

# „Scramble 2.0“ - eine computerunterstützte Identifikationshilfe für die Nematodengattungen *Longidorus* Micoletzky, 1922 und *Xiphinema* Cobb, 1913 (Nematoda: Dorylaimoidea)

ASTRID TIEFENBRUNNER<sup>1</sup>, MARTIN TIEFENBRUNNER<sup>2</sup> und WOLFGANG TIEFENBRUNNER<sup>3</sup>

<sup>1</sup> A-7052 Müllendorf, Steinzeile 7

<sup>2</sup> Logistik Management Service  
D-80331 München, Rosenstraße 7

<sup>3</sup> Bundesamt für Weinbau  
A-7000 Eisenstadt, Gölbeszeile 1  
w.tiefenbrunner@bawb.bmlfuw.gv.at

*Scramble 2.0* ist ein Softwareprodukt, das die Identifikation von Individuen der Gattungen *Longidorus* und *Xiphinema* unterstützt. Es benützt ausschließlich morphometrische Daten und gibt die Übereinstimmung mit allen 116 von CHEN et al., (1997) sowie LOOF and CHEN, (1999) akzeptierten *Longidorus*-Arten sowie den 196 Arten der Gattung *Xiphinema*, die im Bestimmungsschlüssel von LOOF and LUC (1990) und seinen Ergänzungen aufgelistet sind, an. Ein multivariates Präsentationsverfahren erlaubt den raschen Vergleich der zu analysierenden Individuen mit Referenzdaten. Im Gegensatz zur Vorgängerversion ist *Scramble 2.0* in Englisch, erlaubt die gleichzeitige Analyse mehrerer Individuen einer Probe und vermag eine Korrelationsanalyse der Merkmale durchzuführen. Es verfügt über eine bessere Datenselektion sowie über vielfältigere Möglichkeiten für die multivariate Analyse, das graphische Design und den Export der Grafiken.

**Schlagwörter:** Nematoden, *Longidorus*, *Xiphinema*, Identifizierung

„*Scramble 2.0*“ - a software tool as aid for the identification of the nematode genera *Longidorus* Micoletzky, 1922 und *Xiphinema* Cobb, 1913 (Nematoda: Dorylaimoidea). „*Scramble 2.0*“ is a software product that facilitates the identification of individuals of the genera *Longidorus* and *Xiphinema*. For this purpose it exclusively uses morphometric data. It displays correspondences with the 116 *Longidorus*-species accepted by the identification keys of CHEN et al. (1997) as well as of LOOF and CHEN (1999) as well as with the 196 *Xiphinema*-species of the key of LOOF and LUC (1990) and supplements. A multivariate presentation procedure allows a quick comparison between reference data and the individuals to be analysed. Contrary to an earlier version „*Scramble 2.0*“ is in English, allows simultaneous identification of several individuals of one sample and can do a correlation analysis of traits. Data selection is better and there is a bigger variety of possibilities for multivariate analysis and the design and export of graphics.

**Key words:** Nematodes, *Longidorus*, *Xiphinema*, identification

„*Scramble 2.0*“ - une aide à l'identification assistée par ordinateur pour les genres de nématodes *Longidorus* et *Xiphinema* (Nematoda: Longidoridae). *Scramble 2.0* est un logiciel qui permet l'identification d'individus des genres *Longidorus* et *Xiphinema*. Il utilise des données morphométriques et indique la concordance avec les 116 espèces *Longidorus* acceptées (CHEN et al., 1997; LOOF et CHEN, 1999) ainsi qu'avec les 196 espèces *Xiphinema* (LOOF et LUC, 1990). Une procédure de présentation multivariée permet la comparaison rapide des individus à analyser avec des données de référence. Contrairement à la version précédente, *Scramble 2.0* est en anglais, permet l'analyse simultanée de plusieurs individus d'un échantillon et est en mesure d'effectuer une analyse de corrélation des caractéristiques. Il dispose d'une meilleure sélection des données ainsi que d'un plus grand nombre de possibilités pour

*l'analyse multivariée, le design graphique et l'exportation du graphique.*

**Mots clés :** nématodes, Longidorus, Xiphinema, identification

Insbesondere in den letzten Jahren haben sich in der Literatur zahlreiche metrische Daten zu den Arten der Gattungen *Xiphinema* und *Longidorus* angesammelt, aus denen aber kaum ein Nutzen für Taxonomie und Identifikation gezogen wird. Metrische Daten sind zwar für die Identifikation sicherlich nicht nützlicher als nichtmetrische aber sie stehen genauso wenig in Konkurrenz wie dies etwa auch für morphologische und molekulare Daten gilt. Es geht also nicht darum, festzustellen, welches die „besseren“ Daten sind und gibt daher auch keinen Grund, warum nicht auch diese Informationsquelle so gut wie möglich genutzt werden sollte. Um diesem Ziel näher zu kommen, wurde die Software „Scramble“ entwickelt (TIEFENBRUNNER et al., 2002). Diese ermöglicht einen multivariaten Vergleich der Daten von Individuen der Gattung *Longidorus* mit Referenzdaten aus der Literatur und unterstützt außerdem einen Bestimmungsschlüssel zu dieser Gattung, indem sie aus der Morphometrie den Code ermittelt und diesen mit dem Code aller im Schlüssel angeführten Arten vergleicht. Letztlich soll die simple Handhabung metrischer Daten dazu führen, dass Daten dieses Typs

von den Anwendern auf digitalen Speichermedien gesammelt werden, so dass sie später auch zentral zusammengeführt werden können und schließlich allgemein und auf einfache Weise verfügbar sind. Um eine größere Verbreitung zu erlangen, muss die Software attraktiv sein. Aus diesem Grund wurde Scramble 2.0 entworfen, das gegenüber der Vorgängerversion deutlich weiterentwickelt, anwenderfreundlicher und zudem auch für die Gattung *Xiphinema* adaptiert ist.

