



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI CATANIA

DIPARTIMENTO DI SCIENZE BIOLOGICHE, GEOLOGICHE E AMBIENTALI

DOTTORATO DI RICERCA IN SCIENZE DELLA TERRA E DELL'AMBIENTE

XXXV CICLO

Diego Leone

Biodiversità dei nematodi entomopatogeni in Sicilia: caratterizzazione molecolare, biologia e batteri simbiotici

TESI DI DOTTORATO

Tutor:

Prof.ssa Mirella Clausi

Co-Tutor:

Prof. Giancarlo Rappazzo

Coordinatore:

Prof.ssa Agata Di Stefano

ANNO ACCADEMICO 2023/2024

INDICE

Riassunto	1-2
Summary	3-4
Premessa e scopo del lavoro	5-6
1. Introduzione	7-23
1.1. Nematodi entomopatogeni (EPN)	7
1.2. Steinernematidae: storia, tassonomia e sistematica	10
1.3. Heterorhabditidae: storia, tassonomia e sistematica	11
1.4. Origine della relazione nematode-batterio-insetto e filogenesi dei generi <i>Steinernema</i> ed <i>Heterorhabditis</i>	12
1.5. EPN: habitat e fattori che ne influenzano la distribuzione	16
1.6. Nematodi entomopatogeni in Italia	18
1.7. <i>Xenorhabdus</i> e <i>Photorhabdus</i> : caratteristiche, simbiosi ed evoluzione ...	20
2. Materiali e metodi	24-35
2.1. Campionamento ed estrazione degli EPN	24
2.2. Analisi molecolare degli EPN	28
2.3. Prove di patogenicità degli EPN	30
2.4. Osservazioni relative al ciclo biologico	31
2.5. Isolamento dei batteri simbiotici	32
2.6. Analisi statistiche	35
3. Risultati	36-90
3.1. Identificazione, distribuzione e habitat degli EPN isolati	36
3.1.1. Specie e ceppi di EPN rinvenuti	36
3.1.2. Distribuzione e habitat degli EPN isolati	39
3.2. Analisi molecolare degli isolati di <i>S. feltiae</i>	42
3.2.1. Allineamento multiplo delle sequenze	43
3.2.2. Matrice delle distanze genetiche e ricostruzione filogenetica	48
3.3. Analisi molecolare degli isolati di <i>S. kraussei</i>	53
3.3.1. Allineamento multiplo delle sequenze	54
3.3.2. Matrice delle distanze genetiche e ricostruzione filogenetica	56
3.4. Analisi molecolare degli isolati di <i>H. bacteriophora</i>	61
3.4.1. Allineamento multiplo delle sequenze	62
3.4.2. Matrice delle distanze genetiche e ricostruzione filogenetica	64

3.5. Analisi molecolare degli isolati di <i>Steinernema</i> sp.	68
CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6	
3.5.1. Allineamento multiplo delle sequenze e inquadramento tassonomico	69
3.6. Analisi molecolare dell'isolato di <i>S. apuliae</i> TP-SEL4	77
3.7. Caratterizzazione biologica degli EPN e dei batteri simbiotici	82
3.7.1. Prove di patogenicità su <i>Galleria mellonella</i>	82
3.7.2. Studio del ciclo vitale di <i>S. apuliae</i> TP-SEL4 e <i>S. feltiae</i> EPP	84
3.7.3. Saggio di sopravvivenza degli stadi non-IJ di	86
<i>S. apuliae</i> TP-SEL4 e <i>S. feltiae</i> EPP	
3.7.4. Studio <i>in vitro</i> delle capacità di <i>scavenging</i> di	87
<i>S. apuliae</i> TP-SEL4 e <i>S. feltiae</i> EPP	
3.7.5. Studio del ciclo vitale e delle capacità di <i>scavenging</i> di	88
<i>S. apuliae</i> TP-SEL4 e <i>S. feltiae</i> EPP in test di microcosmo	
3.7.6. Batteri simbiotici	89
4. Discussioni e conclusioni	91-104
Bibliografia	105-130
Appendice	131-360

Riassunto

La ricerca svolta in questi anni, ed esposta in questo elaborato, attiene a uno studio di base sui nematodi entomopatogeni (EPN) della Sicilia. È stata indagata la diversità e la distribuzione degli EPN nella Regione, con campionamenti in 8 delle 9 province siciliane e in 26 siti differenti, per un totale di 290 campioni raccolti, nei quali sono stati rinvenuti complessivamente 45 isolati (34 steinernematidi e 11 heterorabditidi). Le specie identificate sono cinque: *Steinernema feltiae* Filipjev, 1934; *S. kraussei* (Steiner, 1923) Travassos, 1927; *S. apuliae* Triggiani, Mráček & Reid, 2004; *Steinernema* sp., probabile nuova specie, appartenente allo “*Steinernema feltiae* group” ed *Heterorhabditis bacteriophora* Poinar, 1976. I campionamenti sono stati effettuati in ambienti differenti per caratteristiche ecologiche ed evidenziano l’ampia presenza degli EPN in Sicilia, sia in termini di specie che di isolati, maggiormente negli ambienti naturali rispetto a quelli antropizzati, mettendo in luce per alcune specie la preferenza di specifici habitat.

Gli isolati sono stati caratterizzati dal punto di vista molecolare attraverso lo studio del locus ITS, sia per la loro identificazione specifica, sia per indagarne i rapporti filogenetici con isolati conspecifici e provenienti da altre aree geografiche. Quest’analisi ha permesso di chiarire la posizione tassonomica della quasi totalità degli EPN rinvenuti, a esclusione di tre isolati per i quali non si è giunti a una identificazione specifica certa. Le ricostruzioni filogenetiche convergono sulla loro collocazione all’interno del *Feltiae* group e sulla possibilità che essi rappresentino una specie nuova per la scienza. L’analisi delle sequenze ITS ha inoltre messo in evidenza, come nel caso degli isolati di *S. feltiae*, l’occorrenza di fenomeni di microevoluzione in grado di determinare aplotipi peculiari nelle popolazioni locali di EPN.

Sono stati studiati, inoltre, alcuni tratti della biologia di questi animali, valutandone le capacità patogene nei confronti di *Galleria mellonella*, e alcuni aspetti del ciclo vitale. I risultati ottenuti hanno confermato come alcune specie esplichino al meglio la loro attività patogena a temperature differenti e hanno evidenziato buoni livelli di patogenicità in tutti gli isolati oggetto dello studio. Questi dati, insieme a quello legato alle preferenze di habitat, possono consentire un più mirato utilizzo degli isolati autoctoni, in sostituzione dei formulati commerciali, nel controllo biologico di insetti nocivi, con evidenti ricadute a vantaggio della biodiversità locale.

L’isolato appartenente alla specie *S. apuliae* ha mostrato un ciclo vitale anomalo, con diversi stadi giovanili e adulti in grado di completare il ciclo all'esterno dell'insetto, a differenza di quanto accade nel normale svolgimento del ciclo degli EPN. Queste osservazioni pongono

interessanti interrogativi sui processi evolutivi, tuttora in corso, riguardanti la complessa simbiosi nematode-batterio-insetto.

Infine, sono stati acquisiti alcuni dati preliminari relativi ai batteri simbionti. Questi sono stati isolati e identificati fenotipicamente su piastre selettive, sia cromogeniche che antimicrobiche, e conservati in glicerolo a -80 °C. Per tutti gli EPN rinvenuti è stato possibile isolare i rispettivi simbionti, sui quali sono stati anche effettuati test per verificarne la resistenza all'antibiotico Tetraciclina. I dati ottenuti rafforzano il discusso legame tra questi batteri e i nematodi ospiti e la loro azione sinergica come entomopatogeni.

Parole chiave: nematodi entomopatogeni; biodiversità; Steinernematidae; Heterorhabditidae; internal transcribed spacer (ITS); saggi di patogenicità; ciclo vitale.

Summary

The research carried out in recent years, and exposed in this Thesis, concerns a basic study on the entomopathogenic nematodes (EPN) of Sicily. The biodiversity and distribution of EPNs in the Region was investigated, by sampling throughout 26 different sites located in 8 of the 9 Sicilian provinces. 290 samples were collected, in which a total of 45 isolates were found, 34 belonging to steinernematids and 11 to heterorabditids. Five species have been identified: *Steinernema feltiae* Filipjev, 1934; *Steinernema kraussei* (Steiner, 1923) Travassos, 1927; *Steinernema apuliae* Triggiani, Mráček & Reid, 2004; a so far unclassified *Steinernema* sp., possibly a new species belonging to the “*Steinernema feltiae* group”; *Heterorhabditis bacteriophora* Poinar, 1976. Samplings were carried out in different environments, owning distinct ecological characteristics, and confirmed the wide presence of EPNs in Sicily, both in terms of species and isolates, more in natural environments than in anthropized ones, allowing to highlight the preference of specific habitats for some species.

The isolates were characterized from a molecular point of view by sequencing the ITS locus, both for their specific identification and to investigate their phylogenetic relationships with conspecific isolates coming from other geographical areas. This analysis helped to clarify the taxonomic position for almost all the isolates found, except for three for which a clear specific identification was not achieved. Different phylogenetic reconstruction approaches agree on placing this taxon within the *Feltiae* group and on the possibility that they represent a new species for science. The analysis of ITS sequences has also highlighted, in the case of *S. feltiae* isolates, the occurrence of microevolutionary phenomena able to determine peculiar haplotypes in local EPNs populations.

In another series of experiments, some traits of the biology of these species, of their pathogenic capabilities against *Galleria mellonella*, as well as and some aspects of their life cycle, were studied. The results obtained confirmed how some species best show their pathogenic activity at different temperatures and highlighted consistent levels of pathogenicity in all studied isolates. These data, together with those concerning habitat preferences, could allow for a targeted use of autochthonous isolates instead of commercial formulations in biological control, with obvious benefits for local biodiversity.

The isolate of *S. apuliae* showed an anomalous life cycle, with different juvenile and adult stages capable of completing the cycle outside the insect, unlike what happens in the

normal course of the EPNs cycle. These observations raise interesting questions about the ongoing evolutionary processes, regarding the complex nematode-bacterium-insect symbiosis.

Finally, some preliminary data relating to EPN endosymbionts were acquired. They were isolated from each EPN strain, identified by growing on selective plates, both chromogenic and antimicrobial, and stored in 20% glycerol at -80°C. For all the EPNs found it was possible to isolate the respective symbionts. Tests were also carried out to verify their resistance to the antibiotic Tetracycline. The data obtained reinforce the discussed link between these bacteria and host nematodes and their synergistic action as entomopathogens.

Key word: entomopathogenic nematodes; biodiversity; Steinernematidae; Heterorhabditidae; internal transcribed spacer (ITS); pathogenicity assays; life cycle.

Premessa e scopo del lavoro

Negli ultimi vent'anni il gruppo di ricerca in nematologia della Sezione di Biologia Animale del Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali dell'Università di Catania ha focalizzato le proprie ricerche sui nematodi entomopatogeni (EPN). Essi sono parassiti obbligati e letali di insetti e mostrano un'interessante e peculiare relazione mutualistica con batteri simbiotici che ne determinano la patogenicità. In questo lasso di tempo, il campionamento degli EPN intrapreso in Sicilia e nelle isole circumsiciliane, tanto in aree naturali quanto negli agroecosistemi, ha portato ad individuare più di 50 ceppi diversi, appartenenti ai due generi di EPN, *Heterorhabditis* e *Steinernema* (Clausi *et al.* 2010a, 2010b; Tarasco *et al.* 2010; Leone *et al.* 2011, Tarasco *et al.*, 2015), tra questi anche una specie nuova per la scienza ed endemica dell'Etna (Clausi *et al.* 2011, 2017). Il territorio siciliano, e in particolar modo quello etneo, presenta una notevole biodiversità se confrontata con quella di altre regioni d'Italia, con sette delle dodici specie segnalate per la penisola (Clausi *et al.*, 2019; De Luca *et al.*, 2015; Tarasco *et al.*, 2015). La caratterizzazione di isolati e ceppi locali, inoltre, ha messo in luce differenziazioni intraspecifiche a livello morfologico, molecolare e per capacità patogene (D. Leone: Tesi magistrale; Leone *et al.* 2014; Clausi *et al.* 2014).

