

## طراحی نرم افزار رایانه‌ای تشخیص گونه‌های نماتودها (NEMIDSOFT) مطالعه موردی: جنس *Criconemoides* (Tylenchida: Criconematidae)

علی چناری بوکت<sup>۱\*</sup> و غلامرضا نیکنام<sup>۲</sup>  
۱، ۲، دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز  
(تاریخ دریافت: ۸۹/۱/۲۴ - تاریخ تصویب: ۸۹/۸/۱۹)

### چکیده

به منظور تسهیل در شناسایی گونه نماتودها، یک نرم‌افزار رایانه‌ای طراحی شد. بخش اول این نرم‌افزار برای تشخیص گونه‌های جنس *Criconemoides* آماده شده است. این برنامه به راحتی در رایانه‌های شخصی با حداقل امکانات نرم‌افزاری و سخت‌افزاری قابل نصب و راه‌اندازی است. این برنامه می‌تواند توسط کاربر ویرایش شده و قابل تعمیم برای سایر جنس‌های نماتودها می‌باشد. با وارد ساختن صفات ریخت‌شناختی و داده‌های ریخت‌سنجی گونه ناشناخته در بخش جستجو، تعدادی از گونه‌های ثبت شده در پایگاه داده به عنوان گونه‌های احتمالی به کاربر پیشنهاد و وی بر اساس توصیف گونه‌های پیشنهادی و سایر اطلاعات ضمیمه، مانند تصاویر ترسیمی یا دیجیتالی که در پایگاه داده موجود است، به انتخاب یکی از موارد راهنمایی می‌گردد. این نرم‌افزار، با قابلیت کاربری آسان طراحی شده و برنامه رایانه‌ای است که برای اولین بار در ایران پردازش و معرفی می‌گردد.

**واژه‌های کلیدی:** ریخت‌شناسی و ریخت‌سنجی، نماتود، نرم‌افزار رایانه‌ای، *Criconemoides*.

### مقدمه

نقش نماتودهای انگل به عنوان عواملی که تولید کشاورزی را تحت تاثیر قرار می‌دهند در سال‌های اخیر بیشتر مورد توجه قرار گرفته و مطالعات تاکسونومیک، بیولوژیکی، مولکولی و مدیریتی در حد وسیعی افزایش یافته و در حال توسعه نیز می‌باشد (Raski & Luc, 1987). با گرایش به استفاده از روش‌های جایگزین سموم شیمیایی مثل کنترل بیولوژیک و ارقام مقاوم در کنترل و مدیریت نماتودها، تشخیص دقیق نماتود هدف، اهمیت زیادی پیدا کرده و نیازمند کارهای تاکسونومیک بیشتر، آسان و سریع می‌باشد (Stone, 1984). وجود کلیدهای متعدد دو شاخه‌ای<sup>۱</sup> برای شناسایی جنس‌های با تعداد گونه‌های زیاد نیز ابزار چندان

مناسبی نیست و مشکلات زیادی را به‌ویژه برای افراد مبتدی به‌همراه دارد. اما کلیدهای چند شاخه‌ای<sup>۲</sup> یا تابلویی برای آماده شدن به صورت یک برنامه تشخیصی رایانه‌ای بسیار مناسب به نظر می‌رسند (Rey et al., 1988). تاکنون تلاش‌های متعددی برای رایانه‌ای کردن تشخیص نماتودها انجام شده‌است که شامل برنامه NEMOID نوشته شده تحت زبان برنامه‌نویسی Turbo Pascal برای شناسایی گونه‌های *Helicotylenchus* (Fortuner, 1983; Fortuner & Wong, 1984)، دو نرم‌افزار تحت زبان Hewlett-Pac-kard-BASIC طراحی شده به ترتیب برای شناسایی گونه‌های *Longidorus* (Rey et al., 1988; *Tylenchorhynchus* & *Merlinius* Rey & Mahajan, 1988)، برنامه پیشنهادی توسط