Ruft man „Scramble2.exe“ auf, erscheint die Eingangsfläche, die einen doppelten Zweck erfüllt: Einerseits werden von hier aus Referenzdatei und Analysedatei geöffnet, andererseits dient sie der Auswahl der Daten. Die Referenzdatei enthält Daten aus der Literatur, die Analysedatei jene aus eigenen Messungen (Alle Daten stammen ausschließlich von Weibchen und müssen vollständig sein) (Abb. 1).

Wie schon in der Version „Scramble 1.0“ erscheinen nach dem Laden der Dateien mit den Tasten „Reference File“ und „Analysis File“ deren Objekte in Tabellen aufgelistet. Die linke Tabelle (Referenzdatei) enthält neben den Artnamen die Anfangsbuchstaben der Autorennachnamen sowie die Jahreszahl der Publikation, die rechte (Analysedatei) beliebige selbst gewählte Bezeichner. Die Daten sind nach dem Laden bereits im oberen Ordner auf den Seiten „Reference Data“ und „Analysis Data“ vorhanden und können durch Aktivieren der Seiten jederzeit sichtbar gemacht werden. Im Vergleich zur älteren Version ist in jeder Tabelle die Spalte „Selection“ hinzugekommen. Dies ist erforderlich, weil in „Scramble 2.0“ mehrere Individuen simultan analysiert werden können. Durch Mausclick auf

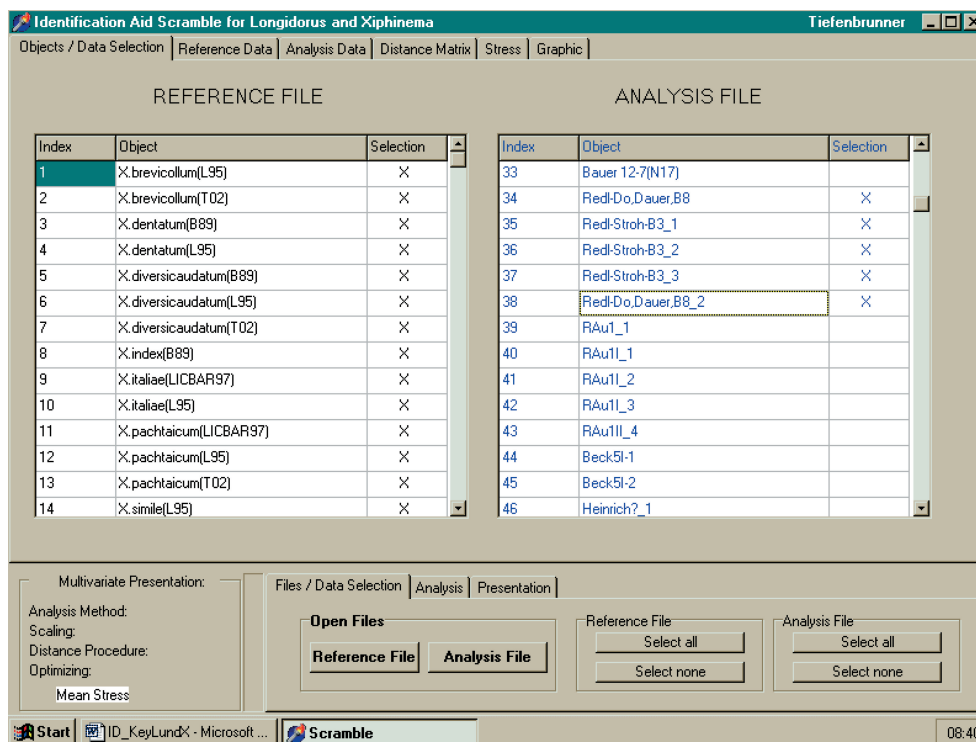


Abb. 1: Eingangsfläche (für das Laden der Dateien und die Datenselektion)

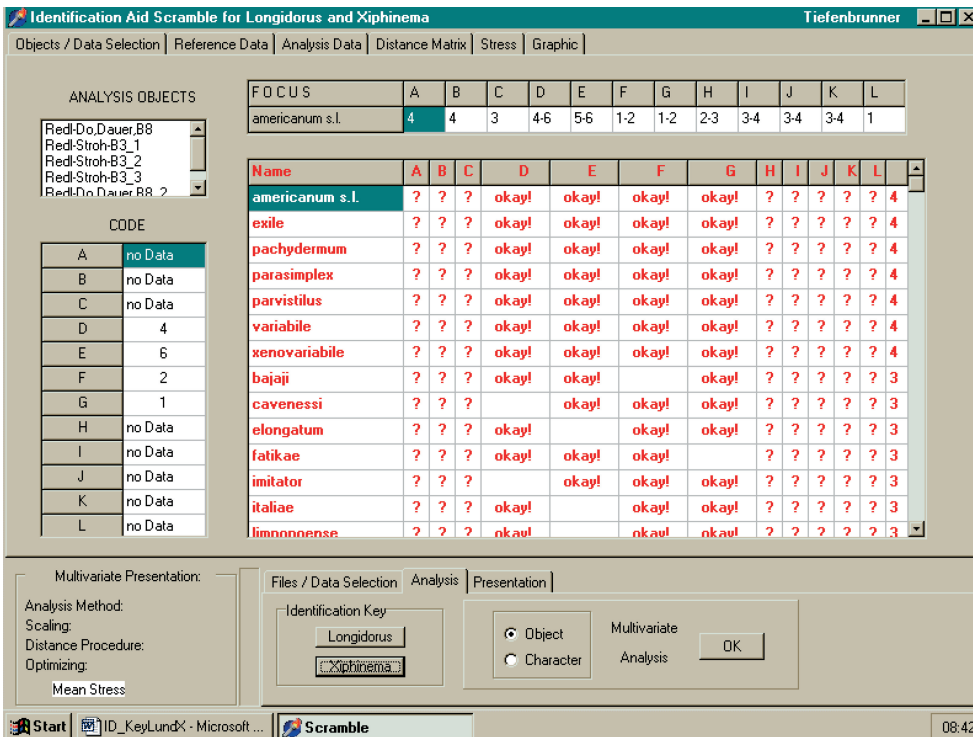


Abb. 2: Bestimmungsschlüsseloberfläche für *Xiphinema* (Sie gibt die Übereinstimmung der zu analysierenden Objekte nach dem Schema von LOOF und LUC (1990) für alle im Bestimmungsschlüssel akzeptierten Arten an.)

den bereits in der Vorgängerversion enthaltenen *Longidorus*-Schlüssel von CHEN et al. (1997) inklusive „Supplement 1“ nach LOOF und CHEN (1999) sowie nunmehr auch den Bestimmungsschlüssel von LOOF und LUC (1990) inklusive „Supplement 1“ nach LOOF und LUC (1993) und Supplement 2 nach LOOF et al. (1996).

