或两侧面,花纹形状显得不自然,似人为撕裂一般;多数会阴花纹腹线连续平滑,或有弯曲。尾端阴门区,无或有少量纹路。侧尾线孔小而明显,其之间距离相对较近,小于阴门裂长度(图 2B、C)。

雄虫:虫体蠕虫状,体环明显;头区低平,与体部无明显缢缩,骨化明显,有环纹。口针粗壮,针锥针杆界限明显,与口针基部球连接处稍变窄,基部

2 结果与分析

福清市与福安市的水稻区水稻根部根结线虫株发病率分别为 68% 与 75%;经形态与分子鉴定,均为拟禾本科根结线虫。

2.1 水稻根结线虫病主要症状特点

田间发病的水稻植株叶片萎蔫黄化,根系分蘖减少,与正常水稻比明显矮小(图 1A)。受害水稻根系生长严重衰退(图 1B),很多根尖膨大后发生扭曲变形,呈现典型的勾状结构,也有部分根为不规则状隆起或锤状。根结处生长出较细的侧根也会被根结线虫幼虫再次侵染,形成新根结(图 1C、D)。在体视镜下镜检,雌虫和大多数卵囊包埋在根结内,少数根表面有开裂,露出卵囊,卵囊胶质薄,卵粒松散。

球近圆形。中食道球明显,食道腺覆盖肠于腹面,排泄孔位于半月体下约 3 个体环处(图 2E)。精巢单条,前伸,精巢内充满精子(图 2F)。虫体中部侧区具有 4 条侧线(图 2G)。交合刺发达,尾端窄圆(图 2H)。

2 龄幼虫(second juvenile, J2):虫体细小,头部顶端平截,头区缢缩不明显;口针纤细,基部球近椭圆形。中食道球清晰,排泄孔紧靠半月体(图 2I)。尾部细长,末端尖细,有明显缺刻,可见狭长的透明区(图 2J、K)。体中部侧区可见 4 条间距不同的侧线(图 2L)。

2.2.2 形态测量 福安水稻与福清水稻上的根结线虫种群形态测量值见表 1。从两地采集的根结线虫种群形态特征与测量值均符合原始描述种 (Golden & Birchfield, 1965)。