Gli EPN trovano largo impiego in agricoltura come agenti di controllo di insetti fitoparassiti (Campos-Herrera *et al.*, 2012; Georgis *et al.*, 2006; Grewal *et al.*, 2005; Kaya & Gaugler, 1993; Koppenhöfer, 2007; Koppenhöfer *et al.*, 2020; Shapiro-Ilan *et al.*, 2002, 2017, 2018; Stock, 2015) in programmi di lotta biologica e integrata (Grewal *et al.*, 2005; Kaya & Gaugler, 1993; Lacey & Georgis, 2012; Stock, 2015) e vengono prodotti e commercializzati a questo scopo da diverse biotecnologie. È dimostrata, inoltre, l'interazione tra EPN e nematodi fitoparassiti e altri fitopatogeni (Bird & Bird, 1986; Ishibashi & Kondo, 1986; Lewis *et al.*, 2001; Navarro *et al.*, 2014; Shapiro *et al.*, 2002; Shapiro-Ilan, Han & Dolinski, 2012; Khan & Javed, 2018), con una consistente diminuzione delle popolazioni di fitoparassiti in seguito all'applicazione degli entomopatogeni (Perez e Lewis, 2004; Del Valle *et al.*, 2013).

Nonostante una vasta e pregevole produzione scientifica dimostri l'efficacia degli EPN nel controllo biologico, la stragrande maggioranza degli studi applicativi riguarda prove effettuate con formulati commerciali, di numero esiguo invece risultano i lavori in cui si utilizzano ceppi autoctoni (Clausi & Vinciguerra, 2005; Clausi & Leone, 2020; Clausi *et al.*, 2014; Sun *et al.*, 2021; Torrini *et al.*, 2020; Vinciguerra & Clausi, 2006). Gli studi e le ricerche sugli EPN autoctoni, nella loro pratica utilizzazione per il controllo biologico, andrebbero quindi approfonditi. L'utilizzo di ceppi autoctoni, infatti, ha innanzitutto come primo vantaggio

l'immissione nell'ambiente di animali già adattati alle condizioni climatiche e ambientali locali (Sun *et al.*, 2021; Torrini *et al.*, 2020; Noujeim *et al.*, 2015; Piedra-Buena *et al.*, 2015), il che dovrebbe favorire la loro persistenza nel terreno e l'efficacia dei trattamenti antiparassitari. Altro aspetto dell'utilizzo di ceppi autoctoni è quello di minimizzare l'impatto sulla biodiversità locale: da un lato, l'immissione di specie e ceppi già presenti nel territorio riduce i possibili effetti negativi su insetti non target, essendo tali ceppi già presenti nelle dinamiche delle biocenosi locali; dall'altro elimina la possibilità d'inquinamento del *pool* genico di ceppi e specie di EPN locali e le possibili ricadute negative su questi derivanti da fenomeni di competizione.

Tuttavia, oltre questo aspetto applicativo, gli EPN e i loro batteri simbiotici vengono utilizzati come organismi modello per ricerche in svariati campi della biologia, come la fisiologia, l'ecotossicologia, la biologia evolutiva, lo studio delle simbiosi (Clausi *et al.*, 2020; Dillman *et al.*, 2012; Eleftherianos *et al.*, 2010; Hallem *et al.*, 2007; Spiridonov & Subbotin, 2016; Stock & Goodrich-Blair, 2008). Inoltre, si dimostrano ottimi sistemi modello per comprendere i processi biologici, ecologici ed evolutivi che coinvolgono altri organismi del suolo e le reti trofiche di cui fanno parte (Denno *et al.*, 2008; El-Borai *et al.*, 2005; Enright & Griffin, 2005; Navarro *et al.*, 2014; Shapiro-Ilan *et al.*, 2002; Strong, 2002, 2007; Stock., 2015).

L'idea progettuale, vista le potenzialità del territorio siciliano in termini di biodiversità degli EPN, è nata con la volontà di indagare in maniera diffusa la presenza di questi nematodi nell'isola, non solo per conoscerne habitat e distribuzione ma soprattutto per contribuire, analizzando diversi aspetti che riguardano questi animali, alla conoscenza di un gruppo che racchiude in sé molteplici aspetti di sicuro interesse scientifico. Quelli applicativi, ad esempio, possono avere un'immediata ricaduta sul tessuto economico-produttivo del settore agroindustriale e su quello della salute pubblica, con la riduzione dei trattamenti antiparassitari a base di fitofarmaci di sintesi, mentre gli aspetti puramente legati alla ricerca di base possono fornire importanti contributi per la comprensione di fenomeni biologici in diversi ambiti delle Scienze della vita.

L'obiettivo delle ricerche esposte in questa Tesi dottorale, quindi, è stato quello di acquisire nuovi dati utili ad ampliare le conoscenze sulla biodiversità degli EPN in Sicilia e sulla loro distribuzione nell'isola, sulla loro variabilità molecolare ed eventuali fenomeni di microevoluzione avvenuti negli isolati di una stessa specie, sulla loro biologia, con particolare riferimento al ciclo biologico e alle capacità patogene, e di fornire alcuni dati preliminari riguardanti i loro batteri simbiotici.

Capitolo 1

INTRODUZIONE

1.1. Nematodi entomopatogeni (EPN)

I nematodi rappresentano il *taxon* di Metazoi più diffuso sul Pianeta; sono stati in grado di colonizzare tutti gli ambienti e gli ecosistemi (De Ley, 2006; Powers *et al.*, 2009, Stock, 2015), sia terrestri (a tutte le latitudini e quote) che acquatici (marini e dulcicoli). L'ampia valenza ecologica mostrata dai nematodi ha permesso loro di occupare una molteplicità di nicchie: essi possono essere parassiti di piante e animali, spesso istituendo rapporti di tipo specie-specifico, o organismi a vita libera capaci di ricoprire tutti i ruoli trofici negli ambienti che li ospitano.

Tra i parassiti animali, i nematodi entomopatogeni (EPN) appartenenti alle famiglie Steinernematidae, con i generi *Steinernema* e *Neosteinernema*, ed Heterorhabditidae, con il genere *Heterorhabditis*, sono un gruppo particolarmente studiato negli ultimi decenni, sia per le ricadute applicative sia in termini di ricerca di base. Essi sono mutualisticamente associati a batteri entomopatogeni, della famiglia Enterobacteriaceae (γ -Proteobacteria, Gram negativi), con il genere *Xenorhabdus* per gli Steinernematidae e il genere *Photorhabdus* per gli Heterorhabditidae (Boemare, 2002; Forst & Clarke, 2002).

Lo stadio infettivo, che è l'unico a vivere libero nel suolo (Fig.1), è rappresentato dal terzo stadio larvale modificato, larva IJ o DL (*Infective Juvenile* o *Dauer Larve*); esso trasporta al suo interno i batteri simbiotici: *Steinernema* all'interno di una struttura specializzata, il ricettacolo, posizionata nella parte più anteriore dell'intestino, subito dietro la faringe (Flores-Lara *et al.*, 2007; Snyder *et al.*, 2007); *Heterorhabditis* non possiede strutture specializzate e trasporta i batteri direttamente nel lume intestinale (Bird & Akhurst, 1983; Boemare 2002; Snyder *et al.*, 2007; Sajnaga & Kazimierczak, 2020).

Gli IJ sono mobili e penetrano attivamente all'interno dell'insetto ospite attraverso le aperture naturali come bocca, ano e spiracoli, nel caso di *Steinernema*, o anche attraverso le sottili membrane intersegmentali nel caso di *Heterorhabditis* (Bedding & Molyneux, 1982; Peters & Ehlers, 1994). Giunti nell'emocele (Fig.1), rilasciano i loro batteri simbiotici che

causano la morte dell'insetto per setticemia in 24-48 ore (Dutky, 1959; Poinar, 1990; Forst *et al.*, 1997; Dowds & Peters, 2002; Stock, 2015).

Xenorhabdus e *Photorhabdus* svolgono un ruolo decisivo nel ciclo vitale degli EPN: inibiscono il sistema immunitario dell'insetto ospite (Dowds & Peters, 2002; Silva *et al.*, 2002; Park *et al.*, 2007); producono tossine ed esoenzimi in grado di uccidere l'ospite e di trasformare i suoi tessuti in un *pabulum* nutritivo necessario allo sviluppo e al sostentamento dei nematodi (Forst & Clarke, 2002); producono sostanze antibiotiche con attività antibatterica e antimicotica che ostacolano lo sviluppo di altri microrganismi (Akhurst, 1982; Boemare *et al.*, 1997; Webster *et al.*, 2002; Griffin *et al.*, 2005); rilasciano composti che fungono da deterrente nei confronti di organismi che possano operare *scavenging* sull'insetto ospite (Baur *et al.*, 1998; Zhou *et al.*, 2002; Foltan & Půža, 2009; Gulcu *et al.*, 2012; Hazir *et al.*, 2022).

Le larve IJ, all'interno dell'emocele, mutano in larve del quarto stadio e quindi in adulti (Hazir *et al.*, 2003a): negli steinernematidi (ad eccezione di *S. hermafroditum*) in maschi e femmine (Griffin *et al.*, 2001; Stock *et al.*, 2004); negli heterorhabditidi gli adulti di prima generazione sono ermafroditi mentre i due sessi compariranno solo nelle successive generazioni (Koltai *et al.*, 1995).

Con le condizioni descritte, gli adulti daranno luogo ad una nuova generazione di nematodi (Fig.1) che sfrutteranno il *pabulum* prodotto dall'attività batterica, riproducendosi più volte all'interno dell'insetto ospite.

In risposta alla disponibilità di cibo (Miranda *et al.*, 2013) e ad alcuni fattori come l'accumulo di CO₂ e NH₄ (Jensen *et al.*, 2000; San-Blas *et al.*, 2008; Wright, 2004) o il rilascio di feromoni da parte dei nematodi (Kaplan *et al.*, 2012), il secondo stadio larvale si trasformerà in terzo stadio e quindi in IJ (Hirao & Ehlers, 2009; Jensen *et al.*, 2000; Stock, 2015) fuoruscendo dall'insetto e permanendo nel terreno in attesa di un nuovo ospite (Fig.1). Le larve IJ saranno caratterizzate dall'aver ano e bocca chiusi, con conseguente perdita della capacità di alimentarsi e, in taluni casi, dal possedere una doppia cuticola derivata dall'aggiunta della cuticola del terzo stadio larvale a quella del secondo (Poinar, 1990).

Decisivo nel processo di patogenesi descritto è il ruolo del sistema immunitario dell'insetto ospite. Questo è composto da una serie di meccanismi di difesa che l'organismo utilizza per contrastare l'infezione da parte di patogeni, compresi gli EPN. Questi meccanismi includono risposte cellulari e umorali (Hoffmann *et al.*, 1996; Janeway & Medzhitov, 2002; Hoffmann, 2003; Gotz, 1985; Loker, 1994; Manachini *et al.*, 2013). Le risposte cellulari

coinvolgono cellule immunitarie specializzate, chiamate emociti, che rilevano e neutralizzano i microrganismi patogeni e i parassiti. Queste risposte includono la fagocitosi e l'incapsulamento (Ribeiro *et al.*, 1999; Ribeiro & Brehelin, 2006; Tojo *et al.*, 2000; Lavine & Strand, 2002; Gotz, 1985, 1986; Gupta, 1991). Inoltre, gli insetti possono produrre delle risposte umorali che aiutano a prevenire l'infezione e limitare la diffusione dei patogeni nel corpo dell'insetto. Questi meccanismi includono processi quali la sintesi di proteine antimicrobiche, il riconoscimento mediato dalle lectine e la melanizzazione (chiamata anche incapsulamento umorale), quest'ultima è conseguente all'attivazione del sistema profenolossidasi-fenolossidasi (proPO) (Cerenius & Söderhall, 2004; Wang & Jiang, 2004; Xue *et al.*, 2006; Cytryńska *et al.*, 2007). Sia l'attività del sistema proPO che l'incapsulamento cellulare sono i processi di difesa più efficaci contro organismi parassiti, compresi i nematodi entomopatogeni.

