

台灣地區葡萄園鞘線蟲 *Hemicriconemoides parasinensis* (Nematoda: Criconematoidea, Criconematidae) 之鑑定

陳殿義¹ 倪蕙芳² 蔡東纂³ 顏志恒^{4,5}

¹ 台中縣 行政院農業委員會農業試驗所 植物病理組

² 嘉義市 行政院農業委員會農業試驗所嘉義分所 植物保護系

³ 台中市 國立中興大學植物病理學系

⁴ 台中市 國立中興大學農業推廣中心

⁵ 聯絡作者，電子郵件：JHYen@nchu.edu.tw，傳真：+886-4-2286-0267

接受日期：中華民國 97 年 7 月 2 日

摘要

陳殿義、倪蕙芳、蔡東纂、顏志恒. 2008. 台灣地區葡萄園鞘線蟲 *Hemicriconemoides parasinensis* (Nematoda: Criconematoidea, Criconematidae) 之鑑定. 植病會刊 17: 315-320.

自 2007 年 6 月起，從台灣葡萄專業區的根圈土壤中分離鑑定 4 個種群 *Hemicriconemoides parasinensis* Chen & Liu 2003，此一鞘線蟲為台灣地區的新記錄種，且為葡萄作物上的首次發現。各鞘線蟲種群之鑑定依據包括光學和電子顯微鏡 (SEM) 的形態特徵觀察和形態測量值 (morphometrics) 比對，並輔以包括完整 5.8S 基因、內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2 及部分 18S 和 28S 基因的核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段序列相同度比對分析。本研究為首次在 GenBank 中登錄 *H. parasinensis* 的 rDNA 片段代表性序列，序列大小為 1052 bp，其中 ITS-1、ITS-2 及 5.8S 的序列依序分別為 378 bp、218 bp 及 156 bp。

關鍵詞：葡萄、鞘線蟲、鑑定、核糖體 DNA、*Hemicriconemoides parasinensis*

世界主要葡萄 (grape, *Vitis vinifera* L.) 產區的植物寄生性線蟲 (plant-parasitic nematode) 種類以根瘤線蟲 (*Meloidogyne* spp.)、根腐線蟲 (*Pratylenchus* spp.)、柑桔線蟲 (*Tylenchulus semipenetrans*)、針線蟲 (*Longidorus* spp.)、劍線蟲 (*Xiphinema* spp.)、環紋線蟲 (*Criconemella* spp.) 及釘線蟲 (*Paratylenchus* spp.) 等為最普遍^(1, 10, 13)。台灣地區最早有關於葡萄園中的植物寄生線蟲種類調查記錄為黃氏等 (1972) 之報告⁽¹¹⁾，其中記載包含鞘線蟲 (sheath nematode, *Hemicriconemoides* spp.) 等共 15 個線蟲屬 (genus)。林和蔡氏 (1984) 調查苗栗、台中、彰化及南投縣等 4 個地區葡萄園中的線蟲相⁽¹²⁾，總計有 11 屬植物寄生性線蟲，其中以 *Meloidogyne* spp. 出現之頻率 (frequency)、密度 (density) 及顯著值 (prominence value) 最高，而在苗栗和南投二縣，鞘線蟲的上述 3 個調查值皆僅次於根瘤

線蟲。陳氏等 (1997) 進行台灣中部地區觀光葡萄園區的線蟲相調查⁽²⁾，結果發現在南投縣信義及豐丘二地區，鞘線蟲分離的相對頻率 (relative frequency) 僅次於柑桔線蟲，其他依序為根瘤線蟲、根腐線蟲及釘線蟲，但在彰化縣溪湖和大村二地區則皆未發現到鞘線蟲，該報告另針對信義鄉豐丘地區的一個鞘線蟲種群有初步的形態測量資料。

