

# 台灣地區茶園釘線蟲新記錄種 *Paratylenchus lepidus* (Nematoda : Criconematoidea, Tylenchulidae) 之鑑定

陳殿義<sup>1</sup> 倪蕙芳<sup>2</sup> 顏志恒<sup>3</sup> 蔡東纂<sup>4,5</sup>

<sup>1</sup> 台中縣 行政院農業委員會農業試驗所 植物病理組

<sup>2</sup> 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

<sup>3</sup> 台中市 國立中興大學農業推廣中心

<sup>4</sup> 台中市 國立中興大學植物病理學系

<sup>5</sup> 聯絡作者：電子郵件：ttsay@nchu.edu.tw，傳真：+886-4-22876712

接受日期：中華民國 95 年 12 月 30 日

## 摘要

自 2005 年 4 月起，從台灣六個主要茶專業區（共五個縣）的根圈土壤中共分離鑑定 6 群 *Paratylenchus lepidus* Raski, 1975，此一釘線蟲為台灣地區的新記錄種。各群釘線蟲之種類鑑定依據外觀形態、形態測量值 (morphometrics) 及核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段 (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) 的序列相同度比對分析，輔證形態分類結果。本研究提供更多完整的形態測量值 (包括 b'、VL/VW、m、P、VL 及 VW 等共 6 項) 和 SEM 外觀形態方面資料，並首次在 GenBank 中登錄 *P. lepidus* 的 rDNA 片段代表性序列。

關鍵詞：釘線蟲、茶、線蟲鑑定、核糖體 DNA、*Paratylenchus lepidus*、*Camellia* sp.

依據 Raski 和 Luc 二氏的分類方法，釘線蟲 (pin nematode, *Paratylenchus* Micoletzky, 1922) 的分類地位屬於 Criconematoidea Taylor, 1936 總科 (superfamily) 下的 Tylenchulidae Skarbilovich, 1947 科 (family) 中，而該屬線蟲的有效種類已達 63 種<sup>(14)</sup>。*Paratylenchus* 雌蟲的主要形態特徵為個體極小，長度小於 0.5 mm；蟲體細長型，靠近陰門前段部位沒有膨大情形；口針 (stylet) 長度屬於中小型，長度介於 12-40  $\mu$ m；排泄孔 (excretory pore) 位置介於神經環 (nerve ring) 和基部食道球 (basal bulb) 與腸 (intestine) 銜接處之間。

*Paratylenchus* 主要以外寄生潛移性 (migratory ectoparasite) 方式寄生於寄主植物的根部，其寄主植物種類繁多。*P. bukowinensis* Micoletzky, 1922 感染荷蘭芹 (parsley) 和胡蘿蔔 (carrot) 的根部，造成根系變型、短小及分叉，嚴重時可完全摧毀之<sup>(1)</sup>。*P. projectus* Jenkins, 1956 為害甘藍菜 (cabbage) 根系的病徵雖不明顯，但可明顯減少地上部鮮重和根系重量；另對紅苜

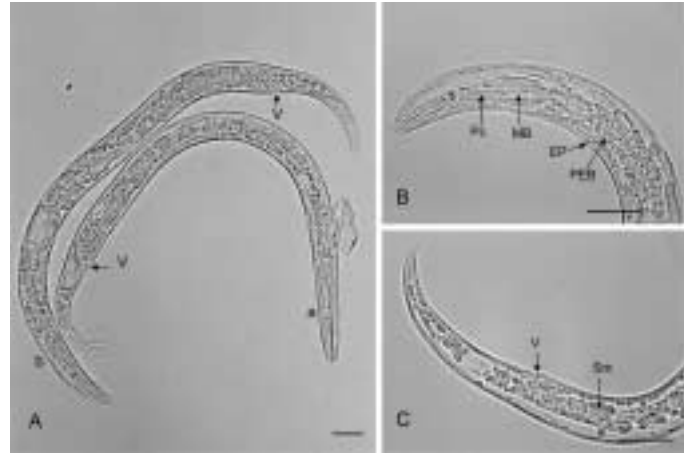
蓿 (red clover)、烟草及牛毛草 (fescue) 等造成葉片變小、節間變短或植株矮化等地上部病徵<sup>(10)</sup>。*P. lepidus* Raski, 1975 的模式產地 (type locality) 為斯里蘭卡 (Sri Lanka)，模式寄主為茶樹 (*Thea sinensis* L.)，但尚無危害茶樹情形的報導<sup>(13)</sup>。