Gli EPN, per sopravvivere all'interno dell'insetto e completare il proprio ciclo vitale, deprimono ed eludono le difese immunitarie dell'ospite, con l'obiettivo di creare un ambiente favorevole per i propri batteri simbiotici responsabili della morte setticemica dell'insetto bersaglio. Spesso, come nel caso di *S. feltiae*, quando entrano nel corpo dell'ospite inducono una rapida e significativa riduzione dell'attività della fenolossidasi, evitando l'incapsulamento umorale dell'ospite. Il parassita sembra essere in grado di interferire anche con una delle principali vie di attivazione della proPO negli artropodi, riducendo l'attività delle proteasi dell'emolinfa (Brivio *et al.* 2002; Mastore *et al.*, 2015). Ciò non sembra essere dovuto alla produzione e secrezione di sostanze da parte del nematode ma è più probabilmente correlato ai componenti molecolari della sua cuticola, in grado di interferire con alcune proteine presenti nell'emolinfa dell'insetto ospite e coinvolte nella regolazione dell'attivazione della fenolossidasi (Brivio *et al.* 2002). Inoltre, anche i meccanismi di incapsulamento mediati dagli emociti vengono elusi dal parassita, con una considerevole riduzione di questi elementi cellulari poche ore dopo l'infezione (Manachini *et al.*, 2013).

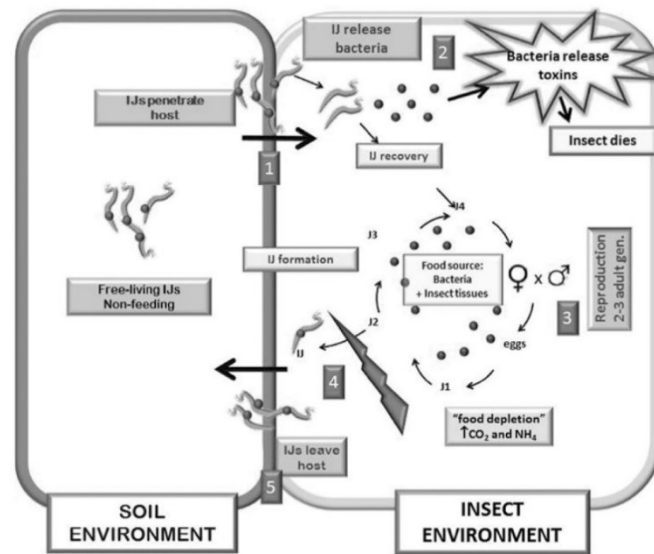


Figura 1. Ciclo generalizzato dei nematodi entomopatogeni e dei loro batteri simbiotici (da Stock, 2015).

1.2. Steinernematidae: storia, tassonomia e sistematica

La prima specie di nematode entomopatogeno fu descritta nel 1923 dal nematologo svizzero Steiner, che assegnò al genere *Aplectana* un nematode trovato dal Dott. Krausse in un lepidottero, *Lyda potrophica* Hartig (= *Cephaleia abietis* L.) (Krausse, 1917). *Aplectana krausseii* poco più tardi fu trasferita da Travassos in un nuovo genere, *Steineria* (Travassos, 1927a), chiamato così in onore di Steiner, poi modificato in *Steinernema* per questioni di omonimia (Travassos, 1927b).

Di lì a poco, Steiner propose il genere *Neoplectana* Steiner, 1929, distinto da *Steinernema* e la cui prima specie descritta fu *N. glaseri* (Steiner, 1929). Negli anni immediatamente successivi furono descritti *N. menozzii* (Travassos, 1932), *N. feltiae* (Filipjev, 1934), *N. affinis* (Bovien, 1937), *N. carpocapsae* (Weiser, 1955).

Per oltre cinquant'anni i due generi rimasero distinti e appartenenti alle famiglie Neoplectanidae e Steinernematidae, ad una delle due o entrambe a seconda degli autori.

Wouts *et al.* (1982) proposero che *Steinernema* e *Neoplectana* venissero sinonimizzati, mantenendo valido il genere *Steinernema* descritto per primo. Nonostante ciò, la disputa sulla

validità dei due generi proseguì per quasi un decennio, con sostenitori della validità di *Neoplectana*, come G. Poinar jr, che abbandonerà questo genere solo diversi anni dopo (Poinar, 1990).

Il crescente interesse verso l'utilizzo dei nematodi entomopatogeni come agenti di controllo biologico e il contemporaneo aumento dell'utilizzo delle metodologie molecolari nella diagnosi delle specie, hanno permesso un incremento esponenziale della descrizione di nuove specie appartenenti a questo genere. Se nel 1990 avevamo un totale di 10 taxa validi, oggi il genere *Steinernema* annovera oltre 100 specie, con un'accelerazione decisiva negli ultimi vent'anni.

Questo numero considerevole di nuove specie descritte, discriminate per lo più attraverso la diagnosi molecolare, pone interrogativi sulla reale biodiversità del genere e se piuttosto non sia opportuno rivedere i criteri attraverso i quali viene assegnato lo status di nuova specie in base alle differenze genetiche (Hunt & Subbotin, 2016). Non è inusuale, infatti, che i dati molecolari vengano confutati e le specie sinonimizzate (Dhakal *et al.*, 2020; Hunt & Nguyen, 2016; Machado *et al.*, 2021).

1.3. Heterorhabditidae: storia, tassonomia e sistematica

La famiglia Heterorhabditidae fu proposta da Poinar nel 1976 con la descrizione del genere *Heterorhabditis* e la specie *H. bacteriophora* (Poinar, 1976). Gli heterorhabditidi iniziano ad essere oggetto di studio relativamente tardi considerando la storia dei nematodi entomopatogeni e della famiglia degli steinernematidi, con cui condividono il meccanismo d'azione.

Dalla prima descrizione di Poinar, la scoperta di nuove specie del genere *Heterorhabditis* segue la stessa tendenza osservata per *Steinernema*, con un aumento delle descrizioni in contemporanea all'affermarsi delle tecniche molecolari e alla crescente attenzione nei confronti degli EPN.

Il numero di specie descritto finora è però di molto inferiore rispetto a quelle del genere *Steinernema*, con sole 16 specie valide (Bhat *et al.*, 2020) e l'ultima specie descritta, *H.*

noenieputentis, fu proposta da Malan *et al.* (2014); da questa data ad oggi, nonostante il decisivo apporto dell'identificazione molecolare, nessuna nuova specie è stata identificata.

Il genere *Heterorhabditis* appare chiaramente meno interessato a fenomeni di speciazione rispetto a *Steinernema*; ciò è probabilmente dovuto al fatto che la prima generazione all'interno dell'insetto ospite è ermafrodita, fatto che limita la diversità genetica rispetto alla riproduzione anfignonica di *Steinernema* (Hunt & Subbotin, 2016).

1.4. Origine della relazione nematode-batterio-insetto e filogenesi dei generi *Steinernema* ed *Heterorhabditis*

Tra i nematodi e i batteri si sviluppano, a volte, relazioni complesse che posso spaziare dal semplice trofismo, in cui i nematodi si nutrono dei batteri, a eventi di simbiosi più o meno complessi.

Nei nematodi entomopatogeni, si realizza una relazione simbiotica a tre, nematode – batterio simbiote – insetto ospite, nella quale il batterio è mutualista per il nematode e parassita per l'insetto. Gli EPN sono gli unici nematodi ad avere una relazione simbiotica così perfezionata e complessa.

L'entomopatogenicità di steinernematidi ed heterorhabditidi presenta caratteristiche simili ma, essendo le due famiglie non strettamente collegate filogeneticamente (Blaxter *et al.*, 1998), questa somiglianza è da ritenere quale risultato di un'evoluzione convergente (Poinar, 1993).

Le relazioni evolutive tra gli EPN sono state delineate per la prima volta da Poinar (1981), con l'ipotesi che steinernematidi ed heterorhabditidi siano comparsi come due linee monofiletiche separate e indipendenti. Poinar (1993) suggerisce inoltre che gli heterorhabditidi si siano evoluti a partire da un antenato simile al genere *Pellioditis*, nematode d'ambiente marino arenicolo, mentre il genere *Steinernema* probabilmente in ambiente terrestre da un antenato proto-*Rhabditonema*. Poinar (2011) fa risalire queste due diverse origini al Permiano (230-252 milioni di anni fa). Queste relazioni filogenetiche sono supportate dall'analisi del gene per RNA ribosomiale 18S (Holterman *et al.*, 2006; van Megen *et al.*, 2009; Zhang *et al.*, 2012; Spiridonov & Subbotin, 2016).

Adamson (1986) ipotizza un'origine dei Rhabditidi parassiti di vertebrati e invertebrati, da nematodi liberi batterivori, che hanno finito per trattenere dentro il corpo i batteri di cui si nutrivano attuando una simbiosi specifica con un determinato batterio. Secondo Sudhaus (1993), invece, heterorhabditidi e steinernematidi probabilmente si sono evoluti da nematodi necromenici, che hanno sviluppato un'associazione simbiotica con batteri entomopatogeni.

In tutti i casi, i batteri associati ai due generi di nematodi entomopatogeni, persero la capacità di vivere liberi nell'ambiente, rimanendo protetti dal corpo del nematode o dell'insetto.

La prima analisi filogenetica completa del genere *Heterorhabditis* è stata condotta da Adams *et al.* (1998) mentre Nguyen *et al.* (2008) per primi proposero la divisione del genere in tre cladi (gruppi): "*Indica*", "*Bacteriophora*" e "*Megidis*" (Fig. 2), divisione attualmente riconosciuta dalla maggior parte degli autori (Spiridonov & Subbotin, 2016).

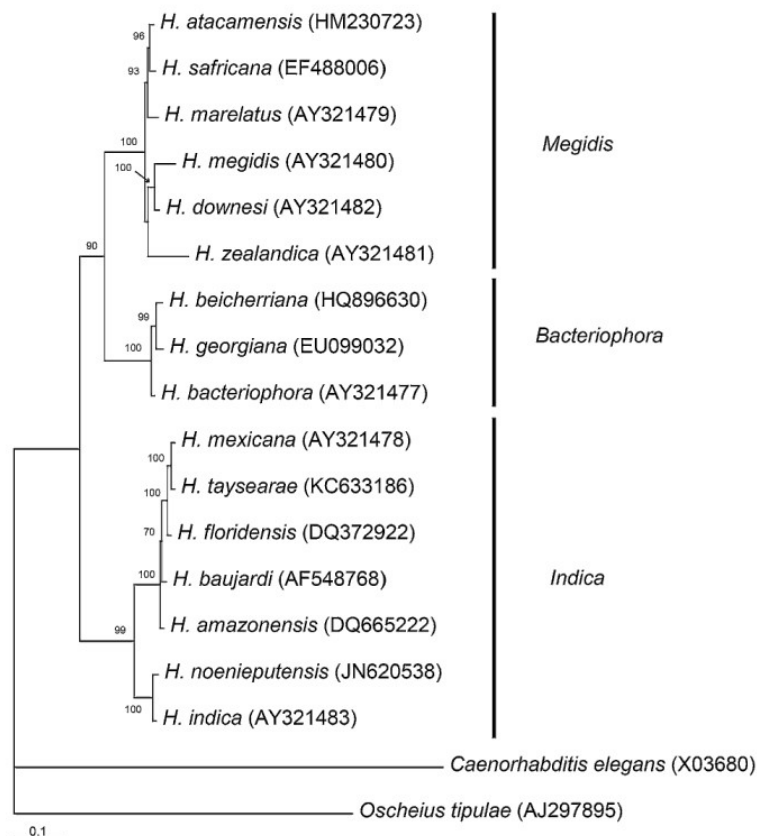


Figura 2. Relazioni filogenetiche tra specie del genere *Heterorhabditis* basate sull'analisi delle sequenze ITS (da Spiridonov & Subbotin, 2016).

All'interno del genere *Steinernema*, Spiridonov *et al.* (2004), analizzando le sequenze ITS (*Internal Transcribed Spacer*) presenti fra i geni per gli rRNA, hanno individuato i seguenti cinque gruppi: Clade I – “*affine/intermedium*”; Clade II – “*carpocapsae/scapterisci/tami*”; Clade III – “*feltiae/kraussei/oregonense*”; Clade IV – “*bicornutum/ceratophorum/riobrave*”; Clade V – “*arenarium/gleseri/kerii/longicaudum*”.