Im vorliegenden Beispiel stammen die Daten von Individuen der Gattung *Xiphinema*, weshalb die „Xiphinema“-Schaltfläche angeklickt werden muss (Abb. 2). Als Resultat erscheint eine Auflistung der ausgewählten Analyse-Objekte. Zu

eine Zeile der entsprechenden Tabelle wird diese ausgewählt: Es erscheint ein „X“ in der Spalte „Selection“. Durch abermaliges Anklicken verschwindet das „X“ wieder, und die Auswahl ist rückgängig gemacht. Standardmäßig sind alle Objekte der Referenzdatei ausgewählt - ihre Daten werden also für die folgende Analyse verwendet, kein Objekt der Analysedatei ist ausgewählt. Mit Hilfe der Schaltflächen im unteren Ordner („Select all“, „Select none“) bzw. mit der rechten Maustaste kann man auch alle Objekte auf einmal markieren oder demarkieren. In jedem Fall muss man berücksichtigen, dass wenigstens einige Referenzobjekte markiert sein müssen. Die Untersuchung der Objekte der Analysedatei ist sonst nicht möglich, weil Referenz- und Analyseobjekte von „Scramble 2.0“ im Gegensatz zur Vorgängerversion unterschiedlich behandelt werden. Will man dennoch die Analyseobjekte allein untersuchen, muss man die Analysedatei als „Reference File“ laden.

Durch Aktivieren der „Analysis“-Seite des unteren Ordners werden die Auswertungsmöglichkeiten angezeigt. „Identification Key“ beinhaltet die beiden Bestimmungsschlüssel, über die „Scramble 2.0“ verfügt:

beachten ist, dass es nur sinnvoll ist, solche Analyseobjekte gemeinsam auszuwerten, die aus einer Probe oder einem Standort stammen und ähnliche Merkmalsausprägungen besitzen und daher wahrscheinlich zu einer Art gehören. Für diese Objekte werden jeweils die mittleren Ausprägungen aller Merkmale errechnet und der Code des Bestimmungsschlüssels ausgegeben, sofern sich dieser Code auf metrische Merkmale bezieht. Beim Schlüssel von LOOF und LUC (1990) ist dies allerdings nur für vier Entscheidungspunkte (D bis G) der Fall, weshalb für A bis C und H bis L „No Data“ erscheint (Die nichtmetrischen Merkmale müssen mit dem Originalschlüssel verglichen werden). Die Analyse metrischer Merkmale ist also für *Xiphinema* weniger nützlich als für *Longidorus*, da sich der Schlüssel von CHEN et al. (1997) in sechs Entscheidungspunkten auf metrische Merkmale bezieht.

Der Code der ausgewählten Analyseobjekte wird nun mit dem der Arten, die im Bestimmungsschlüssel und in den Supplements aufgelistet sind, verglichen. Das Resultat wird zunächst nach der Anzahl der Übereinstimmungen und danach alphabetisch geordnet und in Tabellenform ausgegeben. Unter anderem wird maxi-

male Übereinstimmung für *X. americanum sensu lato* festgestellt. Klickt man in der unteren rechten Tabelle auf die Zeile „americanum s. l.“, erscheint als Focus (obere rechte Liste) der gesamte Code dieser Gruppe. Er ist allerdings etwas vereinfacht, weil er keine Sonderzeichen (Klammern und Beistriche) enthält.

Als zweite Auswertungsmöglichkeit ist eine multivariate Analyse mit graphischer Präsentation vorgesehen. Mit ihrer Hilfe kann einerseits die Ähnlichkeit der Objekte (Individuen) untersucht werden, und andererseits die Korrelation jener Merkmale,

die für den Vergleich der Objekte herangezogen werden. Voreingestellt ist die Auswertung der Objekte. Klickt man auf die „Multivariate Analysis - OK“-Schaltfläche, wechselt der Ordner auf eine sonst nicht angezeigte Seite, die es ermöglicht, ein Skalierungsverfahren („Mean“ (= Mittelwert) bzw. „Minimum-Maximum“), eine Distanzmatrixprozedur („Euklid“ bzw. „Proportion“) und ein Optimierungsverfahren („Hierarchical“ bzw. „Best of“) auszuwählen. „Proportion“ vergleicht die Ähnlichkeit der Körperproportionen, während „Euklid“ direkt die entsprechend skalierten Merkmale zum Vergleich heranzieht. „Hierarchical“ berücksichtigt die Hierarchie der Distanzmatrix, was bei „Best of“ nicht der Fall ist. Bei letzterem Verfahren wird einfach das beste Ergebnis aus einer Serie von Wiederholungen herausgenommen. Bei sehr kleinen Distanzmatrizen oder sehr unklarer Datenhierarchie liefert dieses Verfahren deutlich bessere Resultate. Im Beispielfall wählen wir die Skalierungsmethode „Mean“, die Distanzprozedur „Proportion“ und das Optimierungsverfahren „Hierarchical“, was in einer Dokumentation links vom unteren Ordner angezeigt wird (Abb. 3).