截至目前，台灣地區已記錄之釘線蟲包括 *Paratylenchus* 和 *Gracilacus* 二屬線蟲，前者發現在甘藷、玉米、落花生、製糖甘蔗、番石榴及茶樹等共 43 種作物上<sup>(6,7,9,15)</sup>，而後者僅出現於梨和綠竹上<sup>(7)</sup>，至於二屬線蟲之種類則皆未鑑定。自 2005 年 4 月起，本文作者針對本國 6 個主要茶專業區所分離到的 *Paratylenchus* spp.，經以光學和掃描電子顯微鏡 (SEM) 的形態觀察、形態測量值 (morphometrics) 比對及核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA) 片段的鹼基序列相同度值分析後，判定該 6 個釘線蟲族群的種類皆為 *P. lepidus*，且為台灣地區的新記錄種，茲將鑑定方法及結果報告如後。

從南投縣鹿谷鄉凍頂和名間鄉松柏嶺地區，以及台北縣坪林鄉、宜蘭縣大同鄉玉蘭、台東縣鹿野鄉龍田及嘉義縣阿里山鄉隙頂等 6 個主要茶業專業區採集根圈土樣，其方法為在各專業區選取數個管理良好之茶園後，以小鐵鏟於各茶園中挖取鄰近 2-3 株茶樹之根圈土壤，放入塑膠封口袋中。每包土樣先經攪拌混合後，秤取 100 克，以改良式柏門氏漏斗分離法分離線蟲。經以解剖光學顯微鏡檢視後，從各專業區分別各取 1 個茶園的釘線蟲族群進行種類鑑定，因此共計有 6 群 *Paratylenchus* (代碼編號依序分別為 Plep1 - 6)。鑑定方法為先將線蟲族群以 2% 福馬林溶液殺死且固定後，置於 6 °C 冷藏櫃中保存。線蟲體長、體寬或口針長度等的測量方法，以及種內各群間或種間 rDNA 片段 (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) 序列的相同度值比較，所採用之分析軟體和參數設定值同陳氏等<sup>(3)</sup> 之報告。另線蟲的 SEM 形態觀察、線蟲總量 DNA 抽取、rDNA 片段序列之選殖和解序等均依陳氏等<sup>(2)</sup> 之方法。

關於 *P. lepidus* 的代表性序列 (一致性序列, consensus sequence) 的產生方式是從 Plep1、Plep2、Plep3 及 Plep5 等 4 群中，由 Plep1 和 Plep5 分別挑取 3 及 2 個選殖體，其餘 2 群各取 1 個選殖體進行定序，共獲得 7 條 rDNA 片段原始序列，此 7 條序列以 Pretty program (GCG, SeqWeb 2.1 版) 進行同時多條序列比對，由此方法產生的一致性序列再經由人為檢視修正後為 *P. lepidus* 之代表性序列 (1026 bp, GenBank, Accession No. EF126178)。至於 *P. lepidus* 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 中所登錄序列大小相近之 *P. minutus* Linford in Linford, Oliveira & Ishii, 1949 (1052 bp, Accession No. EF126180) (未發表資料) 和 *Hemicriconemoides kanayaensis* (1043 bp, Accession No. EF126179) (未發表資料) 的 rDNA 片段序列，以 BestFit program (GCG, SeqWeb 2.1 版) 進行成對比對後推估所得。另 6 群釘線蟲間之各項形態測量值差異，是以 SAS 統計分析軟體 GLM 程序 (1999, V8.2) 進行變方分析。

截至目前為止，由台灣地區的 6 處主要茶區的根圈中只分離鑑定出 *P. lepidus* 一種釘線蟲，其雌蟲的主要形態測量平均值 (表一)，除 Tlep1 和 Tlep2 二群的 a 項和其他 4 群的平均值間有顯著差異外 ( $P = 0.01$ )，其餘大部分各項的平均值在各群間均無顯著差異，如 b'、V、stylet 及 P 等 4 項的平均值在 6 群間皆無顯著差異，而 prorhabdion 項在 Plep4、Plep5 及 Plep6 等 3 群間無顯著差異。



圖一、*Paratylenchus lepidus* 雌蟲之光學影像形態：A，蟲體靜止時形態 (V，陰門)；B，頭端部分 (EP，排泄口；MB，中部食道球；Pc，食道前方體；PEB，基部食道球)；C，尾端部分 (Sm，受精囊；V，陰門)。比例尺長度：A-C = 10 微米。

Fig. 1. Photomicrographs of *Paratylenchus lepidus* female, A, Anterior region (V, vulva); B, Anterior region (EP, excretory pore; MB, median bulb; Pc, procorpus; PEB, post-esophageal bulb); C, Posterior region (Sm, spermatheca; V, vulva). Scale bars in A-C = 10  $\mu$ m.