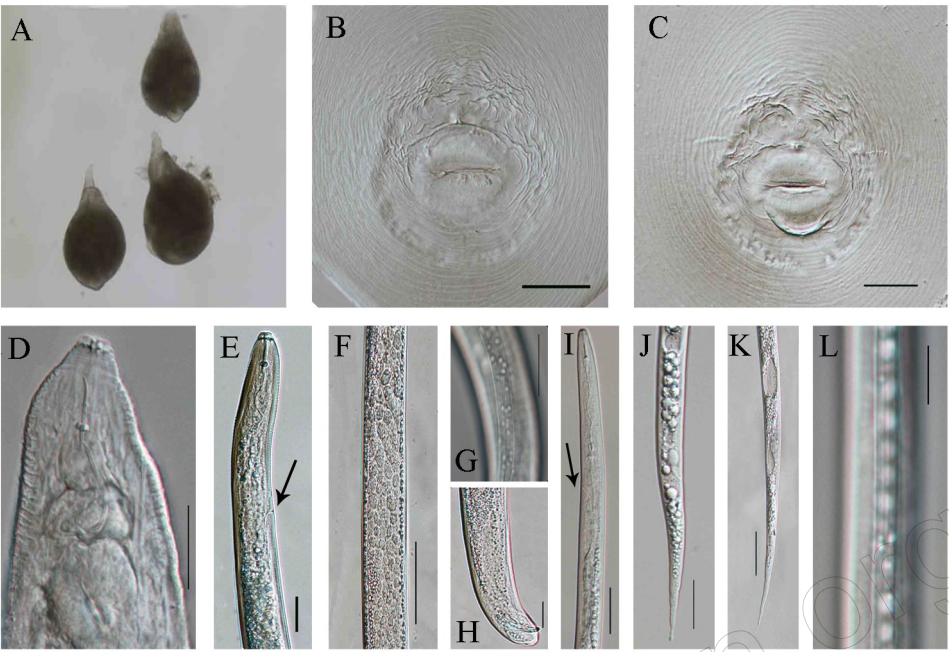


图 2 拟禾本科根结线虫雌虫、雄虫、2 龄幼虫形态特征

Fig.2 Morphological characters of females, males, J2 of *M. graminicola*

A: 雌虫整体观; B、C: 会阴花纹; D: 雌虫头部形态; E: 雄虫头部与食道 (箭头示排泄孔位置); F: 精巢内精子; G: 雄虫侧区; H: 雄虫尾部; I: 2 龄幼虫头部与食道 (箭头示排泄孔位置); J、K: 2 龄幼虫尾部; L: 2 龄幼虫侧区。B-L 比例尺: 20 μm。
A: Female whole body; B, C: Perineal pattern; D: Anterior end of female; E: Pharyngeal region of male (arrow shows excretory pore); F: Sperms in testis; G: Lateral region of male; H: Male tail; I: Anterior body of J2 (arrow shows excretory pore); J, K: Larvae tail of J2; L: Lateral field of J2. Scale of B-L: 20 μm.

2.3 分子生物学鉴定

2.3.1 基于 ITS-rDNA 的系统发育树构建 将福清水稻与福安水稻上的拟禾本科根结线虫种群 ITS 区测序结果上传至 GeneBank, 获得福安市溪潭镇水稻种群序列号 (MT159689/579 bp) 和福清市江镜镇水稻种群序列号 (MT159690/579 bp、MT159691/579 bp), 通过 NCBI 中 BLAST 进行比对, 与其他拟禾本科根结线虫分离种群相似性在 99%~100%。如图 3 所示, 依据比对结果挑选数据库中 29 条序列, 加上试验获得序列 3 条, 共 32 条序列, 外群种设为 *Pratylenchus thornei* (KR002683), 采用贝叶斯和极大似然法构建系统发育树, 进化树将福清水稻和福安水稻群体与福建南平 (HQ420902、HQ420903)、广东 (KR604732)、广西 (MN647545)、浙江 (KY660543)、海南 (KR604733)、缅甸 (KR604734、KR604736) 和印度 (HM623442) 种群归为一个分支, 表明实验室分离获得的福清水稻和福安水稻群体与其他拟禾本科根结线虫分离种群形成一个支持值高的支系 (PP/BS = 0.99/96), 可以确定其为拟禾本科根结线虫。

2.3.2 特异性引物检测 从福清水稻根部与福安水稻根部分离的根结线虫种群内随机挑取单雌虫,

经提取 DNA 后, 使用特异性引物 Mg-F/Mg-R 进行扩增, 均得到 369 bp 的目的条带 (图 4); 南方根结线虫对照组无条带, 确定其种群为单一种群, 均为拟禾本科根结线虫。

3 小结与讨论

本次在福清与福安地区的直播稻苗期上发现的根结线虫病, 经形态学与分子生物学鉴定为拟禾本科根结线虫, 这是福建省首次在直播稻上发现拟禾本科根结线虫危害。拟禾本科根结线虫能侵染旱稻、低洼地水稻、灌溉稻、深水稻, 严重制约亚洲部分国家或地区的水稻产量 (Mantelin *et al.*, 2017)。该线虫能在多种稻田生态环境存活, 但主要针对田间湿润或沙漏田、旱田等, 长期淹水条件不利其侵染与繁殖 (黄文坤等, 2018)。近年来, 拟禾本科根结线虫在中国多个省份稻区相继发生, 与水稻栽培模式改变, 特别与直播稻栽培技术推广有关。直播稻的优势在于节省劳动力, 但直播稻芽期水层薄、根系浅、透气性好, 适合该线虫侵染、繁殖、传播。针对我国直播稻种植面积的扩大, 拟禾本科根结线虫病应引起足够重视。