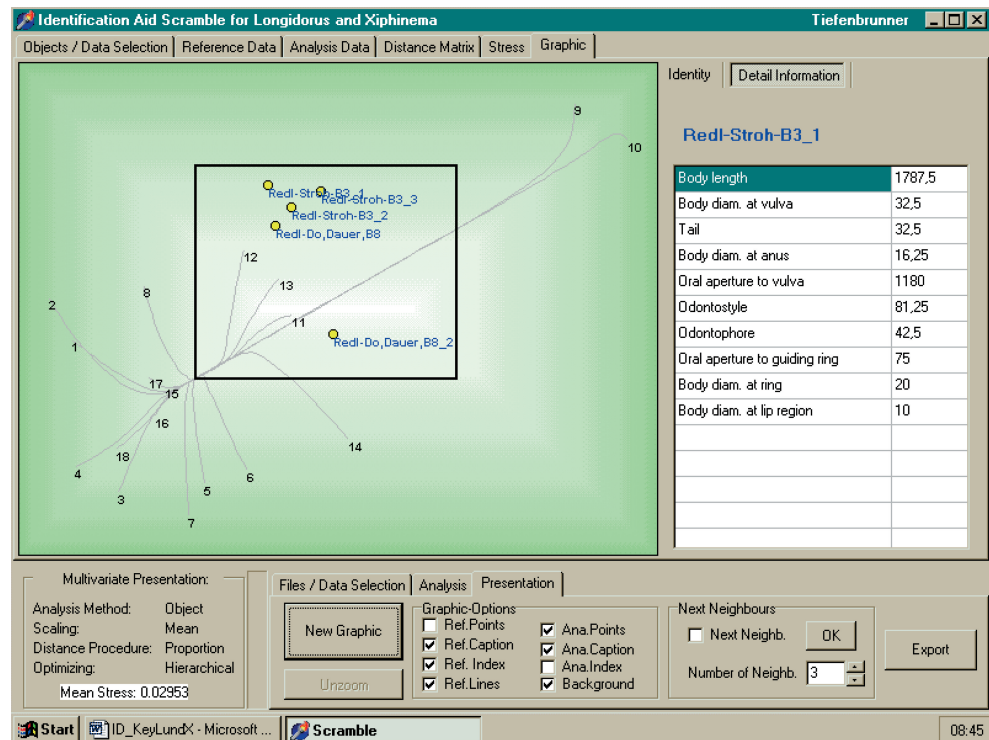


Abb. 3a: Oberfläche für die multivariate Präsentation: Aktiviert ist „Detail Information“. Das schwarze Rechteck auf der Zeichenfläche gibt den Bereich wieder, der nach dem Loslassen der linken Maustaste vergrößert wird.

Nach dem Aktivieren der „Distance Matrix“-Schaltfläche wird die Distanzmatrix errechnet, wobei der obere Ordner auf die Seite „Distance Matrix“ wechselt und diese darstellt. Der untere Ordner wechselt auf die „Presentation“-Seite, wo zunächst nur die „New Graphic“-Schaltfläche aktivierbar ist. Nach ihrer Verwendung erscheint nach einiger Zeit (dokumentiert durch eine Fortschrittsanzeige) eine Graphik. Je mehr sich die Objekte morphometrisch ähneln, umso näher beieinander sind sie in dieser Graphik dargestellt (wahlweise können die Objekte durch Punkte, Ziffern oder Bezeichner präsentiert sein). Die Güte der Abbildung wird durch den „Mean Stress“ repräsentiert (Abb. 3a und 3b, links unten). Generell sind Abbildungen anzustreben, die einen möglichst niedrigen Wert für den mittleren Stress aufweisen.

In den Abbildungen 3a und 3b wurden die graphischen Optionen so gewählt, dass die Referenzobjekte als schwarze Zahlen sichtbar sind, die durch ein Muster aus Linien verbunden sind. Diese Linien liefern Informationen über die Hierarchie der zugrundeliegenden Distanzmatrix, die nur sichtbar sind, wenn das Optimierungsverfahren „Hierarchical“ verwendet wurde.

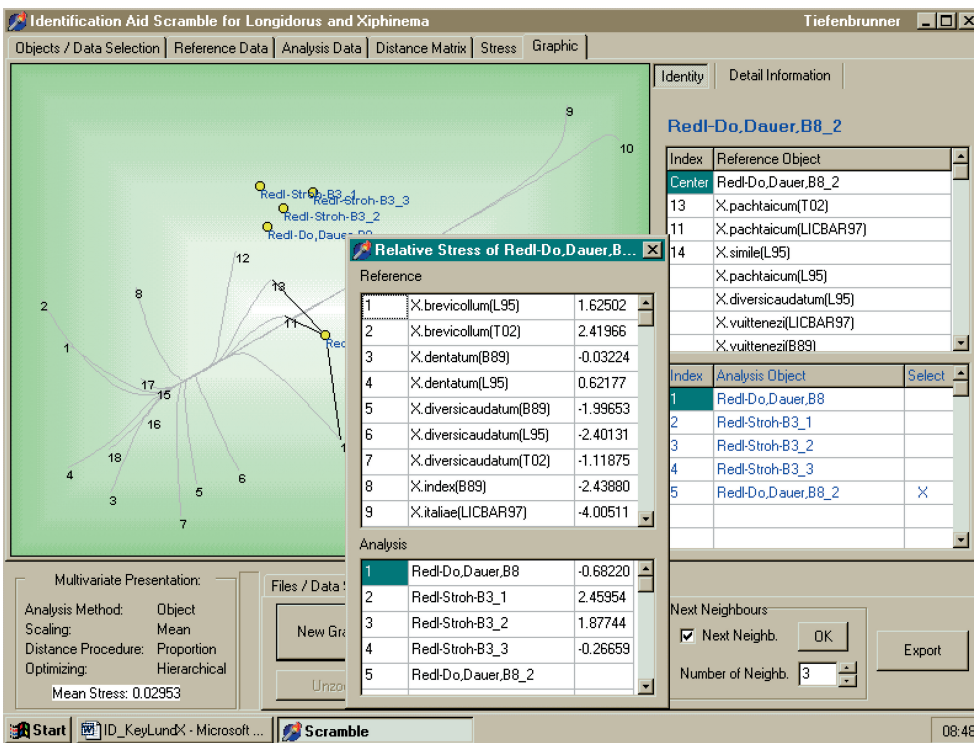


Abb. 3b: Oberfläche für die multivariate Präsentation: Aktiviert sind „Identity“, die „Next Neighbours“-Prozedur sowie ein Fenster, das die Abbildungsfehler relativ zum ausgewählten Objekt darstellt.