Questa suddivisione è stata successivamente rivista da Spiridonov & Subbotin, (2016) utilizzando oltre alle sequenze ITS anche le sequenze D2-D3 del rRNA. Sono stati così proposti dodici Cladi multispecie: “*Affine*” (7 specie), “*Bicornutum*” (7), “*Cameroonense*” (3), “*Carpocapsae*” (13), “*Costaricense*” (2), “*Feltiae*” (16), “*Glaseri*” (11), “*Karii*” (7), “*Khoisanae*” (4), “*Kushidai*” (2), “*Longicaudum*” (5) e “*Monticolum*” (5). Altri tre Cladi sono rappresentati da una sola specie: *S. neocurtillae*, *S. unicornum* e *S. rarum* (Fig. 3).

Alcune specie appartenenti al gruppo *glaseri* sono generalmente considerate come un insieme distinto all'interno del genere sia per caratteristiche morfologiche che molecolari (Stock *et al.*, 2001; Spiridonov *et al.*, 2004; Spiridonov & Subbotin, 2016) che per la loro biologia (Poinar & Kozodoi, 1988; Lewis & Gaugler, 1994; Roman & Figueroa, 1994; Stuart *et al.*, 1996; Edgington *et al.*, 2009; Lee *et al.*, 2009; Clausi *et al.*, 2011; Gradinarov *et al.*, 2011).

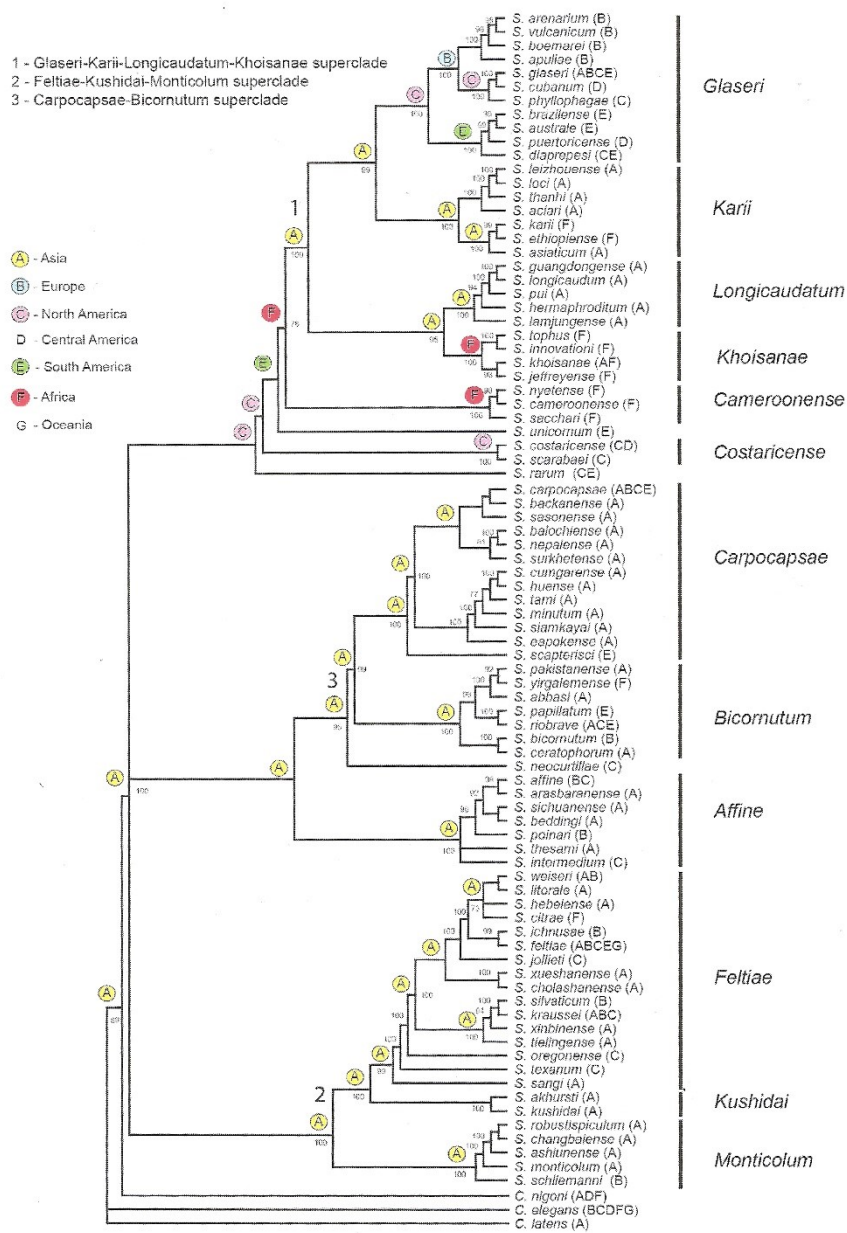


Figura 3. Relazioni filogenetiche tra specie del genere *Steinernema* basate sull'analisi delle sequenze D2-D3 e ITS (da Spiridonov & Subbotin, 2016).

1.5. EPN: habitat e fattori che ne influenzano la distribuzione

I nematodi entomopatogeni sono distribuiti in tutti i continenti, ad eccezione dell'Antartide, e colonizzano svariati habitat differenti (Adams *et al.*, 2006; Hominick, 2002; Bhat *et al.*, 2020).

Diversi studi dimostrano come gli EPN abbiano una preferenza per alcune tipologie di habitat (Stuart *et al.*, 2015). Gli heterorhabditidi sembrano preferire i suoli sabbiosi costieri, sia alcalini che acidi, con alcune specie che si spingono anche in aree di vegetazione erbacea infestante più interne, come *H. bacteriophora* e *H. megidis* (Constant *et al.*, 1998; Stuart & Gaugler, 1994; Stock, Strong & Gardner, 1996). Al contrario, gli steinernematidi prevalgono negli habitat boschivi (Hominick *et al.*, 1996), con alcune specie, come *S. kraussei* e *S. intermedium*, prevalentemente di habitat forestali (Sturhan, 1999, Campos-Herrera *et al.*, 2007; Tarasco *et al.*, 2015) mentre altre, come *S. feltiae* e *S. affine*, che si ritrovano comunemente anche nelle aree di prateria e nei suoli agrari (Hominick, 2002; Sturhan, 1999; Tarasco *et al.*, 2015).

Nonostante la distribuzione cosmopolita, la loro presenza nei suoli varia in base alla stagione, agli habitat e a molti fattori sia biotici, come la disponibilità di ospiti, la capacità di persistenza o la dispersione foretica, che abiotici come la texture del suolo, l'umidità, il pH, la temperatura. Data la variabilità di tutti questi parametri, che possono differire molto anche su scala locale, comunemente gli EPN presentano una distribuzione irregolare nel tempo e nello spazio (Cabanillas & Raulston, 1994; Campbell *et al.*, 1998; Garcia del Pino & Palomo, 1996; Glazer *et al.*, 1996; Koppenhöfer & Kaya, 1996; Stuart & Gaugler, 1994; Lawrance, Hoy & Grewal, 2006; Spiridonov, Moens & Wilson, 2007).

Sebbene il principale fattore biotico in grado di influenzare la distribuzione e la persistenza degli EPN sia certamente la disponibilità di ospiti (Mráček, Bečvář & Kindlmann, 1999; Mráček *et al.*, 2005; Mráček & Webster, 1993; Peters, 1996), anche altre interazioni tra EPN e organismi del suolo ne regolano le popolazioni: funghi nematofagi, batteri, protozoi, altri nematodi, acari, collemboli e altri microartropodi edafici hanno presumibilmente un impatto considerevole sulle popolazioni naturali degli EPN (Duncan *et al.*, 2007; Greenwood, Barbercheck & Brownie, 2011; Kaya, 2002; Pathak *et al.*, 2012; Stuart *et al.*, 2015).

Anche la competizione inter- e intraspecifica gioca un ruolo nella distribuzione degli EPN. È noto come più specie possano coesistere nel medesimo sito (Campos-Herrera *et al.*,

2011; Duncan *et al.*, 2003; Stuart *et al.*, 2015; Tarasco *et al.*, 2015). La possibile sovrapposizione delle nicchie ecologiche e la competizione tra specie di EPN vengono probabilmente evitate attraverso l'utilizzo di differenti strategie di foraggiamento, come la localizzazione a diverse profondità nel profilo del suolo (Millar & Barbercheck, 2001; Půža & Mráček, 2010) o le differenti strategie nella ricerca dell'ospite, con gli heterorhabditidi che operano una ricerca attiva dell'ospite mentre la maggior parte degli steinernematidi attendono sedentari negli strati più superficiali del suolo (Gaugler *et al.*, 1997; Lewis *et al.*, 2006).

La competizione intraspecifica può influenzare diversi aspetti della biologia degli EPN, compresa la dinamica di ricerca e invasione dell'ospite e la loro distribuzione e persistenza nel suolo. Gli EPN attuano diverse strategie per minimizzare la competizione all'interno della specie, ad esempio la fuoriuscita dall'ospite delle nuove generazioni di nematodi non è sincrona ma differita in più momenti. Le larve IJ che abbandonano l'ospite per prime, solitamente più grandi di quelle tardive (Lewis & Gaugler, 1994; Stuart *et al.*, 1996; Therese & Bashey, 2012), mostrano una minore mobilità rispetto a queste ultime ma sono in grado di rispondere meglio ai segnali inviati dall'ospite (Lewis & Gaugler, 1994). D'altro canto, la maggiore mobilità delle larve IJ tardive faciliterebbe la loro dispersione nel terreno (Stuart *et al.*, 2015).

Anche molti fattori abiotici influenzano la presenza e la persistenza degli EPN. Tra questi i più importanti sono la texture del suolo, l'umidità, la temperatura e il pH del suolo.

La granulometria delle particelle del terreno è direttamente correlata al mantenimento dell'umidità, alla percolazione dell'acqua, all'aerazione e alla quantità di sostanza organica del suolo. In generale gli EPN mostrano una preferenza per i terreni sabbiosi e sabbioso-limosi, probabilmente perché questi suoli sono in grado di assicurare una buona aerazione e umidità e facilitano i movimenti dei nematodi (Hazir *et al.*, 2022). Al contrario i suoli argillosi, probabilmente a causa della privazione d'ossigeno, sembrano essere meno adatti alla vita degli EPN (Kung *et al.*, 1990a; Hazir *et al.*, 2003b; Hazir *et al.*, 2022). In generale, le capacità di movimento e infettive degli EPN sono fortemente correlate con la porosità del suolo: queste capacità aumentano laddove gli spazi interstiziali tra le particelle del terreno sono di dimensioni simili o maggiori del diametro corporeo degli EPN (Stuart *et al.*, 2015).

L'umidità edafica è il fattore abiotico che influenza maggiormente i nematodi del suolo (Nickle, 1984) e certamente ha effetto sulla sopravvivenza e sulle capacità patogene degli EPN (Gaugler & Kaya, 1990; Glazer, 2002; Kaya & Gaugler, 1993; Shapiro-Ilan *et al.*, 2002). Grant & Villani (2003) hanno dimostrato come in suoli sabbiosi, la virulenza di *H. bacteriophora*, *S.*

glaseri, *S. feltiae* e *S. carpocapsae* aumenti all'aumentare dell'umidità edafica, fino a quasi il valore di saturazione. D'altro canto, in suoli totalmente imbibiti d'acqua la mobilità e la sopravvivenza dei nematodi si riduce nettamente (Kung, Gaugler & Kaya, 1990b; Qiu & Bedding, 1999; Stuart *et al.*, 2015).