2. Polytomous

1. Dichotomous

V: نسبت بین سر تا محل شکاف تناسلی به کل طول بدن به درصد  
R: تعداد کل حلقه‌ها در بدن  
Reso: تعداد حلقه‌های بدن بین ابتدای سر تا انتهای مری  
Rex: تعداد حلقه‌های بدن بین ابتدای سر تا محل منفذ دفعی - ترشحي  
Rv: تعداد حلقه‌های بدن بین شکاف تناسلی تا انتهای بدن  
Ran: تعداد حلقه‌های بدن از محل مخرج تا انتهای بدن  
Rvan: تعداد حلقه‌های بدن مابین شکاف تناسلی تا مخرج  
VL/VB: نسبت فاصله شکاف تناسلی تا انتهای بدن به عرض بدن در ناحیه مخرج می‌باشد.  
علاوه بر موارد فوق، برخی صفات مهم ریخت‌شناختی مانند وضعیت هم‌دهانی<sup>۲</sup> شیارهای عرضی پوست، حاشیه شیارهای عرضی پوست<sup>۳</sup>، شکل مهبل<sup>۴</sup>، حالت لبه جلویی فرج<sup>۵</sup>، شکل دم<sup>۶</sup>، برجستگی‌های کنار-میانی سر<sup>۷</sup>، شکل کلی انتهای بدن<sup>۸</sup> نیز مورد استفاده قرار گرفتند.

در مورد داده‌های ریخت‌سنجی از کمینه و بیشینه داده‌ها و در مورد صفات ریخت‌شناختی حالت‌های مختلف در آیکون‌های کرکره‌ای قابل انتخاب توسط کاربر برای ثبت اطلاعات گونه‌ها در پایگاه داده استفاده گردید.

### نتایج و بحث

در این قسمت بخش‌های مختلف نرم‌افزار و نحوه عملکرد آن در تجزیه و تحلیل داده‌های ورودی و ارائه نتایج شرح داده می‌شود:  
**بخش ورود به برنامه:** در این قسمت کاربر با استفاده از نام کاربری و کلمه عبور وارد منوی اصلی برنامه می‌شود.

Boag & Smith (1983) تحت زبان BASIC با یک آزمون t برای مقایسه واریانس صفات کمی گونه‌ها با واریانس صفات کمی نماتودهای تعریف شده در پایگاه داده و برنامه NEMISYS طراحی شده تحت زبان محاسباتی-ترکیبی Smalltalk با قابلیت کاربرد موش‌واره (mouse) برای تشخیص گونه‌های نماتودها (Diederich & Milton, 1988) می‌باشند.

نماتودهای حلقوی<sup>۱</sup> جزو نماتودهای انگل خارجی بوده و بیشتر روی ریشه‌های خشی تغذیه می‌کنند و بیماریزایی چند گونه از آنها روی برخی از درختان میوه به اثبات رسیده است (Raski & Luc, 1987). این نماتودها از جنبه‌های شناسایی و رده بندی دستخوش تغییرات تاکسونومیکی فراوانی شده‌اند (Raski & Luc, 1987; Brzeski et al., 2002a,b; De Ley & Blaxter, 2002; Subbotin et al., 2005). با توجه به معتبر بودن جنس *Criconemoides* و وجود بیش از یک‌صد و سی گونه در این جنس، به‌عنوان نمونه‌ای از امکان‌سنجی تشخیص رایانه‌ای گونه‌ها، به رایانه‌ای نمودن تشخیص گونه‌های این جنس اقدام گردید.