近年來，陳氏等⁽⁷⁾ 針對從台灣地區主要產茶園區所分離到 9 個鞘線蟲 (*Hemicriconemoides* spp.) 種群 (populations)，以光學顯微鏡和低溫場放射掃描式電子顯微鏡 (cryo-field emission scanning electron microscope) 的線蟲體內外構造特徵觀察、雌雄蟲的形態測量值 (morphometrics) 比對後，再輔以核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段鹼基序列的相同度比較分析的方法，確定其中 6 個種群為 *H. kanayaensis*

Nakasono & Ichinoe, 1961, 3 個種群為台灣地區新記錄種 *H. californianus* Pinochet & Raski, 1975。自 2007 年 6 月起, 筆者陸續由南投縣水里鄉 (shuili) 上安、信義鄉 (Shinyi) 信義, 以及苗栗縣卓蘭鎮 (Jhuolan) 內灣等 3 個地區的葡萄園中, 總計收集 4 個鞘線蟲供試種群, 初步於解剖顯微鏡下即可觀察到其形態特徵和上述茶園所發現的二種鞘線蟲有顯著不同。利用前述陳氏等的同樣鑑定方法, 判定該 4 個鞘線蟲種群為同一種類, 而其形態測量值經文獻資料比對確定為 *H. parasinensis* Chen & Liu 2003⁽⁹⁾, 而該種鞘線蟲為台灣地區的新記錄種, 且為葡萄作物上的首次記錄, 茲將鑑定方法及結果詳述如後。

4 個鞘線蟲供試種群 (表一, 編號代碼分別為 Hpar1-4) 分別來自南投縣水里和信義, 以及苗栗縣卓蘭地區。線蟲採集方法為在各專業區選取數個葡萄園, 以小型鐵鏟挖取葡萄園中相鄰的 2-3 植株的根圈土壤, 約 2 公斤左右, 混合均勻後, 以改良式柏門氏漏斗分離法進行線蟲分離, 先於解剖顯微鏡下檢視有無鞘線蟲及其蟲口數量大小, 再於上述 3 個地區共選取 4 個蟲口數量足以供後續形態鑑定、總量基因體 (total genomic DNA) 萃取及線蟲樣本保存的園區進行鞘線蟲種群的種類鑑定。關於鞘線蟲形態鑑定所需線蟲樣本的製備和保存, 以及線蟲形態構造的測量項目和步驟方法與陳氏等⁽⁷⁾ 之報告相同, 另線蟲體表構造是以低溫場放射掃描式電子顯微鏡進行觀察⁽⁶⁾。鞘線蟲總量基因體的萃取方法、rDNA 片段序列 (包含完整 5.8S 基因和內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2, 以及部分 18S 和 28S 基因) 的 PCR 增幅、選殖和解序等則依陳氏等⁽⁴⁾ 之方法, 至於種內各種群間及與已知鞘線蟲種間的 rDNA 片段序列相同度比較分析, 其所採用的分析軟體和參數設定值皆和陳氏等⁽⁹⁾ 之報告相同。

H. parasinensis 的 rDNA 片段代表性序列 (一致性序列, consensus sequence) 的產生方式是從 Hpar1 和 Hpar3 中, 依序各挑取 2 個和 3 個選殖體進行定序, 共獲得 5 條 rDNA 片段原始序列, 再由此 5 條序列以 Pretty program (GCG, SeqWeb 3.1.2 版) 進行同時多條序列比對 (multiple sequences alignment), 由此方法產生的一致性序列再經由人為檢視修正後為 *H. parasinensis* 之 rDNA 片段代表性序列 (1052 bp, GenBank, Accession No. EU664601)。

關於 *H. parasinensis* 的 rDNA 片段之代表性序列中的 5.8S 基因、ITS-1 及 ITS-2 的各別序列區間的推測範圍, 其方法是經由和 GenBank 中所登錄之 4 種釘線蟲 *Gracilacus bilineata* (1036 bp, Accession No. EU247525)⁽⁸⁾、*G. aculeata* (1021 bp, Accession No.