„Next Neighbours“-Prozedur auch gesondert analysiert werden (Abb. 3b). Dazu klickt man einfach mit der linken Maustaste auf einen der gelben Punkte. Dann werden die Referenzobjekte in der oberen Tabelle nach ihrer Ähnlichkeit zum ausgewählten Analyseobjekt sortiert, und es erscheinen in der Grafik Linien, die das Analyseobjekt mit den ähnlichsten Referenzobjekten verbindet. Die Anzahl dieser Verbindungen kann im unteren Ordner im Editierfenster „Number of Neighbours“ eingestellt werden. Alternativ lässt sich die Auswahl des Analyse-

Die Zahlen entsprechen jenen der Indexspalte der oberen Tabelle, die daher eine Identifikation der Referenzobjekte ermöglichen (nur wenn die „Next Neighbour“-Prozedur nicht aktiviert ist - nicht abgebildet). Die Identifikation lässt sich aber auch dadurch bewerkstelligen, dass man den Mauszeiger über die Zeichenfläche bewegt: Der Name jenes Referenz- oder Analyseobjektes, das der Mausposition am nächsten ist, wird in dem Label oberhalb der beiden Tabellen sichtbar. Wechselt man von „Identity“ auf „Detail Information“ (oberhalb des Labels), wird nicht nur die Bezeichnung des Objektes, sondern auch die jeweilige Ausprägung aller seiner Merkmale erkennbar, was für den Detailvergleich wichtig ist (Abb. 3a).

Die Bezeichner aller Referenzobjekte können auch durch Benützen der „Graphic Options“ auf der Grafik sichtbar gemacht werden. Dazu muss „Ref.Caption“ auf „aktiv“ und „Ref.Index“ auf „inaktiv“ gestellt werden.

In Abbildung 3 sind die Analyseobjekte durch gelbe Kreise repräsentiert. Diese liegen den Referenzobjekten 11, 12 und 13, deren Daten von *X. pachtaicum*- (einem Vertreter von *X. americanum* s. l.) -Individuen stammen, am nächsten. Jedes Analyseobjekt kann mit der

seobjekts durch Anklicken der entsprechenden Zeile in der unteren Tabelle bewerkstelligen. Die „Next Neighbours“-Prozedur kann dann durch die „Next Neighbours-OK“-Schaltfläche aktiviert werden. Es ist jedenfalls bei diesem Verfahren darauf zu achten, dass nicht die Länge der Verbindungen (falls „Number of Neighbours“ auf größer als eins gestellt ist) zwischen Analyse- und Referenzobjekt, sondern ausschließlich die Reihung der Referenzobjekte in der oberen Tabelle über das ähnlichste Referenzobjekt Aufschluss gibt (Abb. 3b). Man muss bedenken, dass die Position eines Objektes in der Grafik unter Berücksichtigung (nahezu) aller Werte der Distanzmatrix zustande kommt, während die „Next Neighbours“-Prozedur die Werte lediglich reiht. Beide Verfahren müssen daher nicht zum gleichen Resultat kommen. Bei der Erstellung der Graphik wird ein Unterschied zwischen Referenz- und Analyseobjekten gemacht. Die Darstellung der Referenzobjekte soll ja unabhängig davon sein, welche Analyseobjekte gerade gewählt wurden. Zur Positionierung der Referenzobjekte werden lediglich die Distanzwerte zwischen Referenzobjekten berücksichtigt, d.h. die Analyseobjekte beeinflussen also die Position der Referenzobjekte nicht. Die Positionierung jedes Analyseob-

jekts hängt ebenfalls ausschließlich von den Referenzobjekten ab, wird also von den anderen Analyseobjekten nicht beeinflusst. Gelegentlich ist es nützlich, einen Teilausschnitt der Graphik zu vergrößern. Dies ist möglich, indem man einen Punkt der Graphik anklickt, die linke Maustaste gedrückt hält, die Maus so bis zur gewünschten Position zieht und danach die Taste loslässt. Während des Ziehens entsteht ein Rechteck (Abb. 3a), das den zu vergrößern Ausschnitt der Graphik begrenzt.

Das Zoomen lässt sich mit der „Unzoom“-Schaltfläche rückgängig machen. Mit der rechten Maustaste lässt sich ein Fenster öffnen, das den Abbildungsstress - das heißt den Fehler bei der Positionierung in der Grafik für jedes Referenz- und Analyseobjekt in Bezug zu dem der Mausposition nächsten Objekt - wiedergibt (Abb. 3b). Negative Werte bedeuten, dass die Distanz zwischen ausgewähltem Objekt und dem in der Tabelle angeführten Objekt geringer ist, als dies nach den Distanzmatrixwerten eigentlich der Fall sein sollte. Bei positiven Werten ist die abgebildete Distanz zu groß. Man beachte, dass alle Angaben Relativwerte sind, die sich auf den „Mean Stress“ beziehen. D.h., wenn der mittlere Stress gering ist, sind selbst Absolutwerte von 4 oder 5 keine wirklich großen Abweichungen.

Mittels der „Export“-Schaltfläche lässt sich die Graphik als Print exportieren, in eine Datei oder ins Clipboard übertragen (Abb. 4). Zusätzlich zu den Graphik-Optionen bietet das Exportformblatt weitere Möglichkeiten der Gestaltung und der Beschriftung. Die Wahl des Datentyps ist bedeutend, weil z.B. der Datentyp „Bitmap“ speicherintensiv ist und es daher gelegentlich zu Problemen kommen kann. In diesem Fall ist der Datentyp „Metafile“ vorzuziehen. Mit „Picture Size“ lässt sich