### روش انجام تحقیق

این برنامه تحت زبان برنامه‌نویسی Borland Delphi (7) پیاده شد. حداقل امکانات نرم‌افزاری و سخت‌افزاری یک رایانه شخصی برای اجرای آن شامل سیستم عامل ویندوز ملنیوم یا اکس‌پی، حافظه ۶۴ تا ۱۲۸ و دیسک سخت با ظرفیت ۲۰۰ مگابایت می‌باشد. حجم فایل اجرایی این برنامه ۳/۲۷ و حجم پایگاه داده آن ۱/۱۶ مگابایت است. در آماده سازی پایگاه داده از مقالات موجود و چاپ شده در مجلات معتبر و کلیدهای در دسترس (Raski & Luc, 1987; Brzeski et al., 2002a,b; De Ley & Blaxter, 2002; Subbotin et al., 2005) استفاده شد. مشخصات ریخت‌سنجی مورد استفاده برای تکمیل این بخش شامل:

L: طول بدن بر حسب میلی‌متر

Stylet: طول استایلت بر حسب میکرومتر

2. Anastomosis
3. Annule margin
4. Vagina
5. Anterior vulval lip
6. Tail shape
7. Sub-median lobes
8. Shape PV

1. Criconematids

این معنی که اگر داده یا صفتی در مورد جمعیت مورد بررسی (مثل وضعیت واژن، لبه جلویی فرج یا برخی داده‌های ریخت‌سنجی) محرز نشده باشد، در فرآیند تشخیص گونه اشکالی پیش نمی‌آید و نرم‌افزار فقط بر اساس اطلاعات وارد شده به جستجو در پایگاه داده می‌پردازد (شکل ۴ الف). البته نتایج حاصل از چنین جستجویی تعداد بیشتری از گزینه‌های پیشنهادی توسط نرم‌افزار به‌عنوان گونه‌های احتمالی را در بر می‌گیرد (شکل ۴ ب).

**بخش اطلاعات کاربران:** مدیریت کاربران از قبیل تعریف کاربر جدید با نام کاربری<sup>۷</sup> و کلمه عبور<sup>۸</sup>، ویرایش و یا حذف اطلاعات قبلی از قابلیت‌های این بخش است.

**واژه‌های نام‌تودشناسی:** به منظور تسهیل کار با نرم‌افزار برای کاربران تازه‌کار، یک واژه‌یاب نام‌تودشناسی (Eisenback, 1998) به صورت فایل PDF در این برنامه گنجانده شده است.

**نرم‌افزار اندازه‌گیری بخش‌های مختلف نام‌تودها:** برای راحتی کار با گونه‌های ناشناخته و اندازه‌گیری سریع بخش‌های مختلف مورد نیاز آنها این نرم‌افزار به عنوان یک ابزار جانبی در داخل NEMIDSOFT تعبیه گردیده است. روش کار به این صورت است که پس از برداشتن تصویر دیجیتالی از نمونه و تعریف مقیاس، می‌توان به راحتی با مشخص کردن قسمت مورد نظر در نام‌تود برای نرم‌افزار به اندازه‌گیری آن قسمت پرداخت.

**تهیه فایل پشتیبان:** از طریق این آیکن می‌توان از تمام اطلاعات ثبت شده در پایگاه داده، فایل پشتیبان تهیه و آن را ذخیره نمود. فایل تهیه شده با پسوند nemid\* بوده و فقط با این نرم‌افزار قابل بازیابی<sup>۱۲</sup> می‌باشد.

**بخش ورود اطلاعات:** در این بخش بر اساس منابع و مقالات موجود، صفات و داده‌های ریخت‌شناختی و ریخت‌سنجی به تفکیک هر گونه وارد پایگاه داده گردید. در عین حال این نرم‌افزار دارای قابلیت ویرایش اطلاعات وارد شده، و حذف اطلاعاتی که به‌طور اشتباهی وارد شده است و نیز اضافه کردن گونه‌های گزارش شده جدید از این جنس می‌باشد.

**بخش ضمیمه کردن اطلاعات جانبی به هر گونه معرفی شده به پایگاه داده:** در این قسمت نرم‌افزار این امکان را به کاربر می‌دهد تا برای هر گونه، از فایل‌های ضمیمه جانبی در تکمیل اطلاعات مربوط به آن، مانند تصاویر دیجیتالی، فایل‌های توصیف<sup>۳</sup> گونه به‌صورت PDF یا WORD یا صفحات اینترنتی یا هر فرمت دیگری استفاده و اطلاعات پایگاه داده را غنی‌تر کند.