La temperatura del suolo è un altro parametro decisivo per le capacità patogene, lo sviluppo, la riproduzione e la sopravvivenza degli EPN. Essi mostrano un ampio *range* di tolleranza alle temperature, in relazione all'ambiente in cui vivono e alle risposte fisiologiche che sono in grado d'attuare (Grewal *et al.*, 1994; Brown & Gaugler, 1997; Hazir *et al.*, 2001; Stuart *et al.*, 2015). *S. feltiae*, ad esempio, è in grado di produrre molecole a funzione crioprotettiva, come il glicerolo e il trealosio, in risposta alle basse temperature (Ali & Wharton, 2015), mantenendo le capacità patogene anche al di sotto dei 10 °C (Grewal *et al.*, 1994; Hazir *et al.*, 2001). Alcuni heterorhabditidi, che vivono in regioni calde e aride come Israele, Sri Lanka, India ed Egitto, sono in grado di resistere alle alte temperature producendo particolari proteine correlate allo stress termico (*heat-shock proteins*) (Glazer, 2002; Koppenhöffer e Fuzy, 2003; Ramalingam *et al.*, 2011; Stuart *et al.*, 2015; Hazir *et al.*, 2022).

Gli EPN sono in grado di tollerare anche discrete variazioni nel pH del suolo (Stuart *et al.*, 2015). Gli steinernematidi (in particolare *S. carpocapsae* e *S. riobrave*) mostrano in genere migliori capacità di sopravvivenza rispetto agli heterorhabditidi (Khathwayo *et al.*, 2021), con un *range* di pH che va da pH 4 a 8 (Kung, Gaugler & Kaya, 1990b).

1.6. Nematodi entomopatogeni in Italia

La Biodiversità dei nematodi entomopatogeni in Italia è particolarmente elevata se confrontata con quella di altri paesi europei e del Mediterraneo, con 12 specie segnalate (Tab. 1) (Tarasco *et al.*, 2009., Tarasco *et al.*, 2015; De Luca *et al.*, 2015): *Steinernema feltiae*, *S. affine*, *S. kraussei*, *S. apuliae*, *S. ichnusae*, *S. carpocapsae*, *S. vulcanicum*, *S. arenarium*, *Steinernema* 'isolato S.sp.MY7', *Heterorhabditis bacteriophora*, *H. downesi*, *H. megidis*.

Gli steinernematidi appaiono maggiormente diffusi e con una maggiore biodiversità rispetto agli heterorhabditidi (Tab.1), con *S. feltiae* e *H. bacteriophora* le specie più comuni (De Luca *et al.*, 2015).

S. feltiae è presente nella maggior parte degli habitat considerati da Tarasco *et al.* (2015) e De Luca *et al.* (2015), con una preferenza per i suoli sabbiosi (Tab.1) in accordo con Campos-Herrera *et al.* (2007; 2008). *H. bacteriophora* è altrettanto distribuito con una propensione per suoli sabbiosi e franco sabbiosi, anche se è stata ritrovata in suoli limosi e argillosi (Tarasco *et al.*, 2015).

Ad eccezione di queste due specie, ritrovate in molteplici contesti ambientali, gli altri EPN isolati nel territorio italiano mostrano una spiccata preferenza per specifici habitat (De Luca *et al.*, 2015). Ad esempio, *S. kraussei* e *S. affine* sono stati ritrovati esclusivamente in boschi di latifoglie di media ed alta quota (Tarasco *et al.*, 2015), confermando come entrambe le specie prediligano gli habitat di tipo forestale (Mráček *et al.*, 2005; Hominick., 2002; Torr, Heritage & Wilson, 2007). Il ritrovamento di *S. kraussei*, in terreni franco sabbiosi di quattro località del Monte Etna (Sicilia), rappresenta l'unica segnalazione per l'Italia, oltre a quella effettuata da Ricci *et al.* (2004) sulle Alpi.

S. apuliae, benché presente in ambienti differenti, è stato isolato esclusivamente in habitat costieri, con una netta preferenza per i suoli sabbiosi, così come *S. arenarium*.

S. apuliae, segnalato solo per Puglia e Basilicata (Triggiani *et al.*, 2004; Tarasco *et al.*, 2015) e *S. vulcanicum*, isolato in suoli franco sabbiosi dell'Etna (Clausi *et al.*, 2011; Tarasco *et al.*, 2015), sono da considerarsi specie endemiche, mentre *S. ichnusae*, segnalato inizialmente solo per il nord-ovest della Sardegna, pare essere distribuito in altre regioni del mediterraneo (De Luca *et al.*, 2015).

Per quanto riguarda le specie del genere *Heterorhabditis*, rinvenute principalmente in siti costieri con suoli sabbiosi (Tab. 1) in accordo con altre segnalazioni in altri paesi (Glazer *et al.*, 1991; Griffin *et al.*, 1991; Stock *et al.*, 1999), *H. bacteriophora* è segnalata inaspettatamente anche per molte località distanti dalla costa, compresi terreni agricoli collinari e incolti, anche a 800 m s.l.m., con terreni argillosi e limosi (De Luca *et al.*, 2015).

Le altre due specie di heterorabditidi ritrovate nel territorio italiano sono *H. megidis* e *H. downesi*, presenti esclusivamente in Sicilia (oltre *H. bacteriophora*); tre delle quattro specie Europee appartenenti a questo genere sono presenti sull'isola.

La presenza di questi tre heterorabditidi, insieme agli steinenematidi *S. feltiae*, *S. kraussei*, *S. ichnusae* e *S. vulcanicum*, fa della Sicilia la regione italiana con il maggior numero di specie segnalate (Tab.1), con oltre il 50% degli isolati siciliani rinvenuti in territorio etneo,

area che mostra la maggiore biodiversità nell'isola (Clausi *et al.*, 2019; De Luca *et al.*, 2015; Tarasco *et al.*, 2015).

Tabella 1. Le specie di EPN isolate in Italia, con indicazione del numero di popolazioni rinvenute, regione di ritrovamento, altitudine, habitat e tipo di suolo (da De Luca *et al.*, 2015. Modificato).

Specie	N. popolazioni	Regione	Altitudine m slm	Habitat	Suolo
<i>S. feltiae</i>	52	Sicilia, Puglia, Basilicata, Campania, Calabria, Toscana	5-1200	Pinete, frutteti, aree non coltivate e naturali, campi coltivati, boschi di latifoglie, praterie, ipogei, zone umide	Sabbioso, franco sabbioso, limoso, franco limoso, franco argilloso
<i>H. bacteriophora</i>	43	Sicilia, Puglia, Basilicata, Campania, Toscana	0-650	Pinete, frutteti, aree non coltivate e naturali, campi coltivati, boschi di latifoglie, praterie, aree ripariali, aree costiere	Sabbioso, franco sabbioso, limoso, franco limoso, franco argilloso
<i>S. affine</i>	12	Puglia, Basilicata, Campania, Toscana	150-650	Boschi di latifoglie, frutteti	Franco sabbioso, franco argilloso, limoso, franco limoso
<i>S. apuliae</i>	8	Puglia, Basilicata	0-50	Aree costiere, saline, pinete, aree non coltivate e naturali	Sabbioso, limoso, franco limoso
<i>S. ichnusae</i>	6	Sardegna, Sicilia	0-950	Aree costiere, frutteti	Sabbioso, franco sabbioso
<i>S. kraussei</i>	4	Sicilia	700-1400	Boschi di latifoglie	Franco sabbioso
<i>S. carpocapsae</i>	4	Puglia, Toscana	50-600	Campi coltivati, frutteti	Limoso, franco limoso
<i>Steinernema</i> sp. MY7	3	Toscana	280	Boschi di latifoglie	Franco sabbioso
<i>S. arenarium</i>	1	Puglia	50	Pineta	Sabbioso
<i>S. vulcanicum</i>	1	Sicilia	1300	Bosco di latifoglie	Franco sabbioso
<i>H. downesi</i>	1	Sicilia	70	Pineta	Sabbioso
<i>H. megidis</i>	1	Sicilia	20	Pineta	Franco sabbioso

1.7. *Xenorhabdus* e *Photorhabdus*: caratteristiche, simbiosi ed evoluzione

In natura esistono diversi membri dei generi *Bacillus*, *Peanibacillus*, *Brevibacillus*, *Serratia* e *Pseudomonas* in grado di comportarsi da patogeni, obbligati o facoltativi, nei confronti di diversi insetti ospiti (Sajnaga & Kazimierczak, 2020). Questi batteri ambientali, nonostante differenze nei meccanismi d'infezione, hanno in comune la capacità di produrre un vasto repertorio di fattori di virulenza per superare le risposte immunitarie e il microbiota dell'ospite (Boemare & Tailliez 2009; Glare *et al.* 2017).

Solo due generi, *Photorhabdus* e *Xenorhabdus*, appartenenti alla famiglia Enterobacteriaceae e alla classe Gammaproteobacteria (Imhoff, 2005; Koppenhöfer 2007), hanno instaurato una simbiosi mutualistica obbligata con le larve IJ degli EPN, trascorrendo

parte del ciclo vitale all'interno dei nematodi che vengono utilizzati come vettori per raggiungere l'insetto ospite (Goodrich-Blair & Clarke, 2007; Koppenhöfer e Gaugler 2009; Stock, 2015).

Questi batteri attraversano tre momenti nel loro ciclo vitale: hanno un rapporto di tipo foretico con i nematodi, divengono quindi patogeni all'interno dell'ospite e, successivamente, si comportano da saprofiti nel cadavere dell'insetto (Ciche *et al.* 2006; Herbert & Goodrich-Blair, 2007; Stock & Goodrich-Blair, 2008; Koppenhöfer & Gaugler 2009).

Altri gammaproteobatteri sono in grado di stabilire delle simbiosi mutualistiche con i nematodi. Ad esempio, *Moraxella osloensis* (famiglia Pseudomonadaceae) può entrare in simbiosi con *Phasmarhabditis hermaphrodita* (Tan & Grewal., 2001), un nematode parassita di gasteropodi polmonati, mentre *Serratia* sp. (famiglia Enterobacteriaceae) è associato ai nematodi dei generi *Oscheius* e *Caenorhabditis* determinando la loro entomopatogenicità (Abebe *et al.*, 2010; Ye, Torres-Barragan & Cardoza, 2010; Zhang *et al.*, 2008, 2009). A differenza di quanto accade con le associazioni *Photorhabdus* – *Heterorhabditis* e *Xenorhabdus* – *Steinernema*, queste simbiosi non appaiono obbligate e i simbionti possono essere spesso sostituiti o accompagnati da altre specie batteriche (Wilson *et al.*, 1995; Sangeetha *et al.*, 2016). Ciò può far ipotizzare, comunque, che la capacità di instaurare simbiosi con i nematodi potrebbe essersi verificata più volte durante l'evoluzione dei gammaproteobatteri (Husnik *et al.* 2011; Dillman *et al.* 2012).

Studi recenti dimostrano d'altronde la presenza di un'ampia e diversificata comunità batterica anche in *Steinernema* ed *Heterorhabditis*, oltre i loro classici simbionti (Ogier *et al.*, 2020; 2023; Ruiu *et al.*, 2022). Alcune di queste specie sono batteri con capacità entomopatogene (Hamze *et al.*, 2023; Ruiu *et al.*, 2017) e probabilmente giocano anch'esse un ruolo nella colonizzazione e uccisione dell'ospite (Ogier *et al.*, 2023). La relazione a tre, nematode-batterio-insetto, potrebbe rivelarsi più complessa da come classicamente descritta, con un ruolo, non ancora completamente chiarito, dell'intero microbiota del nematode (Ogier *et al.*, 2023).

Fenotipicamente, *Xenorhabdus* e *Photorhabdus* sono batteri di forma bastoncellare, Gram-negativi, anaerobi facoltativi, non sporigeni (Sajnaga & Kazimierczak, 2020), caratteristiche presenti in tutti gli enterobatteri (Griffin *et al.*, 2005). Tuttavia, numerosi studi dimostrano come questi generi siano entrambi negativi per la nitrato reductasi e il solo genere *Xenorhabdus* per la catalasi, principali caratteri distintivi della famiglia Enterobacteriaceae

(Griffin *et al.*, 2005; Boemare, 2002; Imhoff, 2005). Un'altra caratteristica unica è la loro variazione fenotipica, vale a dire l'esistenza di due varianti, forme o fasi primaria e secondaria, che presentano caratteristiche morfologiche e fisiologiche differenti (Boemare & Akhurst 1988; Koppenhöfer, 2007). La fase variante I è naturalmente associata ai nematodi nello stadio di IJ, mentre la fase variante II compare spontaneamente nelle colture in vitro o occasionalmente nel cadavere dell'insetto ospite durante le ultime fasi di riproduzione dei nematodi (Akhurst, 1980; Koppenhöfer, 2007).