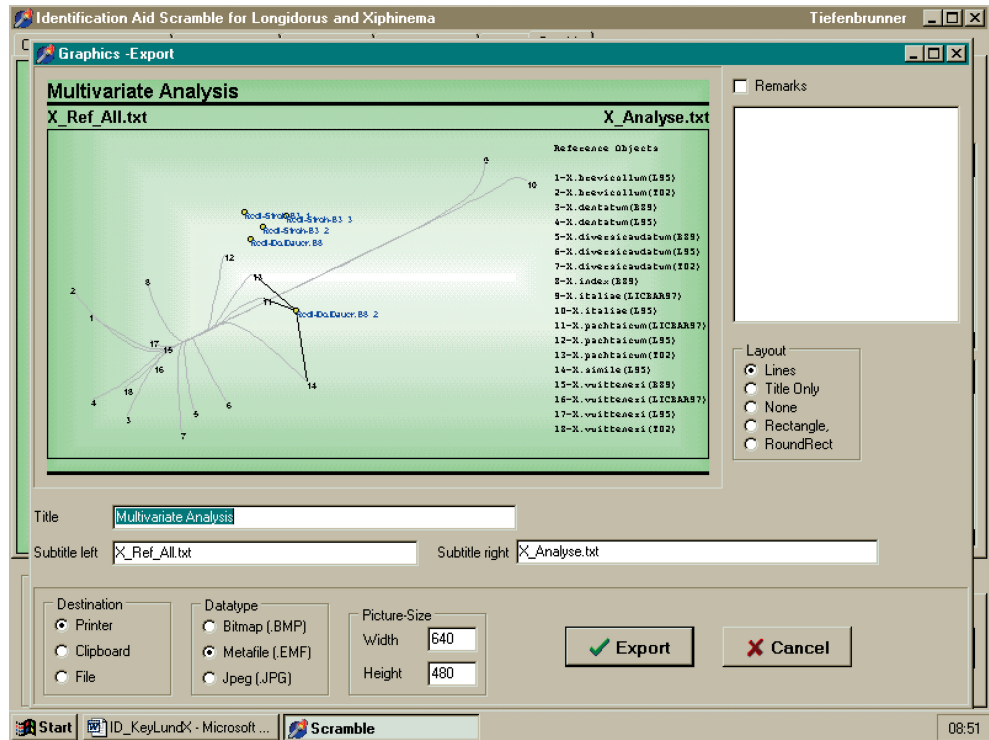


Abb. 4: Das „Export“-Fenster weist zahlreiche zusätzliche Optionen auf, erlaubt den Ausdruck, leitet die Daten ins Clipboard weiter oder speichert sie in einer Datei.

die Anzahl der Pixel und damit die graphische Auflösung verändern.

### Datenstruktur in Referenz- und Analyse-datei

Der Vergleich der Daten von Referenz- und Analysedatei einerseits bzw. der Analysedatei mit den Bestimmungsschlüssel-Dateien macht eine Festlegung der Datenstruktur erforderlich. Diese Struktur unterscheidet sich aber bei den beiden Gattungen. Dies wird wiederum durch die Verschiedenheit der Bestimmungsschlüssel bedingt. Für *Longidorus* ist die Grundstruktur in Tabelle 1 dargestellt.

Neben den neun Merkmalen, die bei *Longidorus* Verwendung finden, wird bei *Xiphinema* auch noch die Länge des Odontophors berücksichtigt (Tab. 2). Die Reihenfolge der Merkmale ist von Bedeutung.

Alle Referenz- und Analysedateien sind Textdateien mit dem Delimiter „Tabulator“ und lassen sich mit einem beliebigen Editor oder z.B. mit dem Tabellenkalkulationsprogramm „MS Excel“ leicht bearbeiten. Mit

Tabelle 1:

Grundstruktur für die morphometrischen Daten von Referenz- und Analysedatei für die Gattung *Longidorus* (Daten in mm nach LISKOVA, 1997)

Species	Body-length	Body Ø at vulva	Tail	Body Ø at anus	Oral aperture to vulva	Odonto-style	Oral aperture to guiding ring	Body Ø at ring	Body Ø at lip region
<i>L.elongatus</i>	5600	64	45	45	2660	91	32	22	13
<i>L.raskii</i>	6900	88	38	59	3519	95	36	30	14
<i>L.juvenilis</i>	3600	35	54	24	1692	61	26	19	10
....									

Tabelle 2:

Grundstruktur für die morphometrischen Daten von Referenz- und Analysedatei für die Gattung *Xiphinema* (Daten in mm nach BARSÌ, 1989)

Species	Body length	Body Ø at vulva	Tail	Body Ø at anus	Oral aperture to vulva	Odonto-style	Odonto-phore	Oral aperture to guiding ring	Body Ø at ring	Body Ø at lip region
<i>X.dentatum</i>	4000	64	35	46	1840	135	86	129	45,5	15,5
<i>X.diversicaudatum</i>	3900	60	45,5	43,5	1677	129	76	114,5	38	13
<i>X.index</i>	2900	48	40	37	1189	129	72	117,5	37	13
<i>X.vuittenezi</i>	3200	50,5	37	37,5	1600	129	75,5	118	37	14
....										

„Scramble2.exe“ werden noch folgende Textdateien mitgeliefert:

ChenEtAl.txt: die Datei enthält die Daten von CHEN et al. (1997) sowie LOOF und CHEN (1999).

LoofLuc.txt enthält alle für die Anwendung von „Scramble 2.0“ bedeutenden Informationen von LOOF und LUC (1990), LOOF und LUC (1993) und LOOF et al. (1996).

L\_Ref\_All.txt enthält Referenzdaten zur Gattung *Longidorus*. Diese Datei kann und sollte eigenständig erweitert werden.

L\_Analyse.txt enthält beispielhaft einige Analysedaten. Diese sollten schließlich durch eigene Daten ersetzt werden.

X\_Ref\_All.txt enthält Referenzdaten zur Gattung *Xiphinema*, ebenso wie Xa\_Referenz.txt, letztere aber nur zu *Xiphinema americanum sensu lato*. Xa\_Refe-

renz.txt sollte insbesondere dann verwendet werden, wenn der Bestimmungsschlüssel „americanum s. l.“ ausgibt. Beide Dateien sollten den individuellen Ansprüchen angepasst werden.

X\_Analyse.txt enthält ebenfalls einige Analysedaten, die letztlich durch eigene ersetzt werden sollen.