**بخش تبدیل اطلاعات پایگاه داده به فرمت‌های دیگر برای ذخیره آن:** برنامه دارای قابلیت ذخیره اطلاعات پایگاه داده را به صورت فایل‌های EXCEL, HTML, WORD, XML و TEXT دارد.

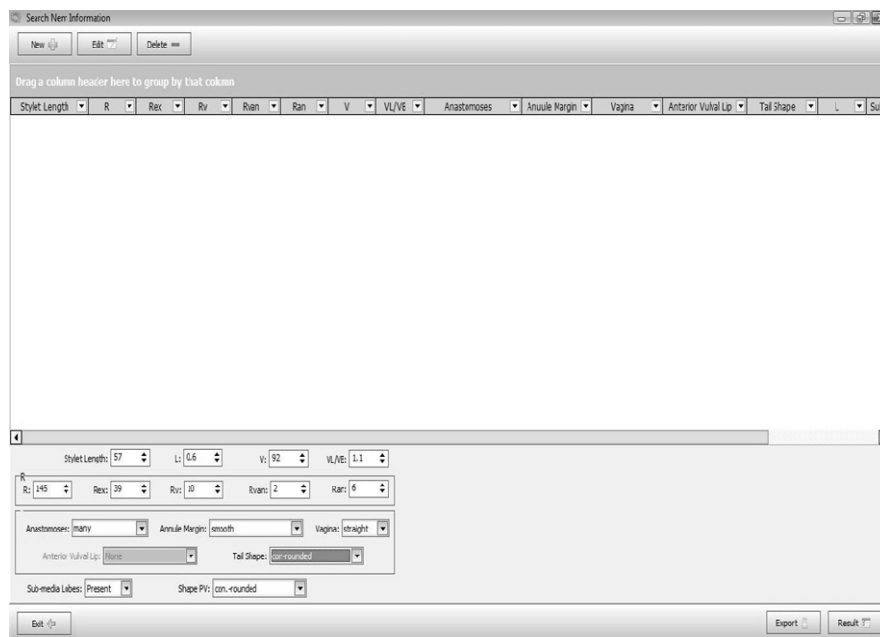
**بخش جستجو:** این بخش مهم‌ترین قسمت نرم‌افزار نرم‌افزار می‌باشد. بر اساس میانگین داده‌های ریخت‌سنجی به دست آمده از جمعیت مورد بررسی و مشخصات ریخت‌شناختی آن، ورود اطلاعات انجام می‌گیرد (شکل ۱). نرم‌افزار هر یک از اطلاعات وارد شده از جمعیت ناشناخته مورد بررسی توسط کاربر را تک‌تک با هر یک از اطلاعات گونه‌های ثبت شده در پایگاه داده مقایسه نموده و بهترین پیشنهاد یا پیشنهادها را ارائه می‌دهد. در بالای صفحه نتایج جستجو، قسمتی گنجانده شده است که صفات و داده‌های دخیل در ارائه نتیجه را که توسط کاربر به برنامه داده شده است نشان می‌دهد (شکل ۲). نتایج جستجو به صورت صفحه قابل چاپ ارائه می‌شود (شکل ۳). البته ورود هیچ یک از کاراکترها در این قسمت به صورت اجباری تعریف نشده است، به

- 
6. User Information
  7. Username
  8. Password
  9. Glossary
  10. Image Tool
  11. Back up
  12. Restore