Le cellule in fase I sono mobili per la presenza di flagelli (solitamente assenti in fase II) e hanno dimensioni maggiori rispetto a quelle in fase II (Forst *et al.*, 1997), producono antibiotici, eso- ed endo-enzimi, assorbono alcuni coloranti come il blu di bromotimolo e, esclusivamente in *Photorhabdus*, sono bioluminescenti (Akhurst, 1980, 1982; Couche *et al.*, 1987; Boemare & Akhurst, 1988; Forst *et al.*, 1997). Tutte queste caratteristiche vengono perse o fortemente attenuate nella fase variante II (Koppenhöfer, 2007).

Recentemente, Eckstein *et al.* (2019), sulla base di dati di sequenziamento del trascrittoma di *P. luminescens* nelle due forme cellulari, hanno dimostrato che i tratti fenotipici più importanti delle due fasi sono mediati a livello trascrizionale. Gli autori ipotizzano inoltre che le cellule in fase II, che non sono in grado di riassociarsi ai nematodi, siano in grado di vivere liberamente nella rizosfera.

I batteri del genere *Photorhabdus*, come accennato, sono gli unici batteri terrestri bioluminescenti (Boemare, 2002); tuttavia, non è chiara la funzione della bioluminescenza in questi organismi. È probabile che essa sia un retaggio evolutivo non funzionale che non ha avuto abbastanza tempo per essere perso (Peat & Adams, 2008). Ciò è confermato dal declino dell'intensità della bioluminescenza durante l'evoluzione subita dal genere (Peat *et al.*, 2010), confermando l'ipotesi che questa caratteristica, presente in antenati acquatici, viene gradualmente perduta sotto la pressione selettiva dell'ambiente terrestre.

Dal punto di vista filogenetico, a differenza di *Steinernema* ed *Heterorhabditis* che rappresentano cladi distinti, *Xenorhabdus* e *Photorhabdus* sono invece estremamente vicini (Liu *et al.* 1997; Koppenhöfer 2007; Tailliez *et al.* 2010; Stock, 2015) configurandosi come due *sister groups*, con il genere *Proteus* come parente più prossimo (Fig. 4).

L'associazione tra batteri ed EPN ebbe inizio probabilmente circa 200-500 milioni di anni fa, quando un antenato comune ad entrambi i generi fu in grado d'associarsi sia con *Steinernema* che con *Heterorhabditis* (Sajnaga & Kazimierczak, 2020). Da questo momento, le

diverse pressioni selettive determinate dal mantenimento nel tempo della relazione mutualistica, hanno portato alla divergenza dei due generi che mostrano oggi associazioni specifiche per l'ospite (Boemare, 2002; Chaston *et al.*, 2011).

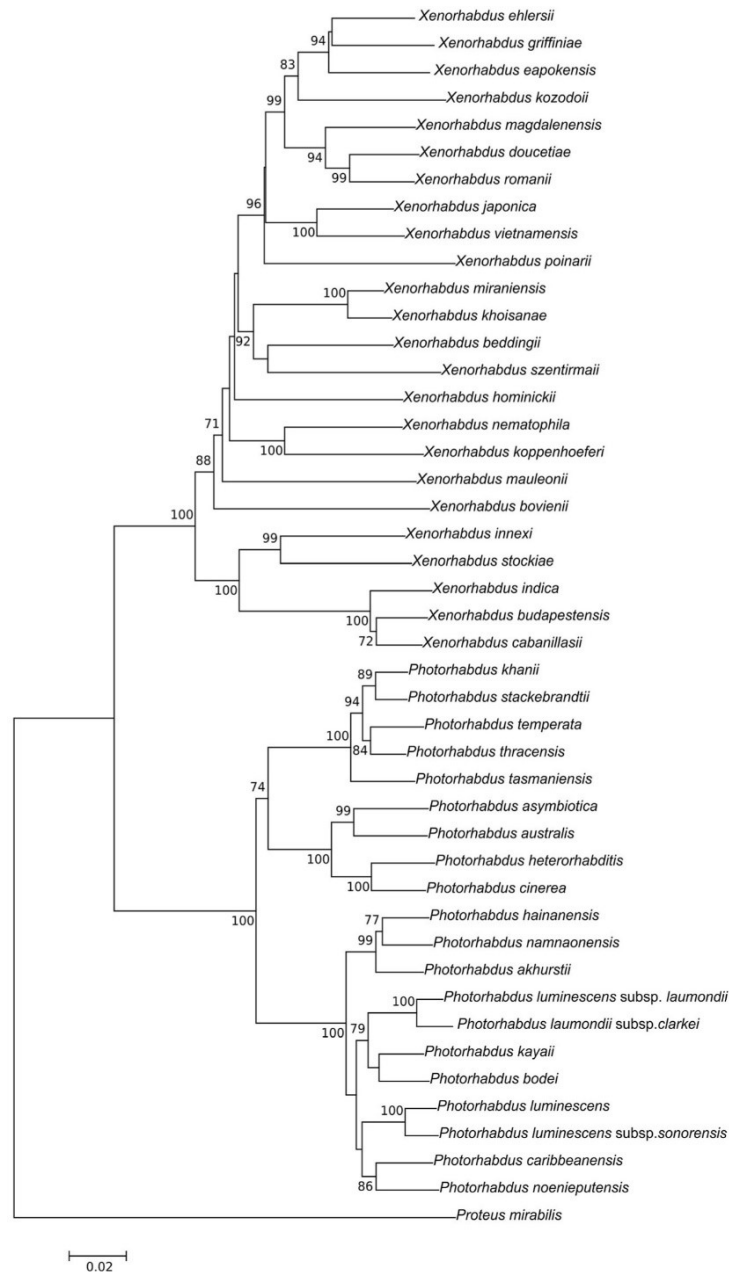


Figura 4. Albero filogenetico realizzato con il metodo *Maximum-likelihood* delle specie di *Xenorhabdus* e *Photorhabdus* ricostruito da sequenze nucleotidiche concatenate di quattro geni codificanti proteine *recA*, *dnaN*, *gltX* e *gyrB* (2823 bp) (da Sajnaga & Kazimierczak, 2020)

Capitolo 2

MATERIALI E METODI

2.1. Campionamento ed estrazione degli EPN

I campionamenti sono stati effettuati da novembre 2019 a maggio 2022 in 8 delle 9 province siciliane (vedi Appendice): Agrigento, Caltanissetta, Catania, Messina, Palermo, Ragusa, Siracusa, Trapani. Sono stati individuati 26 siti di campionamento (Fig. 5), per un totale di 290 campioni di suolo prelevati, suddivisi in 10 differenti habitat sia naturali che antropizzati: *Aree umide* (saline, pantani costieri e interni, aree alluvionali), *Sistemi dunali costieri* (dune e spiagge sabbiose, vegetazione psammofila), *Praterie e steppe* (vegetazione erbacea e piccoli arbusti, pascoli, praticelli effimeri), *Boschi di caducifoglie* (castagneti, faggete, quercete), *Pinete* (sia costiere che d'alta quota), *Aree fluviali e lacuali* (rive di fiumi, vegetazione ripariale, sponde di laghi), *Parchi suburbani* (zone attrezzate adiacenti aree naturali, parchi cittadini), *Colture agrario legnose* (ulivo, mandorlo, carrubo), *Seminativi* (cereali, colture foraggere, terreni arativi), *Terreni incolti* (coltivi abbandonati, aree degradate). I siti di campionamento sono stati scelti tenendo conto della complessità ambientale dell'isola, con l'intento di campionare aree con caratteristiche ecologiche differenti e distanti geograficamente, al fine di effettuare uno *screening* quanto più ampio possibile. Allo stesso scopo, all'interno di ogni sito di campionamento è stato prelevato un numero variabile di campioni in relazione alla diversità ambientale mostrata dalle singole realtà, cercando di prelevare in tutti i microambienti più significativi. Ciò ha determinato il prelievo di un numero di campioni differente nei diversi siti, con le aree con una più elevata diversità di habitat che sono state maggiormente campionate. Di seguito una breve descrizione dei siti di campionamento e il numero di campioni prelevati per area:

1. *Parco dei Monti Sicani* (AG), massiccio montuoso situato nella zona centro-occidentale della Sicilia, nelle province di Palermo e Agrigento – N. 10 campioni;
2. *Riserva Naturale Biviere di Gela* (CL), una delle più importanti zone di migrazione e di sosta degli uccelli acquatici in Sicilia – N. 10 campioni;

3. *Ponte cinque archi* (CL), aree coltivate in prossimità del viadotto Cinque archi, Caltanissetta – N. 10 campioni;
4. *Piano della lepre* (Etna, CT), ampio pianoro interessato dalle lave del 1792-93 e nel quale persistono lembi di castagneto risparmiato dalle colate – N. 20 campioni;
5. *Piano Vetore* (Etna, CT), pianoro steppico ai piedi dell'omonimo Monte situato nel versante Sud dell'Etna – N. 20 campioni;
6. *Monte Spagnolo* (Etna, CT), la più estesa faggeta secolare dell'Etna a 1440 m slm – N. 20 Campioni;
7. *Bosco Ragabo* (Etna, CT), bosco di Pino Laricio situato nel comune di Linguaglossa – N. 10 campioni;
8. *Boschetto della Plaia* (CT), parco pubblico a nord-est del litorale omonimo della città di Catania – N. 10 campioni;
9. *Foce del fiume Gornalunga* (CT), area dunale costiera situata all'interno della Riserva Naturale "Oasi del Simeto" – N. 10 campioni;
10. *Villaggio Primosole II* (CT), area dunale e retrodunale situata nei pressi dell'omonima area residenziale lungo il litorale sabbioso a sud di Catania – N. 10 campioni;
11. *Riserva Naturale Orientata Bosco di Santo Pietro* (CT), sughereta/lecceta situata nei comuni di Caltagirone e Mazzarrone – N. 10 campioni;
12. *Parco fluviale dell'Alcantara* (ME, CT) area protetta ricadente nei territori di Messina e Catania – N. 10 campioni;
13. *R.N.O Bosco di Malabotta* (ME), ampia area boschiva a latifoglie situata al confine tra monti Nebrodi e monti Peloritani – N. 10 Campioni;
14. *Rocche dell'Argimusco* (ME), altipiano a ridosso del Bosco di Malabotta – N. 10 Campioni;
15. *Riserva Naturale Orientata Bosco della Ficuzza* (PA), ampia foresta mediterranea di sclerofille nei pressi di Corleone – N. 10 campioni;
16. *Riserva Naturale Orientata Monte Pellegrino* (PA), area protetta limitrofa alla città di Palermo – N. 10 campioni;

17. *Parco delle Madonie* (PA), area protetta che comprende il massiccio montuoso delle Madonie, situato sulla costa settentrionale dell'isola – N. 10 campioni;
18. *Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio* (RG), area naturale protetta situata nel territorio dei comuni di Ragusa e Scicli – N. 10 campioni;
19. *Parco forestale Canalazzo* (Monterosso Almo, RG), ampia area boscata ricadente nel territorio di Monte Casasia presso Monterosso Almo – N. 10 campioni;
20. *Riserva Naturale Orientata Fiume Ciane e Saline di Siracusa* (SR), area naturale protetta che comprende il corso del fiume Ciane e la zona umida delle Saline alla periferia della città di Siracusa – N. 10 campioni.
21. *R.N.O. Saline di Priolo* (SR), area umida costiera, con estesi Phragmiteti e Salicornieti, i cui bacini ospitano una ricca avifauna migratoria e stanziale – N. 10 campioni;
22. *Riserva Naturale Integrale Lago Preola e Gorghi Tondi* (TP), area naturale protetta situata nel comune di Mazara del Vallo – N. 15 campioni;
23. *Bosco Madonna Ciavolo* (TP), area boscata demaniale, aperta alla fruizione turistica, situata a Marsala – N. 10 campioni;
24. *Riserva Naturale Orientata Isole dello Stagnone di Marsala* (TP), area naturale protetta situata nel comune di Marsala – N. 5 campioni;
25. *Riserva Naturale Orientata Foce del Fiume Belice e dune limitrofe* (TP), area naturale protetta situata nei comuni di Menfi e Castelvetro, nelle provincie rispettivamente di Agrigento e Trapani – N. 15 campioni;
26. *Riserva Naturale Orientata Monte Cofano* (TP), imponente promontorio circondato da praterie di *ampelodesma* e palma nana sito a Custonaci – N. 5 campioni.