表 1 福安与福清水稻拟禾本科根结线虫种群雌虫、雄虫、2 龄幼虫的形态测量值
Table 1 Morphometric data of females, males, J2 of *M. graminicola* in Fu'an and Fuqing region of *O. sativa*

形态 Morphometrics	福安水稻上种群 Population in Fu'an			福清水稻上种群 Population in Fuqing		
	雌虫 Female	雄虫 Male	J2	雌虫 Female	雄虫 Male	J2
<i>n</i>	20	20	20	20	20	20
<i>L</i> /μm	564.0±26.4 (516.0~619.0)	1669.0±98.2 1464.0~1817.0	477.0±27.0 (428.0~535.0)	579.0±44.4 (535.0~624.0)	1769.0±137.2 (1632.0~1906.0)	462.0±35.2 (427.0~497.0)
<i>a</i>	1.6±0.1 (1.4~1.9)	37.3±4.2 (28.0~44.2)	27.5±1.9 (23.6~30.6)	1.6±0.1 (1.4~1.8)	33.9±18.5 (15.5~52.4)	25.6±6.5 (19.1~32.0)
<i>b</i>		10.6±1.3 (8.0~13.5)	4.8±0.3 (4.1~5.2)		7.6±0.8 (6.8~9.6)	5.2±0.5 (4.7~5.7)
<i>b'</i>		7.8±1.1 (6.3~10.5)	4.0±0.2 (3.5~4.4)		5.9±0.3 (5.6~6.1)	4.2±0.1 (4.0~4.3)
<i>c</i>			6.6±0.5 (5.9~7.7)			6.3±0.4 (5.9~6.7)
<i>c'</i>			6.3±0.5 (5.5~7.4)			6.1±0.6 (5.5~6.7)
Stylet length/μm	12.5±1.9 (12.1~14.8)	16.3±0.7 (15.0~17.7)	12.1±0.5 (11.3~13.6)	11.8±0.7 (11.0~12.5)	16.1±1.1 (14.9~17.2)	11.0±0.8 (10.1~11.8)
Stylet knob height/μm		2.1±0.3 (1.6~2.6)	0.9±0.1 (0.7~1.2)		2.7±0.4 (2.3~3.2)	1.3±0.3 (1.0~1.6)
Stylet knob width/μm		4.0±0.3 (3.3~4.5)	1.9±0.2 (1.5~2.2)		4.3±0.4 (3.8~4.7)	2.1±0.3 (1.8~2.5)
Lip region diam/μm		9.7±0.4 (8.9~10.2)	4.8±0.5 (4.3~6.0)		11.0±1.0 (10.0~11.9)	5.4±0.9 (4.6~6.3)
Lip region height/μm		4.7±0.4 (4.2~5.6)	2.4±0.4 (2.0~3.4)		5.0±0.6 (4.5~5.6)	1.7±0.2 (1.5~1.9)
DGO/μm	3.5±0.4 (3.0~4.2)	4.2±0.5 (3.5~4.8)	3.3±0.3 (2.4~3.8)	3.4±0.7 (3.7~5.0)	4.4±0.4 (3.9~4.8)	2.5±0.4 (2.1~2.8)
Max body diam/μm	375.0±22.7 (305.0~411.0)	45.2±5.0 (38.1~60.4)	17.5±1.8 (15.2~22.0)	367.0±43.1 (324.0~410.0)	52.9±7.5 (45.4~60.5)	18.3±2.3 (16.0~20.5)
Anal body diam/μm		17.9±1.7 (14.3~20.8)	11.5±0.9 (9.8~12.8)		20.4±2.1 (18.3~22.5)	12.3±1.5 (10.8~13.7)
Anterior end to pharyngo-intestinal junction/μm		160.0±18.9 (126.0~191.0)	100.0±6.1 (89.0~115.0)		233.0±9.8 (223.0~243.0)	90.0±6.9 (83.0~97.0)
Posterior end pharyngeal gland/μm		215.0±27.6 (170.0~252.0)	120.0±7.9 (106.0~137.0)		303.0±12.3 (291.0~315.0)	112.0±4.9 (108.0~117.0)
Excretory pore/μm		114.0±8.0 (102.0~131.0)	78.0±3.0 (72.0~86.0)		154.0±8.8 (145.0~163.0)	73.0±3.9 (69.0~77.0)
Spicule length/μm		28.2±3.4 (19.3~32.3)			27.3±3.1 (18.3~31.4)	
Tail/μm		10.1±1.2 (8.7~11.2)	72.3±3.3 (63.0~76.5)		9.9±1.3 (8.6~11.2)	73.9±7.3 (66.6~81.1)
PH-PH/μm	12.9±0.9 (11.4~14.8)			12.4±1.2 (11.2~13.6)		
VSL/μm	25.1±4.7 (8.6~29.3)			21.5±2.1 (19.4~23.7)		
A-PH/μm	9.4±1.2 (7.5~11.7)			9.7±2.5 (7.2~12.1)		
<i>H</i> /μm		19.5±1.8 (16.5~22.4)			18.3±2.1 (16.3~20.4)	
V-A/μm	18.2±2.9 (13.4~22.1)			15.3±3.6 (11.7~18.9)		