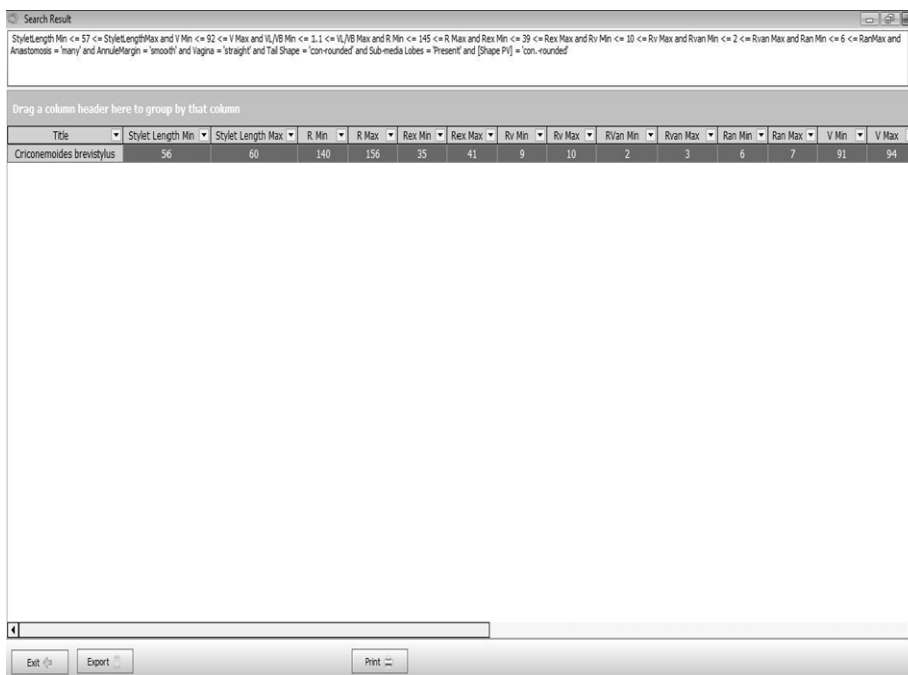
- 
1. Nem Info
  2. Attach
  3. Description
  4. Export
  5. Search

نیز به نوبه خود سبب هم‌پوشانی زیاد مابین گونه‌ها شده، انجام گردیده است که در زیر به برخی از آنها اشاره می‌شود:  
 - برنامه NEMAID که تحت زبان برنامه‌نویسی

تاکنون تلاش‌هایی توسط تاکسونومیست‌های مختلف برای مکانیزه نمودن تشخیص گونه‌های نماتودها بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناختی و داده‌های ریخت‌سنجی به منظور افزایش دقت، سرعت و کاهش خطای تشخیص گونه‌ها در اثر تغییرپذیری بالا در صفات که آن



شکل ۱- ورود اطلاعات جمعیت مورد بررسی در قسمت جستجو (search) نرم‌افزار NEMIDSOFT



شکل ۲- ارائه نتایج بررسی اطلاعات وارد شده از جمعیت مورد بررسی توسط نرم‌افزار NEMIDSOFT

شباهت‌های بالا با اطلاعات ورودی توسط نرم‌افزار طراحی گردیده است.

- برنامه پیشنهادی توسط Boag & Smith (1983) تحت زبان BASIC. یک آزمون t برای مقایسه واریانس صفات کمی گونه‌ها با واریانس صفات کمی نماتودهای تعریف شده در پایگاه داده در نظر گرفته است.

- برنامه NEMISYS طراحی شده تحت زبان محاسباتی-ترکیبی Smalltalk با قابلیت کاربرد موش‌واره (mouse) برای تشخیص گونه‌های نماتودها است (Diederich & Milton, 1988).

با وجود مزایا و نوآوری در هر یک از این نرم‌افزارها، مشکلات و نواقصی نیز به‌همراه داشتند. NEMAID و حتی بقیه نرم‌افزارها به دلیل طراحی شدن در سیستم عامل DOS، آزادی عمل و راحتی کاربر را با الزام کاربر به تایپ دستور و عدم کارایی موش‌واره محدود نموده بود و امکان استفاده از فایل‌های جانبی توصیف گونه‌ها<sup>۱</sup> و یا تصاویر دیجیتالی یا ترسیمی و سایر امکانات گرافیکی برای تفسیر بهتر و بیشتر نتایج را نداشت. تعداد گونه‌های پیشنهادی توسط برنامه به کاربر بیش از بیست مورد بوده و نوعی سردرگمی در نتیجه‌گیری و تصمیم نهایی توسط کاربر ایجاد می‌گردید.