在 rDNA 片段序列的比對上，7 個選殖體之原始序列 (1025-1033 bp) 和其代表性序列 (1026 bp) 的相同度為 98.6-100.0%，而其平均值為 99.5%。至於 *P. lepidus* 代表性序列中的 ITS-1、ITS-2 及 5.8S 的序列大小，依序分別為 381 bp、193 bp 及 155 bp。*P. lepidus* 和另一種釘線蟲 *P. minutus* 的代表性序列相同度則僅為 86.5%。截至目前，GenBank (NCBI, National center for biotechnology information, U.S.) 序列資料庫中，另登錄 6 種釘線蟲的 rDNA 片段序列資料，但皆僅為 28S 或 18S 基因的部分序列資料，而本研究為首次登錄完整 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 rDNA 片段序列資料，該序列可做為 *P. lepidus* 釘線蟲的分子標誌或生命條碼 (barcode of life)。

靜止或殺死 *P. lepidus* 並固定後，蟲體呈現 'c' 字型，蟲體最大寬度約 12.8  $\mu$ m (10-18  $\mu$ m)，陰門位置明顯 (圖一, A)。唇部上不具體環 (annules) 且前端平，具有 4 個側唇 (lateral lip)，和蟲體銜接處不明顯 (圖一, B；圖二, A)。口針結球 (stylet knob) 呈現方形，橫寬度約 3.5  $\mu$ m (2.7-4.1  $\mu$ m)；食道前方體 (procorpus) 和中部食道球 (median bulb) 結合，狹細部 (isthmus) 細長，基部食道球 (post-esophageal bulb) 為梨型，明顯地正面貼近於腸 (intestine) 前端 (圖一, B)。側帶 (lateral field) 上具有 4 條側帶溝 (圖二, B)，不具側

表一、台灣地區 *Paratylenchus lepidus* 之形態測量值與斯里蘭卡地區已記錄副模標本之比較

Table 1. Comparison between the morphometrics of *Paratylenchus lepidus* isolated from Taiwan and population recorded in Sri Lanka