n: 测量虫数; *L*: 体长; *a*: 体长/最大体宽; *b*: 体长/食道与肠连接处至体前端的距离; *b'*: 体长/食道腺末端至体前端的距离; *c*: 体长/尾长; *c'*: 尾长/肛门处体宽; DGO: 背食道腺开口至口针基部球的距离; PH-PH: 两侧尾腺孔距离; VSL: 阴门裂长度; A-PH: 两侧尾线孔中间点至肛门距离; *H*: 尾部透明区长度; V-A: 阴门到肛门长度。

n: Number; *L*: Length; *a*: Length/max body width; *b*: Body length/head to the junction of esophagus and intestine; *b'*: Body length/head to the opening of dorsal esophageal gland; *c*: Body length/tail length; *c'*: Tail length/body length of anus; DGO: The distance from the opening of dorsal esophageal gland to the base ball of oral needle; PH-PH: Distance between bilateral caudate gland holes; VSL: Rima vulvae length; A-PH: Distance from middle point of tailline hole on both sides to anus; *H*: Tail transparent district; V-A: Length from vulva to anus.

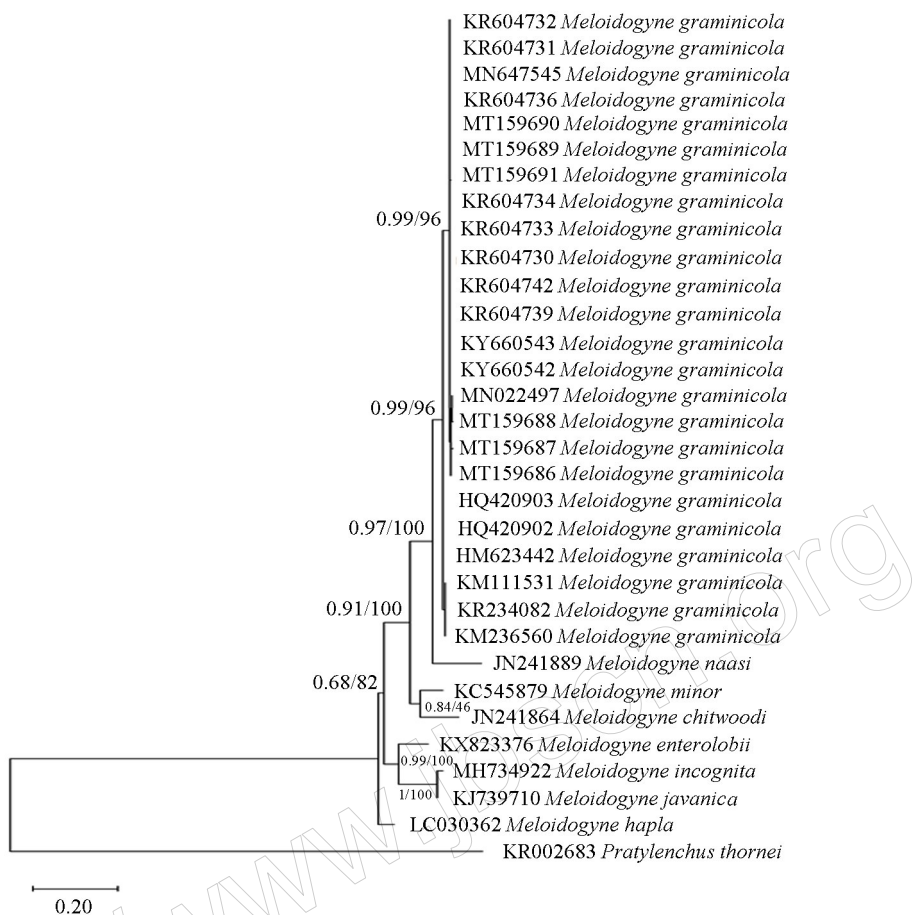


图 3 基于拟禾本科根结线虫 rDNA-ITS 构建的贝叶斯一致树

Fig.3 Bayesian consensus tree interfered from rDNA-ITS of *M. graminicola*