Turbo Pascal برای شناسایی گونه‌های *Helicotylenchus* نوشته شده است (Fortuner, 1983; Fortuner & Wong, 1984). مزیت این برنامه این است که قابلیت ترکیب صفات ریخت‌شناختی و داده‌های ریخت‌سنجی را داشته و اهمیت تاکسونومیکی هر یک از صفات نسبت به بقیه با وزندهی<sup>۱</sup> به آنها مشخص می‌گردد. این برنامه، تغییر یافته<sup>۲</sup> ضرایب تشابه گاور (Gower, 1971) بوده و بعدها به منظور بررسی تغییرات جمعیتی در صفات ریخت‌سنجی تغییراتی یافت (Fortuner, 1986).

- دو نرم‌افزار تحت‌زبان Hewlett-Pac-kard-BASIC که به ترتیب برای شناسایی گونه‌های *Longidorus* و *Tylenchorhynchus & Merlinius* تهیه گردیده است (Rey et al., 1988; Rey & Mahajan, 1988). ضرایب تشابه مورد استفاده در این برنامه بسیار شبیه ضرایب گاور بوده اما در داشتن یک فاکتور تصحیح برای داده‌های از دست رفته<sup>۲</sup> متفاوت است. البته این برنامه بیشتر برای ورود اطلاعات جمعیت‌های مختلف از جنس‌های مذکور و در نهایت پیشنهاد چندین گونه با

1. weighting
2. Missed data

### 3. Descriptions

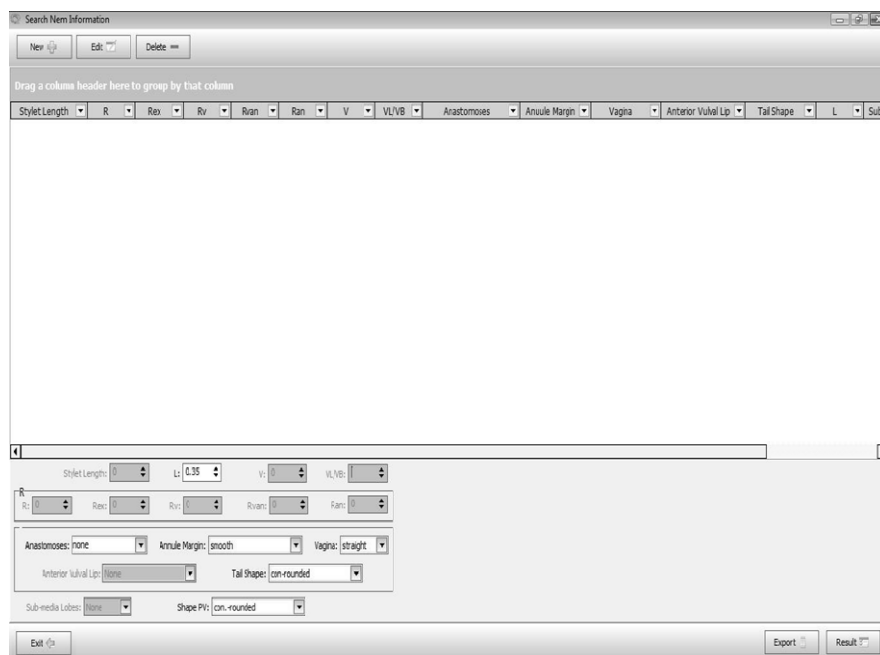
The screenshot shows a window titled 'NEMISOFT SEARCH RESULT' with a table of morphological data for the species *Cricomacilla brevitylus*. The table includes various measurements and their minimum values.