Weitere Textdateien mit dem Delimiter „Tabulator“ werden von „Scramble 2.0“ für die multivariate Analyse akzeptiert, wenn maximal 255 Objekte zu höchstens 255 metrischen Merkmalen vorliegen.

### Installation

Das Programm wurde in „ObjectPascal“ unter Zuhilfenahme der Entwicklungsumgebung „Delphi 5“ für PC mit Betriebssystem Windows 95, 98, NT und 2000 verfasst. Die Ausführungs-Datei „Scramble2.exe“ wird ge-

meinsam mit den Textdateien „ChenEtAl“ und „LoofLuc“ in ein eigenes Verzeichnis (z.B. mit dem Namen „Scramble“) kopiert; die Referenz- und Analysedateien sollten in Unterverzeichnisse kopiert werden, z.B. nach dem Schema von Abbildung 5. Die Ausführungsdatei wird z. B. durch Anklicken im Explorer gestartet. „Scramble2.exe“ ist via E-mail: w.tiefenbrunner@bawb.bmlfuw.gv.at oder unter [www.visualdataflow.de/biologies/scramble2.zip](http://www.visualdataflow.de/biologies/scramble2.zip) als kostenfreie Beta-Version erhältlich.

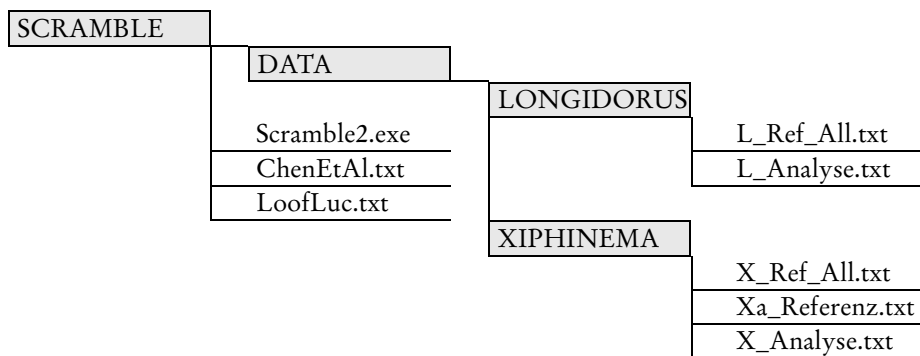


Abb. 5: Empfohlene Verzeichnisstruktur

## Methode

Die zugrundeliegenden Verfahren sind bereits in der Beschreibung der Vorgängerversion erläutert worden (TIEFENBRUNNER et al., 2002).

## Referenzdaten

Die Referenzdaten entstammen der Literatur und sind nicht vollständig. Die Daten stammen hauptsächlich aus Österreich und den Nachbarländern, weil sie primär für den eigenen Gebrauch gesammelt wurden. Sie sind jedenfalls elementarer Bestandteil der Identifikationssoftware und verdienen daher eine kurze Besprechung.

L\_Ref\_All.txt enthält teilweise metrische Daten von Spezies, die nicht mit dem Code des Bestimmungsschlüssels von Chen et al. (1997) übereinstimmen:

*L. elongatus* (TIEFENBRUNNER und TIEFENBRUNNER, 2001) hat den Code: A3,B3,C2,D3,E2,F2,G2,H2,I1.

Für *L. elongatus* ist im Bestimmungsschlüssel C3 angegeben. Im Mittel beträgt die Distanz zwischen Körpervorderende und Führungsring bei den in Österreich aufgefundenen Individuen 27,5 µm. Kein einziges Individuum hatte bislang die für C3 „geforderten“ 31 µm.

*L. juglandicola* (LISKOVA et al., 1997) weist mit einem Körperdurchmesser bei der Lippenregion von 19 µm den Code B3 auf, statt wie bei LISKOVA et al. (1997) beschrieben und von LOOF und CHEN (1999) akzeptiert B4. Vielleicht wäre es besser, den Code auf B34 auszuweiten.

*L. juvenilis* (BARSI, 1989) hat mit 16 µm Distanz zwischen Vorderende und Führungsring den Code C1 statt C2.

*L. picenus* (LISKOVA, 1997) hat den Code G1 statt G2, ebenso wie *L. poessneckensis*. Bei letzterer findet man zusätzlich den Code B2 (Durchmesser der Lippenregion 15 µm) statt B34.

Auch *L. raskii* (LISKOVA, 1997) hat mit einem Körperdurchmesser bei der Lippenregion von 14 µm den Code B2 (statt B3).

Der Vergleich der Daten der Referenzspezies durch das multivariate Darstellungsverfahren zeigt zwei problematische Fälle auf: *L. picenus* (LISKOVA, 1997) ähnelt *L. macrosoma* (BARSI, 1989) mehr, als *L. picenus* (ROCA et al., 1984) und vice versa. Wegen des sehr charakteristischen Vorderendes von *L. macrosoma* ist eine Verwechslung in dem Sinne, dass eine der beiden *L. picenus* in Wirklichkeit *L. macrosoma* ist, allerdings ausgeschlossen. Es ist aber möglich, dass die beiden *L. picenus* unterschiedliche Arten mit nur zufällig annähernd gleichem Code repräsentieren oder dass bei *L. picenus* der Körperdurchmesser sehr stark schwankt.

Auffällig ist auch das starke Abweichen der metrischen Merkmale von *L. euonymus* (LAMBERTI et al., 1997) im Vergleich zu den anderen beiden Beschreibungen dieser Spezies. *L. euonymus* (LAMBERTI et al., 1997) ist kürzer und zarter als die beiden anderen.

Auch X\_Ref\_All.txt enthält einige Spezies mit metrischen Merkmalen, die vom Bestimmungsschlüssel von LOOF und LUC (1990) abweichen:

*X. dentatum* (LISKOVA, 1995) fällt mit einer Vulvaposi-tion von 50 % in einen nicht definierten Bereich: E5 ist mit 45-49 definiert, E6 mit 50 (für *X. dentatum* angegebener Code: E45). Bei Verwendung eines computerisier-ten Schlüssels sind nicht definierte Bereiche natürlich problematisch. Eine Änderung wäre wünschenswert.