EU247526)⁽⁸⁾、*Paratylenchus lepidus* (1026 bp, Accession No. EF126178)⁽⁵⁾ 及 *P. minutus* (1052 bp, EF126180) (未發表資料) 等共 4 個 rDNA 片段序列, 以 BestFit program (GCG, SeqWeb 3.1.2 版) 進行成對比對後所推估得來。各種群間之形態測量值差異分析是以 SAS 統計分析軟體 GLM 程序 (1999, V8.2) 進行變方分析。

由台灣地區 2 個主要葡萄產區的植株根圈土壤中可分離到鞘線蟲 *H. parasinensis* 雌蟲, 但未發現雄蟲存在。鑑定雌蟲的主要形態測量平均值 (表一), 除 Hpar1 的 b 和 Tail 二項, Hpar3 的 L 項, 以及 Hpar4 的 Rv 項平均值分別和其餘 3 種群間有顯著差異外 ($P < 0.01$), 其餘各項的測量平均值在 3 種群間的差異不明顯, 另其中有 a、stylet、VL、VW、ABW 及 R 等共 6 項的測量平均值在各種群間皆無顯著差異。

經福馬林溶液固定後之 *H. parasinensis* 雌蟲體型為長圓筒狀, 最大體寬約 31 μm (27-40 μm), 體環明顯, 頭部和尾部兩端均呈鈍圓狀 (圖一、A)。頭端呈圓形, 唇部與蟲體相連無明顯縮縮, 具有二個體環, 第一個體環外緣呈現圓滑狀, 其直徑略小於或等於第二個體環 (圖一、B; 圖二、A 和 B)。口針粗壯, 口針結球前緣略向前突出, 類似船錨狀, 其橫寬度約 6.2 μm (5.3-7.5 μm); 排泄孔 (excretory pore) 位於長梨形之後部食道腺體球 (post-oesophageal gland bulb) 的底部附近 (圖一、C)。尾部部分的陰門 (vulva) 和肛門 (anus) 的開口位置明顯, 二者構造間的體環數目約為 2-3 個; 陰門開口兩側無陰門蓋 (vulva flap); 受精囊 (spermatheca) 為圓形或卵圓形, 充滿精子 (圖一、A 和 D; 圖二、C 和 D)。

在 *H. parasinensis* 的 rDNA 片段序列比對上, 5 個選殖體定序後之原始序列大小為 1052-1057 bp, 與其代表性序列 (1052 bp) 間的相同度為 97.5-99.8%, 其平均值為 98.9%, 而 *H. parasinensis* 的 ITS-1、ITS-2 及 5.8S 的序列大小, 依序分別為 378 bp、218 bp 及 156 bp。

在本研究中, 雖然 Hpar1 的 b 和 Tail 二項, Hpar3 的 L 項, 以及 Hpar4 的 Rv 項平均值分別和其餘 3 種群間有顯著差異, 但因其測量值的範圍間皆有重疊情形, 且其餘測量項目之平均值與其他各群間的差異不顯著或無差異, 以及 Hpar1 和 Hpar3 的 rDNA 片段原始序列和其代表性序列的相同度平均值達 98.9%, 因此認定本研究依形態測量值所鑑定的 4 個線蟲種群均為同一種鞘線蟲 *H. parasinensis*。

從台灣地區所分離鑑定的 4 個 *H. parasinensis* 供試種群, 其形態測量的平均值與在中國遼寧省 (Liaoning) 的副模標本 (paratypes) 較為吻合, 只有總體環數 (R)

表一、台灣葡萄園區 *Hemicriconemoides parasinensis* 雌蟲之形態測量值及中國地區副模標本之測量值

Table 1. The morphometrics of *Hemicriconemoides parasinensis* female populations of Taiwan grape plantations and paratypes from China