Title: Cricomacilla brevitylus					
Stylet length Min: 56	Stylet length Max: 60	IL Min: 1.48	IL Max: 1.56	REX Min: 1.15	REX Max: 1.1
IR Min: 9	IR Max: 3	ROAN Min: 2	ROAN Max: 3	ROX Min: 6	ROX Max: 7
V Min: 91	V Max: 94	VIV Min: 1	VIV Max: 1.4	Anal. oromus: many	
Anal. Margin: Smooth		Vagina: Straight		Anterior Vulva: Simple	
I Min: 0.52	I Max: 0.7	Sub-median lobes: Present		Slope Pr: Con. rounded	

شکل ۳- صفحه قابل چاپ از نتایج جستجو در نرم‌افزار NEMISOFT

مثال، زمان مورد نیاز برای آنالیز اطلاعات هر گونه از نماتود در برنامه پیشنهادی Boag & Smith (1983) هفت دقیقه بود که زمان نسبتاً طولانی به شمار می‌رود.

برنامه‌های پیاده شده تحت زبان BASIC به دلیل سرعت پایینی که در تجزیه و تحلیل اطلاعات دارند، برنامه مناسبی برای کارهای تشخیصی نیستند. به عنوان



شکل ۴ الف- الزامی نبودن ورود تمام داده‌های مربوط به جمعیت مورد بررسی در نرم‌افزار NEMIDSOFT (نرم‌افزار از طریق غیرفعال نمودن آیکون‌های وارد نشده، آنها را در فرآیند جستجو لحاظ نمی‌کند).

Search Result  
Anastomosis = 'none' and AnnuleMargin = 'smooth' and Vagina = 'straight' and Tail Shape = 'con-rounded' and [Shape PIV] = 'con-rounded'

Drag a column header here to group by that column

Title	Stylet Length Min	Stylet Length Max	R Min	R Max	Rex Min	Rex Max	Rv Min	Rv Max	RVan Min	RVan Max	Ran Min	Ran Max	V Min	V Max
<i>Criconemoides oryzae</i>	43	54	95	114	24	28	4	7	2	3	3	4	91	94
<i>Criconemoides paramonovi</i>	90	98	124	128	23	23	5	6	3	4	0	0	94	96
<i>Criconemoides variable</i>	97	123	92	107	26	29	6	9	1	3	3	5	89	95
<i>Criconemoides cylindraceus</i>	62	70	131	147	33	39	9	12	0	0	5	8	94	95

Buttons: Exit, Export, Print

شکل ۴ ب- نتایج حاصل از ورود برخی اطلاعات مربوط به یک جمعیت ناشناخته در بخش جستجوی نرم‌افزار NEMIDSOFT

### نتیجه‌گیری کلی

می‌توان اظهار نمود که این کار، گام اول در تهیه و تدوین و ساماندهی تشخیص رایانه‌ای گونه‌های نماتودها بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناختی و ریخت‌سنجی است. بخش اول این نرم‌افزار برای جنس *Criconemoides* اختصاص یافت و تعمیم آن به سایر جنس‌ها نیز در دست بررسی و اقدامات تکمیلی است. بدیهی است که انجام کارهایی بر اساس یافته‌های مولکولی و بیوشیمیایی با قابلیت ورود به چنین پایگاه‌های داده‌ای، برای تسهیل کار شناسایی دقیق‌تر و صحیح‌تر گونه‌ها ضروری به نظر می‌رسد.

### سپاسگزاری

از شرکت شبکه فراگیر باران به دلیل مشاوره در زمینه برنامه‌نویسی رایانه‌ای این نرم‌افزار و از آقای دکتر جابر کریم‌پور استادیار محترم گروه علوم کامپیوتر دانشگاه تبریز به خاطر بازبینی، تأیید و ارائه پیشنهادات سازنده تشکر و قدردانی می‌گردد.