| Character <sup>1</sup> | Location (Code)   |                              |                             |                             |                              |                              |                                       |
|------------------------|---|------------------------------|-----------------------------|-----------------------------|------------------------------|------------------------------|---------------------------------------|
|                        | Lugu<br>(Plep1)   | Mingchien<br>(Plep2)         | Pinglin<br>(Plep3)          | Datong<br>(Plep4)           | Luye<br>(Plep5)              | Alishan<br>(Plep6)           | Sri Lanka <sup>4</sup><br>(paratypes) |
| n                      | 15  | 15                           | 21                          | 16                          | 14                           | 15                           | 21                                    |
| L (mm)                 | 0.33 ± 0.03 <sup>3</sup> ab <sup>3</sup><br>(0.27-0.37) | 0.31 ± 0.02ab<br>(0.28-0.34) | 0.33 ± 0.04a<br>(0.28-0.40) | 0.30 ± 0.02b<br>(0.27-0.34) | 0.31 ± 0.01ab<br>(0.29-0.34) | 0.32 ± 0.02ab<br>(0.28-0.38) | 0.33<br>(0.28-0.40)                   |
| a                      | 21.7 ± 1.8d<br>(19.4-25.0)                              | 24.5 ± 2.1c<br>(21.3-28.3)   | 26.5 ± 1.9a<br>(23.5-30.0)  | 26.3 ± 2.4ab<br>(21.5-30.0) | 26.7 ± 2.3a<br>(22.0-30.0)   | 26.1 ± 1.4ab<br>(23.6-29.1)  | 25<br>(23-31)                         |
| b                      | 4.0 ± 0.2a<br>(3.5-4.4)                                 | 3.7 ± 0.4abc<br>(3.2-4.1)    | 3.9 ± 0.3ab<br>(3.4-4.4)    | 3.7 ± 0.3bc<br>(3.1-4.3)    | 3.8 ± 0.2abc<br>(3.5-4.1)    | 3.7 ± 0.2c<br>(3.3-4.1)      | 4.0<br>(3.4-4.6)                      |
| b'                     | 7.4 ± 0.5a<br>(6.3-8.2)                                 | 7.1 ± 0.5a<br>(6.2-7.9)      | 7.1 ± 0.8a<br>(5.5-8.5)     | 6.9 ± 0.6a<br>(5.7-7.9)     | 7.0 ± 0.4a<br>(6.4-7.6)      | 6.9 ± 0.4a<br>(6.2-7.8)      | -                                     |
| c                      | -   | -                            | -                           | 11.5, 9                     | 9.7                          | -                            | 14<br>(11-16)                         |
| VL/VW                  | 5.1 ± 0.6b<br>(4.3-6.3)                                 | 5.5 ± 0.6ab<br>(4.5-6.4)     | 5.9 ± 0.7a<br>(4.5-7.5)     | 5.5 ± 0.4ab<br>(4.9-6.7)    | 5.8 ± 0.8a<br>(4.4-7.1)      | 5.8 ± 0.6a<br>(4.7-6.8)      | -                                     |
| V                      | 81.1 ± 0.8a<br>(78.8-82.2)                              | 80.9 ± 1.0a<br>(78.5-82.3)   | 80.8 ± 1.1a<br>(78.9-83.2)  | 81.1 ± 1.2a<br>(79.2-83.2)  | 80.5 ± 1.1a<br>(79.0-83.0)   | 80.9 ± 0.9a<br>(79.4-82.8)   | 82<br>(80-84)                         |
| Stylet (μm)            | 23.5 ± 0.6a<br>(22.7-24.7)                              | 24.0 ± 0.8a<br>(23.3-26.0)   | 23.8 ± 1.4a<br>(21.3-26.0)  | 23.8 ± 0.8a<br>(22.7-26.0)  | 23.8 ± 0.5a<br>(23.0-24.7)   | 23.9 ± 0.8a<br>(22.8-25.9)   | 25<br>(22-27)                         |
| Prorhabdion<br>(μm)    | -   | -                            | -                           | 15.1 ± 0.6a<br>(14-16)      | 14.9 ± 0.4a<br>(14-16)       | 14.7 ± 0.6a<br>(14-16)       | 16<br>(14-18)                         |
| m                      | -   | -                            | 62.3 ± 1.1ab<br>(59.9-63.8) | 63.3 ± 1.4a<br>(60.9-65.8)  | 62.6 ± 0.9ab<br>(60.9-64.4)  | 61.6 ± 1.0b<br>(60.1-63.3)   | -                                     |
| EP (μm)                | 69 ± 5abc<br>(60-77)                                    | 68 ± 5bc<br>(58-80)          | 74 ± 6a<br>(68-85)          | 67 ± 5c<br>(60-80)          | 69 ± 5abc<br>(61-79)         | 73 ± 5ab<br>(64-82)          | 75<br>(69-82)                         |
| P                      | 21.2 ± 1.7a<br>(17.0-22.7)                              | 21.9 ± 1.5a<br>(20.0-25.0)   | 22.7 ± 2.3a<br>(19.3-28.6)  | 22.2 ± 1.6a<br>(19.4-25.0)  | 22.2 ± 1.4a<br>(19.7-23.9)   | 22.9 ± 1.4a<br>(20.8-25.6)   | -                                     |
| VL (μm)                | 62 ± 7ab<br>(49-75)                                     | 59 ± 6ab<br>(52-73)          | 64 ± 8a<br>(53-84)          | 58 ± 5b<br>(52-67)          | 60 ± 4ab<br>(53-71)          | 61 ± 5ab<br>(55-72)          | -                                     |
| VW (μm)                | 12 ± 2a<br>(9-16)                                       | 11 ± 2ab<br>(9-14)           | 11 ± 2ab<br>(8-15)          | 10 ± 1b<br>(9-13)           | 11 ± 1b<br>(9-12)            | 11 ± 2b<br>(9-14)            | -                                     |

<sup>1</sup> n=no. of nematodes; L=body length; a=body length divided by the maximum width; b=body length divided by distance from head end to posterior end of esophageal gland; b' = body length divided by the length from anterior end of body to the median bulb; c=body length divided by length of tail; V=ratio between distance from vulva to anterior end of body and total body length in %; m= ratio between the length of prorhabdion and stylet in % ; ODG= the distance from base of stylet to orifice of dorsal gland; o=ratio between the length of ODG and stylet in %; 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 vulvar position.

<sup>2</sup> Measurements in the form: mean ± standard deviation (range), “-” = no data.