*X. diversicaudatum* (BARSI, 1989; TIEFENBRUNNER, 2002) weisen den Code D6 statt wie im Schlüssel angegeben D5 auf.



Xa\_Referenz.txt enthält drei Spezies, die mit dem Code von *X. americanum* s. l. nicht übereinstimmen, nämlich *X. longistilum*, *X. mesostilum* und *X. microstilum* (LAMBERTI et al., 1994). Alle drei Arten weisen F3 statt F1/2 auf, sind also länger als 2,5 mm oder genau so lang.

## Literatur

- BARSI, L. 1989: The Longidoridae (Nematoda: Dorylaimida) in Yugoslavia. I. Nematol. Mediterranea 17: 97-108
- BROWN, D.J.F., KUNZ, P., GRUNDER, J. and ROBERTSON, W.M. 1998: Differential transmission of cherry rosette nepovirus by populations of *Longidorus arthensis* (Nematoda: Longidoridae) with a description of the association of the virus with the odontostyle of its vector. Fundam. Appl. Nematol. 21(6): 673-677
- CHEN, Q., HOOPER, D.J., LOOF, P.A.A. and XU, J. 1997: A revised polytomous key for the identification of species of the genus *Longidorus* Micoletzky, 1922 (Nematoda: Dorylaimoidea). Fundam. Appl. Nematol. 20(1): 15-28
- LAMBERTI, F. and AGOSTINELLI, A. 1993: *Longidorus raskii* sp. n. (Nematoda: Dorylaimida) from Switzerland. Nematol. Mediterranea 21: 243-246
- LAMBERTI, F., BRAVO, M.A., AGOSTINELLI, A. and LEMOS, R.M. 1994: The *Xiphinema americanum*-group in Portugal with descriptions of four new species (Nematoda Dorylaimida). Nematol. Mediterranea. 22: 189-218
- LAMBERTI, F., IOVEV, T., CHOLEVA, B., BROWN, D.J.F., AGOSTINELLI, A. and RADICCI, V. (1997): Morphometric variation and juvenile stages of some Longidorid nematodes from Bulgaria with comments on the number of juvenile stages of *Longidorus africanus*, *L. closelongatus* and *Xiphinema santos*. Nematol. Mediterranea 25(2): 213-238
- LISKOVA, M. 1995: Faunistic and ecological notes on *Xiphinema* (Nematoda: Dorylaimida) in Slovakia. Biologia (Bratislava) 50: 125-131
- LISKOVA, M. 1997: Nematodes of the family Longidoridae in the rhizosphere of grapevines in the Slovak Republic. Helminthologia 34(2): 87-95
- LISKOVA, M. and BROWN, D.J.F. 1998: Longidoridae (Nematoda) associated with walnut trees (*Juglans regia* L.) in Slovak Republic. Helminthologia 35(2): 93-99
- LISKOVA, M. and BROWN, D.J.F. 1995: The occurrence and distribution of *Longidorus leptoccephalus* (Nematoda Dorylaimida) in the Slovak Republic with comment on the putative „large“ and „small“ forms. Nematol. Mediterranea 23: 315-320
- LISKOVA, M., ROBBINS, R.T. and BROWN, D.J.F. 1997: Descriptions of three new *Longidorus* species from Slovakia (Nematoda: Longidoridae). J. Nematology 29(3): 336-348
- LISKOVA, M. and STURHAN, D. 2000: Occurrence and ecology of Longidoridae (Nematoda: Dorylaimida) in floodplain forests in the Slovak Republic. Helminthologia 37(2): 113-117
- LOOF, P.A.A. and CHEN, Q. 1999: A revised polytomous key for the identification of species of the genus *Longidorus* Micoletzky, 1922 (Nematoda: Dorylaimoidea). Nematology 1(Supplement 1): 55-59
- LOOF, P.A.A. and LUC, M. 1990: A revised polytomous key for the identification of species of the genus *Xiphinema* Cobb, 1913 (Nematoda: Longidoridae) with exclusion of the *X. americanum*-group. Systematic Parasitology 16: 35-66
- LOOF, P.A.A. and LUC, M. 1993: A revised polytomous key for the identification of species of the genus *Xiphinema* Cobb, 1913 (Nematoda: Longidoridae) with exclusion of the *X. americanum*-group. Supplement 1. Systematic Parasitology 24: 185-189
- LOOF, P.A.A. and LUC, M. 1996: A revised polytomous key for the identification of species of the genus *Xiphinema* Cobb, 1913 (Nematoda: Longidoridae) with exclusion of the *X. americanum*-group. Supplement 2. Systematic Parasitology 33: 23-29
- PENEVA, V., CHOLEVA, B. and NEDELICHEV, S. 1997: Description of *Longidorus fagi* n. sp. (Nematoda, Dorylaimida) with an identification key to the species of the genus occurring in Bulgaria. Systematic Parasitology 36: 115-122
- ROCA, F., LAMBERTI, F. and AGOSTINELLI, A. 1984: Three new species of *Longidorus* (Nematoda, Dorylaimida) from Italy. Nematol. Mediterranea 12: 187-200
- TIEFENBRUNNER, A. und TIEFENBRUNNER, W. 2001: Die Nematodengattung *Longidorus* in den Weinbauregionen Österreichs : Morphometrie und Verbreitung der Arten. Wein-Wiss. (im Druck)
- TIEFENBRUNNER, A. und TIEFENBRUNNER, W. 2002: Die Nematodengattungen *Xiphinema* Cobb, 1913 (Nematoda: Longidoridae) und *Paralongidorus* Siddiqi, Hooper und Khan 1963 (Nematoda: Longidoridae) in den Weinbauregionen Österreichs : Morphometrie und Verbreitung der Arten. Wein-Wiss. (in Druck)
- TIEFENBRUNNER, A., TIEFENBRUNNER, M., TIEFENBRUNNER, W. und WAHRA, A. 2002: A software tool as aid for the identification of species of the plant parasitic nematode genus *Longidorus* Micoletzky, 1922 (Nematoda: Dorylaimoidea). Nematology 4(7): 845-852

Manuskript eingelangt am 11. März 2002