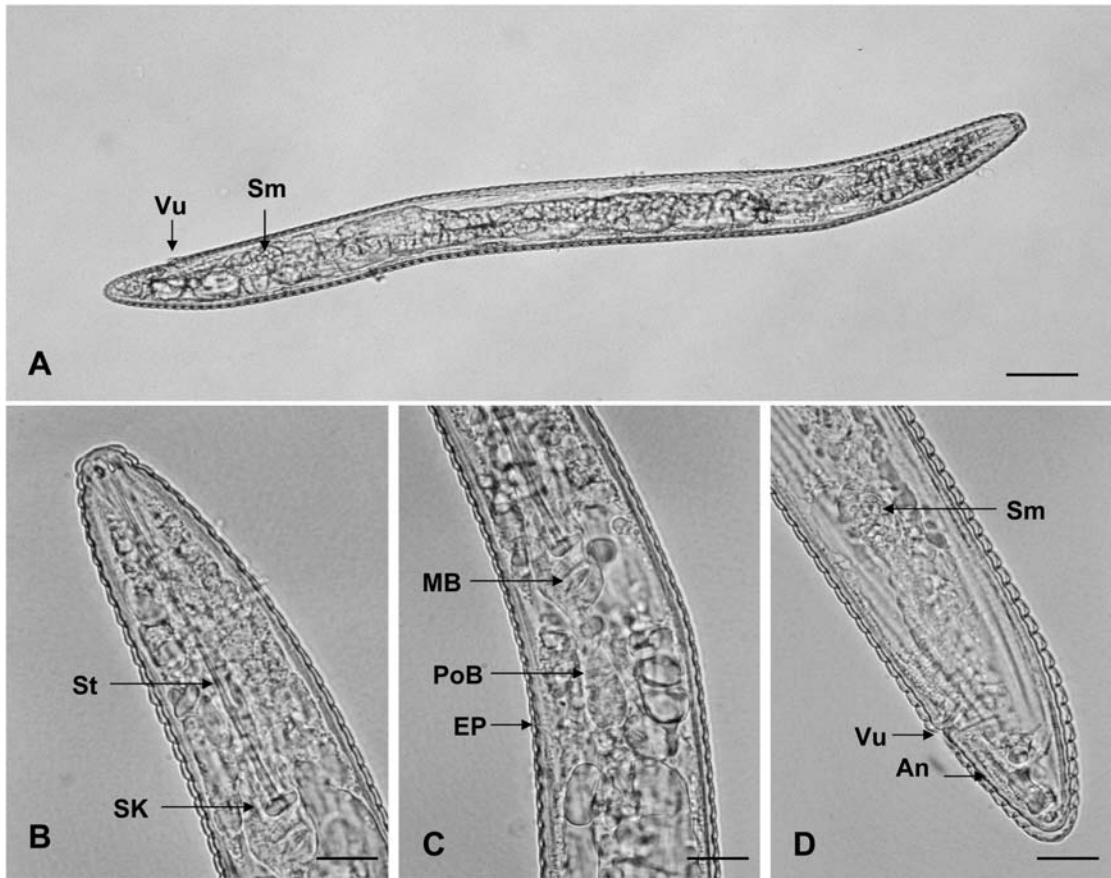
Character ¹	Location (Code)					
	Shuili (Hpar1)	Shinyi (Hpar2)	Jhuolan (Hpar3)	Jhuolan (Hpar4)	Liaoning, China ⁴ (paratypes)	Henan,China ⁴ (paratypes)
n	16	15	15	12	20	21
L (mm)	0.41 ± 0.02 ² b ³ (0.37-0.45)	0.40 ± 0.02b (0.34-0.44)	0.44 ± 0.03a (0.37-0.48)	0.41 ± 0.02b (0.38-0.45)	0.405 ± 0.026 (0.354-0.448)	0.482 ± 0.022 (0.426-0.516)
a	13.1 ± 1.2a (11.5-15.2)	13.4 ± 0.9a (12.1-14.6)	13.7 ± 1.1a (11.8-15.2)	13.5 ± 1.0a (11.9-15.0)	12.7 ± 0.9 (10.7-13.8)	14.0 ± 0.9 (12.1-15.4)
b	3.5 ± 0.2b (3.2-3.8)	-	3.7 ± 0.1a (3.4-3.8)	3.3 ± 0.3b (3.0-3.6)	3.3 ± 0.2 (2.9-3.5)	3.8 ± 0.2 (3.4-4.2)
c	24.8 ± 4.2a (19.0-33.6)	21.8 ± 4.0ab (17.5-30.9)	21.9 ± 2.2ab (18.4-27.5)	20.6 ± 2.9b (16.5-24.7)	23.4 ± 4.4 (19.3-32.8)	22.6 ± 4.3 (15.4-32.3)
c'	0.9 ± 0.1b (0.6-1.2)	1.0 ± 0.1ab (0.8-1.2)	1.1 ± 0.1a (0.9-1.3)	1.1 ± 0.1a (0.9-1.3)	0.8 ± 0.1 (0.6-1.0)	1.0 ± 0.2 (0.7-1.3)
V (%)	92.1 ± 0.7a (91.1-93.4)	91.7 ± 0.6ab (90.8-92.5)	91.6 ± 0.4ab (90.8-92.3)	91.0 ± 0.7b (89.6-92.1)	92.4 ± 0.7 (91.0-93.9)	91.7 ± 0.6 (90.4-93.0)
Styilet (μm)	82.6 ± 3.8a (73.7-88.7)	86.0 ± 3.4a (78.0-90.3)	85.8 ± 4.1a (75.3-90.0)	83.9 ± 4.6a (76.0-92.0)	83.7 ± 2.6 (76-86)	86.3 ± 2.7 (80-92)