NEMIDSOFT از جهات بسیاری شبیه NEMISYS

است، با این تفاوت که تحت زبان Borland Delphi 7 که Windows-based است، می‌باشد که با یک محیط گرافیکی با قابلیت‌های بالاتری طراحی گردیده است. برخی امکانات جانبی نظیر واژه‌های نماتودشناسی، نرم‌افزار Image Tool، قابلیت تهیه فایل پشتیبان با پسوند خاص که فقط توسط همین برنامه قابل بازبینی است و مدیریت کاربران نیز به طراحی این نرم‌افزار اضافه شده است. به علاوه NEMIDSOFT قابلیت قرارگیری بر روی شبکه جهانی اینترنت، تعمیم به سایر جنس‌ها و استفاده هم‌زمان چندین کاربر در محیط شبکه را نیز دارد. کار با این نرم‌افزار حتی برای مبتدی‌ها بسیار آسان می‌باشد. البته بدیهی است که هر کاربری که با این نرم‌افزار کار را شروع می‌کند، باید حداقل اطلاعات را از نماتودها و آشنایی مقدماتی با خانواده‌های نماتودها داشته باشد.

### 1. User-friendly

## REFERENCES

- Boag, B. & Smith, P. (1983). Computer assisted identification of nematodes. *Systematic Parasitology*, 5, 235-239.
- Brzeski, M. W., Loof, P. A. A. & Choi, Y. E. (2002a). Compendium of the genus *Mesocriconema* Andrassy, 1965 (Nematoda: Criconematidae), *Nematology*, 4 (3), 341 – 360.

3. Brzeski, M. W., Choi, Y. E. & Loof, P. A. A. (2002b). Compendium of the genus *Criconemoides* Taylor, 1936 (Nematoda: Criconematidae), *Nematology*, 4 (3), 325 – 339.
4. De Ley, P. & Blaxter, M. L. (2002). Systematic position and phylogeny. In: D. L. Lee (Ed.), *the Biology of Nematodes*. (pp. 1-30). Taylor and Francis. London.
5. Diederich, J. & Milton, J. (1988). NEMISYS: An expert-system for nematode identification. In R. Fortuner (Ed.), *Nematode identification and expert system technology*. (pp. 45- 63). Plenum Press.
6. Eisenback, J. D. (1998). *Glossary of plant nematodes and terms*. CAB International.
7. Fortuner, R. (1983). Computer assisted semi-automatic identification of *Helicotylenchus* species. The program NEMAID. *California Plant Pest and Disease Reporter*, 2, 45-48.
8. Fortuner, R. (1986). A better assessment of variability of qualitative characters for the computer identification program NEMAID. *Revue de Nematologie*, 9, 277-279.
9. Fortuner, R. & Wong, Y. (1984). Review of the genus *Helicotylenchus* Steiner, 1945 1. A computer program for identification of the species. *Revue de Nematologie*, 7, 385-392.
10. Gower, J. C. (1971). A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27, 857-87.
11. Raski, D. J. & Luc, M. (1987). A reappraisal of Tylenchida (Nemata) 10. The superfamily Criconematoidea Taylor, 1936. *Revue de Nematologie*, 10(4), 409 – 444.
12. Rey, J. M., Andres, M-Fe. & Arias, M. (1988). A computer method for identification nematode species. 1. Genus *Longidorus* (Nematoda: Longidoridae). *Revue de Nematologie*, 11, 129-135.
13. Rey, J. M. & Mahajan, R. (1988). Computer program for the identification of the genera *Tylenchorhynchus* and *Merlinius*. *Revue de Nematologie*, 18, 74-91.
14. Stone, A. R. (1984). Changing approaches in nematode taxonomy. *Plant Disease*, 68(7), 551- 554.
15. Subbotin, S. S., Vovlas, N., Crozzoli, R. Sturhan, D., Lamberti, F., Mones, M. & Baldwin, J. G. (2005). Phylogeny of *Criconematina Siddiqi, 1980* (Nematoda: Tylenchida) based on morphology and D2–D3 expansion segments of the 28S – rRNA gene sequences with application of a secondary structure model. *Nematology*, 7(6), 927 – 944.