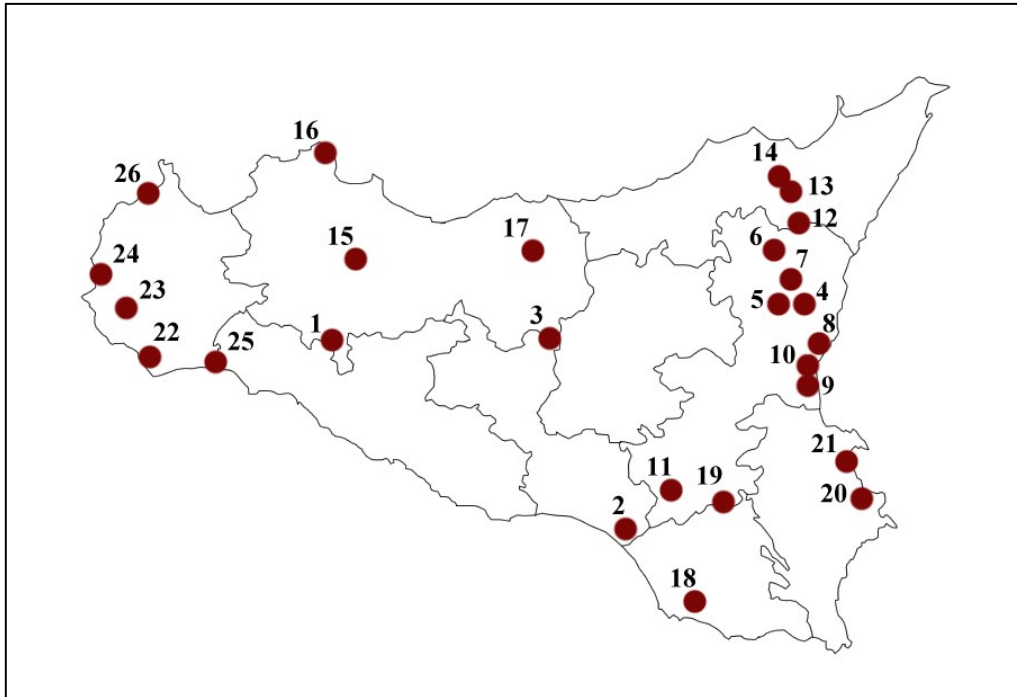


Figura 5. Siti di campionamento. I numeri identificano la posizione geografica delle località descritte nel testo.

A differenza di quanto riportato da molti autori (Campbell *et al.*, 1998; Griffin *et al.*, 2000; Hazir *et al.*, 2003b; Stock *et al.*, 1999; Tarasco *et al.*, 2015), che ottengono il campione di suolo dall'unione di più sotto-campioni con lo scopo d'aumentare le probabilità d'isolamento degli EPN, si è preferito mantenere separati i campioni provenienti da microhabitat differenti. Ogni campione di suolo, del peso di circa 2,5 kg, è stato così prelevato da un unico punto, scavando fino ad una profondità di 20-25 cm e procedendo più in profondità in caso di terreni particolarmente secchi. Lo scopo di questa tipologia di campionamento, che comporta una minore probabilità d'intercettare gli EPN e un maggior numero di campioni per area, è quello di poter riferire a singoli parametri edafici e microambientali i ceppi e le specie eventualmente rinvenute nei singoli campioni, operazione difficile, se non impossibile, con il campionamento classico. Contestualmente è stata compilata una scheda di campionamento riportante i dati seguenti: Data; Sigla del campione; Località; Coordinate GPS; Orario; Temperatura atmosferica e del terreno; Tipo di terreno; Vegetazione, Note eventuali. Le schede sono riportate integralmente in Appendice.

Il suolo così prelevato è stato conservato all'interno di sacchetti di polietilene sterili, etichettato e trasportato in laboratorio per la successiva estrazione dei nematodi. A questo scopo è stata utilizzata la tecnica di Bedding & Akhurst, (1975) che si avvale delle larve esca del

Lepidottero *Galleria mellonella*. Questo insetto è considerato ospite elettivo per la ricerca degli EPN (Campos-Herrera & Gutiérrez, 2008; Ehlers & Shapiro-Ilan, 2005; Woodring & Kaya, 1988) e viene utilizzato comunemente oltre che per l'isolamento degli EPN dal suolo, anche per la riproduzione in laboratorio (Kaya & Stock, 1997; Shapiro-Ilan & Gaugler, 2002; Testa & Shields, 2017; Kotchofa & Baimey, 2019) e per saggiarne la virulenza (Georgis, 1990; Glazer & Lewis, 2000; Grewal *et al.*, 1999; Kazimierczak *et al.*, 2018). Per ogni campione sono state utilizzate cinque larve di *G. mellonella*, inserite all'interno di un colino da tè e interrate all'interno del sacchetto (Tarasco & Triggiani, 1997; Tarasco *et al.*, 2015). Ogni campione è stato incubato a circa 25 °C per 10 giorni, mantenendo il terreno umido e controllando periodicamente lo stato delle larve. Quelle che presentavano segni di infestazione sono state prelevate dal campione e poste all'interno di *White traps* modificate (Kaya & Stock, 1997), per consentire il completamento del ciclo degli EPN e la raccolta dei nuovi IJ. Questo apparato è costituito da una capsula Petri di 9-14 cm di diametro, al cui interno viene posto il coperchio di una Petri di dimensione minore e un disco di carta filtro sul quale vengono adagiate le larve di *G. mellonella* infestate. Il sistema viene poi riempito d'acqua fino a lambire la carta filtro, consentendo ai nematodi fuoriusciti a fine ciclo dalle larve dell'insetto ospite di muoversi verso il liquido. Dalle *White traps*, la sospensione con le larve IJ è stata raccolta e trasferita in sacchetti di polietilene con chiusura ermetica a pressione, contenenti un foglietto di spugna in poliuretano (Touray *et al.*, 2020), e conservati a 4-8 °C.

Le larve di *G. mellonella* infette e quelle morte per altre cause sono state sostituite continuamente nei campioni, così da assicurare sempre insetti ospiti agli eventuali EPN presenti.

2.2. Analisi molecolare degli EPN

Il DNA è stato estratto da una singola femmina o un ristretto numero di larve IJ. I nematodi sono stati frantumati in una provetta per microcentrifuga in polipropilene da 1,5 ml (Eppendorf™) contenente 50 µl di acqua sterile utilizzando un pestello usa e getta; a questa sospensione sono stati aggiunti 500 µl di buffer di lisi (Guanidina HCL 5M, EDTA 100 mM e β-mercaptoetanol 1:100).

Dopo 30 minuti di incubazione a 37°C, a ogni provetta sono stati aggiunti 750 µl di etanolo al 70% e successivamente sono state centrifugate a 13000 giri/min per 10 minuti. Il surnatante è stato eliminato, mentre il pellet è stato lavato con 500 µl di etanolo al 70%. Dopo il lavaggio, il pellet contenente il DNA è stato lasciato essiccare in stufa a 37°C, quindi è stato risospeso in 100 µl di TE 1X e conservato a -20°C per il futuro utilizzo.

Le sequenze ITS (*Internal Transcribed Spacer*), presenti tra i geni ribosomiali 18S e 5,8S (ITS1) e fra quest'ultimo e il gene ribosomiale 28S (ITS2), sono tra i marcatori molecolari maggiormente utilizzati per discriminare i nematodi a livello di specie (Powers *et al.*, 1997; Gasser & Newton, 2000; Nguyen *et al.*, 2001). Venendo degradate a livello post-trascrizionale durante il processamento dell'rRNA, queste sequenze sono sede preferenziale d'accumulo di polimorfismi (*SNPs: Single Nucleotide Polymorphism*) e rappresentano un orologio molecolare *fast evolving* (Adams *et al.*, 2007).

La regione ITS è stata amplificata mediante PCR (*Polymerase Chain Reaction*) utilizzando un kit di amplificazione (kit KAPA Taq HotStart PCR - Roche®) e la seguente *master mix*, opportunamente preparata per una reazione da 50 µl: 28,25 µl di acqua ultrapura RNAsi, DNAsi free sterile, 10 µl di Buffer 10X, 1,5 µl di MgCl₂ 25 mM, 4 µl di dNTPs 10 mM, 2 µl di primer forward 10 pM, 2 µl di primer reverse 10 pM, 0,25 µl di Taq DNA polimerasi 5 U/µl. A questa sono stati aggiunti 2 µl di DNA. I primer utilizzati sono quelli proposti da Vrain *et al.*, (1992): Vrain_F (5'-TTGATTACGTCCCTGCCCTTT-3') e Vrain_R (5'-TTTCACTCGCCGTTACTAAGG-3'). Il profilo del termociclatore è stato impostato con i seguenti parametri: un ciclo di denaturazione a 94°C per 3 minuti, seguito da 35 cicli a 94°C per 1 minuto, 54°C per 1 minuto, 72°C per 1 minuto. L'ultima fase di estensione post-amplificazione è stata impostata a 72°C per 5 minuti. Per gli isolati del genere *Heterorhabditis* è stata utilizzata una temperatura di *annealing* di 45 °C (Nguyen, 2007).

I prodotti della PCR sono stati testati in gel di agarosio all'1% per verificarne l'effettiva riuscita. In caso positivo, l'intero amplificato è stato utilizzato per la successiva fase di purificazione: dopo corsa su gel di agarosio 0,8 %, le bande sono state escisse e processate utilizzando il kit GFX PCR DNA and Gel band purification Kit (Cytiva™).

Il DNA così purificato è stato inviato alla ditta Eurofins Genomics (Ebersberg, Germania) per la successiva fase di sequenziamento.

Tutte le sequenze ottenute sono state confrontate, utilizzando l'algoritmo BLASTN (Altschul *et al.*, 1990), con quelle presenti nel database pubblico NCBI GenBank. I software

Bioedit (versione 7.2.5; Hall, 1999) e ClustalW (Thompson *et al.*, 1994) sono stati utilizzati per generare gli allineamenti multipli delle sequenze *consensus* omologhe, con valori predefiniti per *gap opening* and *gap extension*, e il software MEGA (versione 11.0.11; Tamura, Stecher & Kumar, 2021) è stato utilizzato per calcolare le relazioni filogenetiche tra le sequenze.

Tutte le sequenze, dopo opportuna revisione e generazione del *consensus*, sono state depositate su NCBI GenBank.

2.3. Prove di patogenicità degli EPN

Per le prove di patogenicità è stato utilizzato il *Petri dish assay* (Kaya & Stock, 1997). I test sono stati condotti su alcuni isolati ritenuti rappresentativi delle specie rinvenute nel corso dello studio, scelti con criterio *random*. L'utilizzo di più ceppi della medesima specie è utile a verificare differenze di patogenicità intraspecifica. È dimostrato infatti come ceppi differenti della stessa specie presentino patogenicità differente (Vinciguerra & Clausi, 2006), determinate dalle molteplici interazioni che si instaurano tra il complesso EPN-batterio e l'insetto ospite (Dowds & Peters, 2002).

Per le prove sono state utilizzate capsule Petri (9 cm Ø) rivestite con carta da filtro qualitativa (VWR® Qualitative Filter Paper, Grade 415) con capacità di ritenzione fino a 12-15 µm, inumidita con 1,5 ml di una sospensione acquosa contenete le larve IJ dei ceppi scelti per le prove ad una concentrazione di 200 IJ/ml. Per ognuna delle capsule sono state aggiunte 10 larve del lepidottero *Galleria mellonella* come insetto target e per ogni ceppo sono state fatte tre repliche contemporanee a due diverse temperature, 25 e 10 °C. L'esperimento è stato ripetuto due volte. Trascorse 48/72 ore, tutte le larve di *G. mellonella* morte per probabile azione degli EPN sono state trasferite singolarmente in capsule Petri (5 cm Ø) contenenti 2 ml di soluzione sterile di Sodio cloruro 0,9% e sezionate. Attraverso l'osservazione delle larve, con l'ausilio di uno stereomicroscopio, è stato possibile confermare o meno la presenza di nematodi all'interno dell'insetto e quindi l'avvenuta infestazione.