EP (μm)	113 ± 10b (92-129)	124 ± 9ab (105-132)	126 ± 11a (101-146)	126 ± 12a (108-148)	122.1 ± 7.9 (96-132)	137.4 ± 5.2 (128-148)
P	27.4 ± 2.9b (22.4-31.9)	31.0 ± 2.0a (26.9-32.7)	28.9 ± 2.7ab (23.0-34.0)	31.2 ± 2.2a (28.4-36.5)	30.2 ± 1.8 (25.3-32.8)	28.5 ± 1.3 (26.3-31.5)
VL (μm)	30 ± 3a (25-37)	33 ± 3a (23-37)	35 ± 4a (27-40)	35 ± 3a (31-38)	-	-
VW (μm)	25 ± 2a (22-29)	23 ± 2a (18-25)	24 ± 2a (21-29)	23 ± 1a (20-25)	25.1 ± 2.3 (20-30)	27.7 ± 1.7 (24-30)
VL/VW	1.2 ± 0.1b (1.0-1.4)	1.4 ± 0.1a (1.2-1.6)	1.5 ± 0.1a (1.2-1.7)	1.5 ± 0.1a (1.2-1.7)	-	-
Tail (μm)	17 ± 3b (11-21)	19 ± 4a (11-24)	20 ± 2a (16-25)	20 ± 3a (16-24)	16.4 ± 3.0 (10-22)	22.0 ± 3.9 (16-32)
ABW (μm)	19 ± 2a (16-22)	18 ± 2a (14-20)	19 ± 2a (17-22)	18 ± 2a (15-22)	19.4 ± 2.1 (14-22)	22.8 ± 1.7 (20-26)
R	105.0 ± 3.3a (101-113)	106.3 ± 3.2a (99-110)	105.9 ± 2.7a (102-112)	106.6 ± 1.7a (103-109)	101 ± 3.5 (96-110)	105 ± 3.7 (97-112)
Rex	30.7 ± 1.6b (28-33)	32.7 ± 1.5a (31-35)	31.5 ± 0.8ab (30-33)	31.8 ± 1.1ab (30-33)	31 ± 1.8 (29-33)	31 ± 1.3 (29-33)
Rv	9.1 ± 0.8d (8-10)	9.7 ± 0.7cd (9-11)	9.9 ± 0.8bc (7-11)	10.7 ± 0.7a (10-12)	9 ± 0.7 (7-10)	10 ± 0.8 (9-12)
Ran	5.6 ± 0.8b (4-7)	6.3 ± 1.0ab (5-8)	6.1 ± 0.7ab (4-7)	6.8 ± 0.6a (6-8)	5 ± 0.6 (4-6)	6 ± 0.9 (4-7)