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

<sup>4</sup> Raski, D. J. 1975<sup>(1,3)</sup>



圖二、*Paratylenchus lepidus* 雌蟲之SEM影像形態：A，蟲體前端部分 (LLs, 側唇)；B，蟲體中段部分 (LF, 側帶)；C，尾部 (An, 肛門；V, 陰門；VFs, 陰門蓋)。比例尺長度：A-C = 5 微米。

Fig. 2. SEM photomicrographs of *Paratylenchus lepidus* female: A, Anterior region (LLs, lateral lips); B, Middle region (LF, lateral field); C, Tail region (An, anus; V, vulva; VFs, Vulvar flaps). Scale bars in A-C = 5  $\mu\text{m}$ .

帶橫條溝(areolation)，其寬度平均值約 2.9  $\mu\text{m}$  (2.3-3.3  $\mu\text{m}$ )，約佔體寬的 1/4 (圖二, B)。尾部末端尖細 (圖一, A-b, C；圖二, C)，少數個體為分叉狀 (圖一, A-a)。陰門上有一對陰門蓋 (vulvar flaps) (圖一, A-a；圖二, C)。肛門(anus) 的開口極小，位置不明確 (圖一, C；圖二, C)。單卵巢 (ovary)，貯精囊 (spermatheca) 為圓形，具有精子 (圖一, C)。在 6 群釘線蟲中皆未發現雄蟲。

在本研究中，雖然 Plep1 和 Plep2 的 a 項平均值和其他 4 個族群間有顯著性地差異，但因其餘特徵項目之平均值與其他各群間差異不顯著，以及其 rDNA 片段原始序列和其代表性序列的相同度達 98.6 % 以上，且 *P. lepidus* 與形態相近的 *P. minutus* 之代表性序列間的相同度僅為 86.5 %，因此認定本研究依形態測量值所鑑定的 6 個線蟲族群均為同一種釘線蟲 *P. lepidus*。

從台灣地區所分離鑑定的 6 個 *P. lepidus* 供試族群，其形態測量值與在斯里蘭卡的副模標本 (paratypes) 比較，雖然口針和口針錐 (protrahbdion) 的平均值較小 (23.5-24  $\mu\text{m}$  vs. 25  $\mu\text{m}$  和 14.7-15.1  $\mu\text{m}$  vs. 16  $\mu\text{m}$ )，但是測量值範圍間仍有明顯重疊，其餘測量值和副模標本都相當吻合。*P. lepidus* 的肛門開口極小，本研究所製備的釘線蟲樣本在光學顯微鏡下大多無法檢視其正確位置，因此僅有少數個體有 c 項的測量值。在本研究中另外提出 b'、VL/VW、m、p、VL 及 VW 等 6

項的測量數據資料，可補充釘線蟲在形態鑑定上的不足。

近年來，針對傳統以形態鑑定線蟲所呈現的資訊不足，尤其是衍生依據形態測量值所產生對種內 (intraspecific) 或種間 (interspecific) 變異程度範圍的不同見解，而增加對鑑定線蟲時的困擾，而比較核糖體 DNA (rDNA) 非編碼區域 (noncoding region) 的序列差異則已成為動物或植物病原性線蟲鑑定種類時的有效輔助利器<sup>(4,5,8,11,12)</sup>。在本研究中，不同地區釘線蟲供試族群，其中部分族群的 rDNA 片段序列經綜合比對分析判定為同一種，此結果使我們更確切了解台灣地區茶園中 *P. lepidus* 的形態及測量值的變異範圍，雖然這些測量值和副模標本部分測量值間仍存在許多不同程度的差異，此不確定的差異究竟是因不同地區的地理環境，亦或是檢視樣本的數量及測量方法等不同原因所致，則有待進一步澄清；但經由登錄更多有關釘線蟲種類的 rDNA 片段序列資料於 GenBank 資料庫中，將輔助全世界線蟲專家更客觀地了解各種釘線蟲在外觀形態上可能之變異情形。

## 謝 辭

本研究承行政院農業委員會動植物防疫檢疫局計畫經費補助；農委會農業藥物毒物試驗所蘇秋竹副研究員和李祈益先生提供掃描式電子顯微鏡之相關儀器和技術指導；本所農藝組試驗統計研究室呂椿棠助理研究員協助數據統計分析，特致謝忱。