分支支持值为 PP/BS;PP 值为贝叶斯 (BI) 分析的后验概率估值;BS 值为极大似然法分析的自展值。
Branch support is indicated in the following order: PP value in BI analysis/BS value from ML analysis.

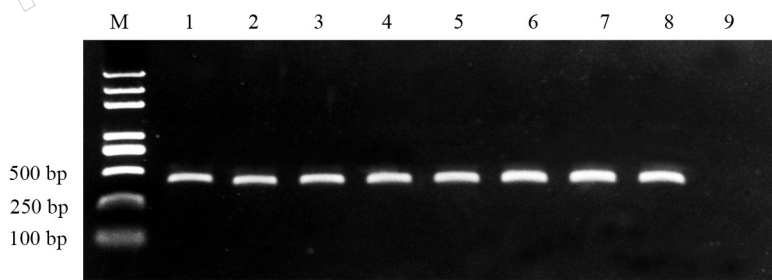


图 4 拟禾本科根结线虫特异性引物 Mg-F/Mg-R 扩增结果

Fig.4 Specific amplification using the primers Mg-F /Mg-R for *M. graminicola* populations

M;DNA Marker;1~4;福清水稻根结线虫种群条带;5~8;福安水稻根结线虫种群;9:南方根结线虫阳性对照。
M: DNA Marker; 1~4: Fuqing *O. sativa*; 5~8: Fu'an *O. sativa*; 9: CK (*M. incognita*).

拟禾本科根结线虫寄主范围广,可在禾本科、十字花科、茄科等 90 多种作物物和杂草上侵染危害,其中,田间或野外禾本科杂草可能是其最主要的初侵染来源。如拟禾本科根结线虫在福建省最早于 2011 年发现于南平市政和县的一溪床改造的沙漏田发现,田间调查表明,其侵染源为水沟中的杂草寄主油芒 *Spodiopogon sibiricus* Trin.、早熟禾

Poa annua L.、莎草 *Cyperus rotundus* L.等杂草寄主(刘国坤等,2011)。Zhou *et al.* (2015)在福建漳州地区的香蕉 *Musa nana* Lour.上,Chen *et al.* (2019)在福建莆田的韭菜 *Allium tuberosum* Rottler ex Sprengle 上均发现拟禾本科根结线虫,这 2 个新寄主上的拟禾本科根结线虫均可侵染水稻。这些结果都预示着拟禾本科根结线虫在福建省野外杂草