¹ Additional to the De Manian formula, the following symbols are used: EP = the distance from excretory pore to the anterior end of body; p = ratio between the length of EP and body length in %; VL= distance from vulva to tail end; VW = body width at vulval position; VL/VW = distance from vulva to terminus divided by body width at vulva; ABW = anal body width; R = total number of body annules; Rex = number of annules between anterior end of body and excretory pore; Rv = number of annules between posterior end of body and vulva; Ran = number of annules on tail.

² Measurements in each column: mean ± standard deviation (population range), “-” = no data.

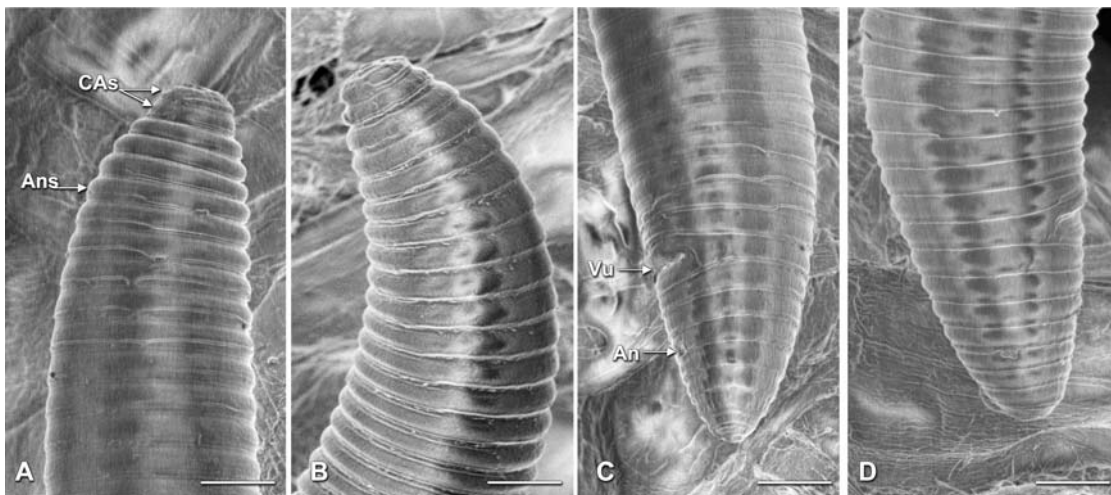
³ Data in each row with the same letter were not significantly different at 1% level by LSMEANS/TDIFF.

⁴ Chen, L. J., and Liu, W. Z. 2003⁽⁷⁾



圖一、*Hemicriconemoides parasinensis* 雌蟲之光學影像形態：A, 蟲體固定時形態 (Sm, 受精囊；Vu, 陰門)；B, 頭端部分 (SK, 口針結球；St, 口針)；C, 中段部分 (EP, 排泄孔；MB, 中部食道球；PoB, 後部食道腺體)；D, 後端部分 (An, 肛門；Sm, 受精囊；Vu, 陰門)。比例尺長度：A = 10 微米；B-D = 30 微米。

Fig. 1. Photomicrographs of female *Hemicriconemoides parasinensis*, A, Fixed Whole female (Sm, spermatheca; Vu, vulva); B, Anterior region (SK, stylet knob; St, stylet); C, Middle region (EP, excretory pore; MB, median bulb; PoB, post-oesophageal bulb); D, Posterior region (An, anus; Sm, spermatheca; Vu, vulva). Scale bars in A = 10 μ m; B-D = 30 μ m.