## 引用文獻 (LITERATURE CITED)

1. Brzeski, M. W. 1976. *Paratylenchus bukowinensis* Micoletzky, 1922. in: C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 6, No. 79. Commonwealth Institute of Helminthology, St. Albans, England. 2 pp.
2. 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)
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., Ni, H. F., Yen, J. H., Cheng, Y. H., and Tsay, T. T. 2005. Differentiation of the *Xiphinema americanum*-group nematodes *X. brevicollum*, *X. incognitum*, *X. diffusum* and *X. oxycaudatum* in Taiwan by morphometrics and nuclear ribosomal DNA

- sequences. *Nematology* 7: 713-725.
5. Hoste, H., Chilton, N. B., Beveridge, I. & Gasser, R. B. 1998. Differences in the first internal transcribed spacer of ribosomal DNA among five species of *Trichostrongylus*. *Int. J. Parasitol.* 28: 1251-1260.
  6. Hu, C. H., and Chu, H. T. 1964. The nematode investigation in sugarcane field of Taiwan (II). *Taiwan Sugar Res. Inst.* 33: 63-82. (*In Chinese with English abstract*)
  7. 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*)
  8. Hung, G. - C., Chilton, N. B., Beveridge, I., McDonnell, A., Lichtenfels, J. R. & Gasser, R. B. 1997. Molecular delineation of *Cylicocyclus nassatus* and *C. ashworthi* (Nematoda: Strongylidae). *Int. J. Parasitol.* 27: 601-605.
  9. Lee, M. D., Chen, C. H., Tsay, T. T., and Lin, Y. Y. 1998. Survey and control of guava nematode diseases. *Plant Prot. Bull.* 40: 265-276.
  10. Loof, P. A. A. 1975. *Paratylenchus projectus* Jenkins, 1956. *in*: C.I.H. Descriptions of Plant-parasitic Nematodes. Set 5, No. 71. Commonwealth Institute of Helminthology, St. Albans, England. 3 pp.
  11. Newton, L. A., Chilton, N. B., Beveridge, I. & Gasser, R. B. 1998. Genetic evidence indicating that *Cooperia surnabada* and *Cooperia oncophora* are one species. *Int. J. Parasitol.* 28: 331-336.
  12. Powers, T. O., Todd, T. C., Burnell, A. M., Murray, P. C. B., Fleming, C. C., Szalanski, A. L., Adams, B. A. & Harris, T. S. 1997. The rDNA internal transcribed spacer region as a taxonomic marker for nematodes. *J. Nematol.* 29: 441-450.
  13. Raski, D. J. 1975. Revision of the Genus *Paratylenchus* Micoletzky, 1922, and descriptions of new species. Part II of Three parts. *J. Nematol.* 7: 274-295.
  14. Raski, D. J., and Luc, M. 1987. A reappraisal of Tylenchina (Nemata) 10. The superfamily Criconematoidea Taylor, 1936. *Revue Nematol.* 10: 409-444.
  15. Wang, L. C. 1970. A study on soil nematodes of tea plantation in Taiwan. *Taiwan Agriculture* 6: 126-151. (*In Chinese with English abstract*)

## ABSTRACT

Chen, D. Y.<sup>1</sup>, Ni, H. F.<sup>2</sup>, Yen, J. H.<sup>3</sup>, and Tsay, T. T.<sup>4,5</sup>. 2007. Identification of a new recorded pin nematode, *Paratylenchus lepidus*, (Nematoda: Criconematoidea, Tylenchulidae) among tea plantations in Taiwan. Plant Pathol. Bull. 16: 41-46 (<sup>1</sup>Plant Pathology Division, Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan; <sup>2</sup>Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, TARI, Taiwan; <sup>3</sup>Agricultural Extension Center, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan; <sup>4</sup>Department of Plant Pathology, NCHU, Taichung, Taiwan; <sup>5</sup>Corresponding author, E-mail: tttsay@nchu.edu.tw , Fax: +886-4-22876712)

Soil samples collected from the rhizosphere of tea plants from six different plantations in Taiwan and yielded 6 populations of *Paratylenchus lepidus* Raski, 1975, a new-recorded pin nematode species in Taiwan. Based on the external morphology, morphometrics and the sequences of ribosomal DNA (including complete 5.8S gene, internal transcribed spacer ITS-1, ITS-2, and partial 18S and 28S gene), every nematode population was identified to the species level. In this study, additional morphometric data and SEM figures for this pin nematode were also investigated. The representative sequences of rDNA fragment of *P. lepidus*, a total length of 1026 bp, were the first to be submitted to the GenBank.

Key words: pin nematode, tea, identification, ribosomal DNA, *Paratylenchus lepidus*, *Camellia* sp.