或一些作物寄主上可能广泛存在。鉴于拟禾本科根结线虫的经济危害性,应进一步加强对该线虫的寄主范围,特别是其野外寄主与分布的调研。

参考文献

- 冯辉, 聂国媛, 陈曦, 张金凤, 周冬梅, 魏利辉, 2017. 拟禾谷根结线虫江苏分离群体形态学和分子鉴定. 江苏农业学报, 33(4): 794–801.
- 黄文坤, 向超, 刘莹, 丁中, 彭德良, 2018. 水稻拟禾本科根结线虫发生与防治. 植物病理学报, 48(3): 289–296.
- 刘国坤, 王玉, 肖顺, 张绍升, 2011. 水稻根结线虫病的病原鉴定及其侵染源的研究. 中国水稻科学, 25(4): 420–426.
- 罗激光, 符美英, 芮凯, 王会芳, 陈锦才, 2018. 水稻根结线虫病的病原鉴定及同源性分析. 分子植物育种, 16(18): 6150–6155.
- 吕军, 余艺涛, 邱立新, 李奔奔, 谢群生, 吴猛香, 2019. 湖南平江县水稻根结线虫病发生调查及病原种类分子鉴定. 中国植保导刊, 39(8): 15–19.
- 叶梦斐, 孙晓棠, 张磊, 崔汝强, 2018. 江西水稻根结线虫病的发生及鉴定. 生物灾害科学, 41(1): 52–54.
- 张绍升, 1999. 植物线虫病害诊断与治疗. 福州: 福建科学技术出版社.
- 赵洪海, 刘维志, 梁晨, 段玉玺, 2001. 根结线虫在中国的一新纪录种——拟禾本科根结线虫 *Meloidogyne graminicola*. 植物病理学报, 31(2): 184–188.
- CHEN J W, CHEN S Y, NING X L, SHI C H, CHENG X, XIAO S, LIU G K, 2019. First report of *Meloidogyne graminicola* infecting Chinese Chive in China. *Plant Disease*, 103(11): 2967.
- HTAY C C, PENG H, HUANG W, KONG L, PENG D, 2016. The development and molecular characterization of a rapid detection method for rice root-knot nematode (*Meloidogyne graminicola*). *European Journal of Plant Pathology*, 146(2): 281–291.
- GOLDEN A M, BIRCHFIELD W, 1965. *Meloidogyne graminicola* (Heteroderidae), a new species of root-knot nematode from grass. *Proceedings of the Helminthological Society of Washington*, 32(2): 228–231.
- KATOH K, ROZEWICKI J, YAMADA K D, 2019. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics*, 20(4): 1160–1166.
- LIU G K, CHEN J, XIAO S, ZHANG S S, PAN D M, 2011. Development of species-specific PCR primers and sensitive detection of the *Tylenchulus semipenetrans* in China. *Agricultural Sciences in China*, 10(2): 252–258.
- MAAFI Z T, SUBBOTIN S A, MOENS M, 2003. Molecular identification of cyst-forming nematodes (Heteroderidae) from Iran and a phylogeny based on ITS-rDNA sequences. *Nematology*, 5(1): 99–111.
- MANTELIN S, BELLAFFIORE S, KYNDTT, 2017. *Meloidogyne graminicola*: a major threat to rice agriculture. *Molecular Plant Pathology*, 2017, 18(1): 3–15.
- MILLER M A, PFEIFFER W, SCHWARTZ T, 2010. Creating the CIPRES science gateway for inference of large phylogenetic trees. *Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*: 1–8.
- PAGE R, 1996. Tree view: an application to display phylogenetic trees on personal computers. *Bioinformatics*, 12(4): 357–358.
- RONQUIST F, HUELSENBECK J P, 2003. MrBayes 3: bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19(12): 1572–1574.
- STAMATAKIS A, HOOVER P, ROUGEMONT J, 2017. A rapid bootstrap algorithm for the RAxML web servers. *Systematic Biology*, 57(5): 758–771.
- WANG G F, XIAO L Y, LUO H G, PENG D L, XIAO Y N, 2017. First report of *Meloidogyne graminicola* on rice in Hubei Province of China. *Plant Disease*, 101(6): 1056–1057.
- ZHOU X, LIU G K, XIAO S, ZHANG S S, 2015. First report of *Meloidogyne graminicola* infecting banana in China. *Plant Disease*, 99(3): 420.

(责任编辑:郭莹)