圖二、*Hemicriconemoides parasinensis* 雌蟲之 SEM 影像形態：A 和 B 頭端部分 (Ans, 體環；CAs, 唇部體環)；C 和 D, 尾端部分 (An, 肛門；Vu, 陰門)。比例尺長度：圖 A-D 皆為 10 微米。

Fig. 2. SEM photomicrographs of female *Hemicriconemoides parasinensis*, A & B, Anterior region (Ans, annules; CAs, cephalic annules); C & D, Tail region (An, anus; Vu, vulva). Scale bar 10 μ m in all pictures.

一項有較大差異 (105.0-106.6 vs. 101)，但是二者的測量值範圍重疊 (99-113 vs. 96-110)，和河南省 (Henan) 的副模標本比較，其測量平均值只有在體長 (L)、頭端至排泄孔位置的長度 (EP) 及肛門位置的體寬 (ABW) 等三項有較大差異，但同樣地，其測量值範圍重疊。*H. parasinensis* 的頭尾端形態和 Vovlas 氏 (1988)⁽¹⁴⁾ 於中國河南省鄭州 (Zhengzhou) 地區的葡萄根圍土壤中所分離鑑定的新種 (new species) 鞘線蟲 *H. sinensis* 非常相近，而二種鞘線蟲的主要差異在於 *H. parasinensis* 口針長度的平均值明顯較小 (82.6-86.0 μm vs. 100.5 μm)、總體環數目 (R) 較少 (105.0-106.6 vs. 125) 及排泄孔至頭端間的體環數目 (Rex) 顯著較少 (30.7-32.7 vs. 39)。

H. parasinensis 的外觀形態特徵和台灣地區茶園所分離鑑定的鞘線蟲 *H. kanayaensis* 和 *H. californianus* 的最主要差異在於尾部形態，*H. kanayaensis* 的尾部呈現長棍棒狀，而 *H. californianus* 為長圓錐形，尾端尖細。至於在 rDNA 代表性序列的比較上，*H. parasinensis* 和前述二種鞘線蟲的相同度依序分別為 86.4% 和 92.1%。截至目前，GenBank (NCBI, National center for biotechnology information, U.S.) 序列資料庫中，另登錄有其他 5 種鞘線蟲的 rDNA 片段序列資料，但皆僅為 28S 或 18S 基因的部分序列資料。本研究為首次登錄 *H. parasinensis* 的完整 5.8S 基因和內轉錄區間 ITS-1 和 ITS-2，以及部分 18S 和 28S 基因的序列資料，而該 rDNA 片段序列可做為該種鞘線蟲的分子標誌或生命條碼 (barcode of life)。

謝 辭

本研究承農委會農業藥物毒物試驗所蘇秋竹博士和李祈益先生提供掃描式電子顯微鏡之相關儀器和技術支援；本所作物組試驗統計研究室呂椿棠博士協助數據統計分析，特致謝忱。

引用文獻 (LITERATURE CITED)

1. Brown, D. J. F., Dalmasso, A., and Trudgill, D. L. 1993. Nematode pests of soft fruits and vines. Pages 427-462 in: Plant Parasitic Nematodes in Temperate Agriculture. K. Evans, D. L. Trudgill, and J. M. Webster eds. CAB international, Wallingford, 648 pp.
2. Chen, D. Y., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 1997. An investigation on species and distribution of plant-parasitic nematode in sight-seeing vineyards in central part of Taiwan. Plant Prot. Bull. 39: 397-398. (Chinese abstract)
3. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2004. Variability within *Xiphinema elongatum* populations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 13: 45-60. (in Chinese with English abstract)
4. Chen, D. Y., Chen, R. S., Yen, J. H., Tsay, T. T., and Ni, H. F. 2006. Species of spiral nematode and lance nematode (Nematoda: Hoplolaiminae) identified in Taiwan and Kinmen. Plant Pathol. Bull. 15: 25-38. (in Chinese with English abstract)
5. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2007. Identification of a new recorded pin nematode, *Paratylenchus lepidus*, (Nematoda: Criconelematoidea, Tylenchulidae) among tea plantations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 16: 41-46. (in Chinese with English abstract)
6. Chen, D. Y., Ni, H. F., and Tsay, T. T. 2007. Identification of a new recorded stunt nematode *Tylenchorhynchus zae* (Nematoda: Belonolaimidae) in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 16: 79-86. (in Chinese with English abstract)
7. Chen, D. Y., Ni, H. F., Yen, J. H., and Tsay, T. T. 2007. Identification of *Hemicriconelemoides kanayaensis* and *H. californianus* (Nematoda: Criconelematoidea, Criconelematidae) among tea plantations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 16: 181-192. (in Chinese with English abstract)
8. Chen, D. Y., Ni, H. F., Tsay, T. T., and Yen, J. H. 2008. Identification of *Gracilacus bilineata* and *G. aculeata* (Nematoda: Criconelematoidea, Tylenchulidae) among bamboo plantations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 17: 209-220 (in Chinese with English abstract)
9. Chen, L. J., and Liu, W. Z. 2003. Description of *Hemicriconelemoides parasinensis* sp. nov. from China (Nematoda: Criconelematoidea). Acta Phytopathol. Sinica 33: 391-395.
10. Ferris, H., and Mckenry, M. V. 1976. Nematode community structure in a vineyard soil. J. Nematol. 8: 131-137.
11. Huang, C. S., Tsai, Y. P., Tu, C. C., Lin, Y. Y., and Huang, S. P. 1972. Plant parasitic nematodes in Taiwan, monograph series No. 1. Institute of Botany, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, ROC, 61 pp. (in Chinese with English abstract)
12. Lin, Y. Y., and Tsay, T. T. 1984. Distribution of plant-parasitic nematodes in Taiwan vineyards. J. Chinese Soc. Hort. Sci. 30: 173-179. (in Chinese with English abstract)
13. Tsay, T. T., and Lin, Y. Y. 1985. Distribution of root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) in Taiwan vineyards and the spread of infestations. J. Chinese Soc. Hort. Sci. 31: 94-104. (in Chinese with English abstract)
14. Vovlas, N. 1988. *Hemicriconelemoides sinensis* sp. n. (Nemata: Criconelematidae) from China. Revue Nematol. 11: 25-28.

ABSTRACT

Chen, D. Y.¹, Ni, H. F.², Tsay, T. T.³, and Yen, J. H.^{4,5}. 2008. Identification of a new recorded sheath nematode *Hemicriconemoides parasinensis* (Nematoda: Criconematoidea, Criconematidae) from grape plantations in Taiwan. *Plant Pathol. Bull.* 17: 315-320. (¹Plant Pathology Division, Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan; ²Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, ARI, Taiwan; ³Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan; ⁴Agricultural Extension Center, NCHU, Taichung, Taiwan; ⁵Corresponding author, E-mail: JHYen@nchu.edu.tw, Fax: +886-4-2286-0267)

Four populations of *Hemicriconemoides* spp. have been isolated by modified Baermann funnel method from the rhizosphere soil of grape plants from 4 plantations in Taiwan since June, 2007. Comparisons of the morphology, morphometrics and ribosomal DNA fragment sequences (including full 5.8S gene, ITS-1, ITS-2 and partial 18S and 28S gene) have identified the 4 populations as *H. parasinensis* Chen & Liu 2003. *H. parasinensis* was the first report in Taiwan. The representative sequences of rDNA fragment of *H. parasinensis* was 1052 bp, and were submitted firstly to GenBank.

Key words: grape, sheath nematode, identification, ribosomal DNA, *Hemicriconemoides parasinensis*