Durante le prove di patogenicità e i diversi cicli di replicazione *in vivo* degli EPN rinvenuti, sono state effettuate anche osservazioni relative alla biologia di questi animali, con particolare riferimento alle modalità di svolgimento del loro ciclo vitale.

2.4. Osservazioni relative al ciclo biologico

Recentemente è stato messo in discussione se gli EPN debbano essere considerati parassiti obbligati o se possano usare una strategia di sopravvivenza alternativa: lo *scavenging*. San Blas & Gowen (2008), San Blas, Gowen & Pembroke (2008; 2012), Půža e Mráček (2010b), Blanco-Pérez *et al.* (2019) hanno dimostrato come gli EPN siano in grado di penetrare e moltiplicarsi all'interno di larve d'insetto già morte per altre cause. In particolar modo, molti autori segnalano anomalie nel ciclo vitale di alcune specie del *Glaseri group*, soprattutto per quello che riguarda le tempistiche di riproduzione e la fuoriuscita di stadi non IJ dalle larve infette (Roman & Figueroa, 1998; Edgington *et al.*, 2009; Lee *et al.*, 2009; Gradinarov *et al.*, 2011; Clausi *et al.*, 2011).

Per gli isolati appartenenti al *Glaseri group*, o comunque con cicli vitali apparentemente difforni dalla consuetudine, sono stati condotti i seguenti esperimenti:

NB: Tutti test sono stati condotti, come controllo, su un ceppo largamente indagato di *S. feltiae*, l'isolato EPP – Piano Porcheria, Etna GU599908 (Clausi *et al.*, 2014; Tarasco *et al.*, 2015) che presenta un ciclo vitale che si svolge secondo le classiche modalità descritte per gli EPN.

Studio in vitro del ciclo vitale

Il test prevede l'utilizzo del *Petri dish assay*, usato di routine per le prove di patogenicità, condotto con le stesse modalità descritte nel paragrafo 2.3. In ogni capsula Petri sono state poste 10 larve di *G. mellonella* per 10 repliche contemporanee. Successivamente le larve infette sono state trasferite in *White traps* e monitorate giornalmente fino a completamento del ciclo. Sono stati annotati i tempi di infezione e di riproduzione e l'eventuale fuoriuscita di stadi non IJ. L'intero esperimento è stato condotto ad una temperatura controllata di 25 °C;

Saggio di sopravvivenza degli stadi non-IJ

Per testare la capacità degli stadi non-IJ di *S. feltiae* EPP, che di regola non emergono mai dal cadavere dell'ospite, di sopravvivere fuori dal corpo dell'insetto, sono state inoculate 10 larve di *G. mellonella* attraverso il *Petri dish assay* come già descritto. Le larve infette sono state poi dissezionate per consentire ai nematodi all'interno, giovani e adulti, di fuoriuscire. Questi sono

stati poi osservati nel tempo, annotando i tempi di sopravvivenza e di completamento del ciclo vitale.

Inoltre, per testare la capacità di sopravvivenza degli stadi non-IJ al di fuori dell'insetto ospite, 20 femmine per specie di EPN sono state poste separatamente in una Capsula Petri (ø 5 cm) contenente una soluzione di Sodio cloruro 0,9% e monitorate nei giorni successivi fino al completamento del ciclo.

Studio in vitro delle capacità di scavenging

La potenziale abilità di *scavenging* è stata testata *in vitro* attraverso il *Petri dish assay* condotto con le modalità già descritte. Sono state utilizzate le larve (10 per ogni capsula per 10 repliche contemporanee) di due diverse specie di insetti ospiti, *G. mellonella* e *Tenebrio molitor*, ambedue preventivamente uccise per congelamento a -20 °C. Trascorse 48 ore dall'inoculo, le larve sono state sezionate e osservate allo stereomicroscopio per verificare la presenza di nematodi all'interno.

Studio del ciclo vitale e delle capacità di scavenging in test di microcosmo

Per studiare i cicli dei nematodi nel terreno sono stati allestiti dei contenitori di dimensioni 30x20x5 cm contenenti 1000 cm³ di terreno franco sabbioso sterile. Sono stati preparati contenitori separati per specie di EPN da testare e, per ognuna, due serie: una con 10 larve vive di *G. mellonella*, l'altra con 10 larve vive di *T. molitor*. In ogni arena così allestita sono stati inoculati circa 20.000 IJ. Gli esperimenti sono stati eseguiti a temperatura di 25 °C e ripetuti tre volte.

2.5. Isolamento dei batteri simbiotici

I batteri simbiotici sono stati isolati direttamente dalle larve IJ (Cimen, 2013; Hazir *et al.*, 2022; Koppenhöffer, 2007). A questo scopo, 1 ml di sospensione acquosa contenente gli IJ è stata posta all'interno di una provetta per microcentrifuga in polipropilene da 1,5 ml (Eppendorf™) e centrifugata a 13.000 giri al minuto per 3 minuti. Dopo aver eliminato il surnatante, per sterilizzare la superficie dei nematodi, è stato aggiunto 1 ml di Hyamina allo

0,4%, mantenendovi i nematodi immersi per 6 minuti, mescolando di tanto in tanto. Dopo nuova centrifugazione a 13.000 rpm la soluzione di Hyamina è stata scartata e, per eliminare ogni residuo, i nematodi sono stati lavati con 1 ml di soluzione sterile di Sodio cloruro 0,9% per due volte. Eliminata la soluzione di lavaggio, dopo ulteriore centrifugazione a 13.000 giri/min per 3 minuti, i nematodi sono stati frantumati utilizzando un pestello usa e getta sterile. Infine, con l'ausilio di un'ansa sterile, l'omogenato è stato piastrato su NBTA e/o MacConkey Agar e incubato a 28 °C per 24/48 ore.

La maggior parte dei batteri del genere *Xenorhabdus*, in fase variante I (fase presente negli IJ), assorbono il blu di bromotimolo dalle piastre di NBTA (Akhurst, 1980; Hazir *et al.*, 2022; Koppenhöffer, 2007) formando colonie blu scuro o blu-verdastre, convesse, umbonate e mucoidi con una evidente zona di decolorazione attorno alle colonie (Akhurst, 1986; Thomas & Poinar, 1983; Somvanshi *et al.*, 2006; Lengyel *et al.*, 2005); su MacConkey agar questi formano colonie rosse o bruno-rossastre a causa dell'assorbimento del colorante *Neutral Red* (Akhurst & Boemare, 1988; Somvanshi *et al.*, 2006). La fase variante I di *Photorhabdus* forma colonie verde scuro o gialle, convesse, umbonate, mucoidi e gommose su NBTA (Thomas & Poinar; 1979,1983; Akhurst, 1983), colonie rosse su agar MacConkey (Akhurst & Boemare, 1988). Per identificare le colonie di *Xenorhabdus* è stato eseguito anche il test della catalasi, essendo questi gli unici enterobatteri negativi per questo enzima. Le colonie, che presentavano caratteristiche compatibili con quelle formate da questo genere, sono state immesse in perossido d'idrogeno (H₂O₂). La mancata formazione di bolle (quindi la mancata liberazione dell'ossigeno) indica l'assenza della catalasi e fornisce un'ulteriore conferma dell'identificazione su piastra. L'identificazione di *Photorhabdus* è stata ulteriormente confermata dalla presenza di bioluminescenza nelle colonie, osservata al buio dopo adattamento della vista per 15-20minuti (Bondi *et al.*, 1999; Han & Ehlers, 2001; Hazir *et al.*, 2022).

Isolate le colonie di *Xenorhabdus* o *Photorhabdus*, secondo le caratteristiche citate, queste sono state fatte crescere in brodo Luria-Bertani (LB) a 28 °C per 24 ore. Per la crioconservazione, ad un 1 ml di brodo di coltura sono stati aggiunti 800 µl di glicerolo al 50%. In questo modo i batteri isolati sono stati conservati come stock a -80 °C.

Per ulteriore conferma delle metodologie utilizzate nell'identificazione operata su piastra, alcuni ceppi sono stati oggetto di analisi molecolare; a tal proposito, si è scelto di amplificare e sequenziare il gene per l'rRNA 16S. Per ogni isolato è stata prelevata una singola colonia dalla piastra, o alternativamente 100 µl di sospensione batterica conservata in stock, e

utilizzata come inoculo in 5 ml di brodo di coltura LB. L'inoculo è stato incubato *overnight* a 28 °C con agitazione a 150-200 rpm. Dalla coltura così ottenuta, è stato trasferito 1 ml all'interno di una provetta per microcentrifuga in polipropilene da 1,5 ml (Eppendorf™) e centrifugato a 13400 giri/min per 5 minuti. Il surnatante è stato eliminato e il pellet risospeso in 1 ml di soluzione di sodio cloruro 0.9% sterile; questa procedura è stata ripetuta due volte per eliminare completamente il brodo di coltura. A questo punto il campione può essere utilizzato per la successiva fase di estrazione del DNA.

Per l'estrazione del DNA genomico e la successiva PCR è stato utilizzato il kit Platinum™ Direct PCR Universal Master Mix (Invitrogen™) secondo le indicazioni del produttore. I Primer utilizzati sono stati quelli proposti da Brunel *et al.*, (1997): XENO_U (5'-GGAGAGTTAGATCTTGGCTC-3') e XENO_L (5'-AAGGAGGTGATCCAGCCGCA-3'). Il profilo del termociclatore è stato impostato con i seguenti parametri: un ciclo di denaturazione a 95°C per 3 minuti, seguito da 30 cicli a 94°C per 30 secondi, 58°C per 30 secondi, 72°C per 1 minuto e 30 secondi. A seguire 5 minuti di estensione post-amplificazione a 72°C.

L'esito della PCR è stato testato su gel di agarosio all'1%. Gli amplificati sono stati processati utilizzando il kit GFX PCR DNA and Gel band purification Kit (Cytiva™) per l'estrazione e purificazione da banda su gel di agarosio allo 0,8 %. Il successivo sequenziamento è stato realizzato da Eurofins Genomics (Ebersberg, Germania).

Clausi *et al.*, (2021) hanno dimostrato la resistenza alla Tetraciclina di un ceppo di *Xenorhabdus kozodoii* estratto da un isolato di *Steinernema vulcanicum* (ceppo 41). Per verificare la presenza di fenomeni di resistenza a questo antibiotico nei batteri simbiotici oggetto dello studio, una sospensione acquosa contenente i batteri è stata piastrata su Mac-Conkey Agar con tetraciclina, ad una concentrazione di 12,5 µg/ml, e su piastre di MacConkey Agar senza antibiotico come controllo. Per essere sicuri dell'efficacia della tetraciclina è stato utilizzato un ceppo di *Escherichia coli* sensibile agli antibiotici (E. coli ATCC25922). Le piastre Petri sono state incubate per 48 ore a 28 °C. L'esperimento è stato ripetuto tre volte.

2.6. Analisi statistiche

Le stime delle Distanze Evolutive Medie tra isolati delle specie indagate e i risultati di tutte le prove di caratterizzazione biologica sono stati oggetto di analisi statistica mediante l'Analisi della varianza (ANOVA) ad una via. In quei confronti in cui sono emerse differenze significative è stata effettuata l'analisi *post hoc* applicando il Tuckey /Kramer HSD test (Sokal, 1995). Tutte le elaborazioni statistiche sono state effettuate tramite il Real Statistics Resource Pack software (Release 7.6) Copyright (2013 – 2021) Charles Zaiontz. <https://www.real-statistics.com> (Zaiontz, 2013). Il limite di significatività è stato fissato per $p = 0,05$. I dati dell'analisi statistica sono riportati in Appendice.

Capitolo 3

RISULTATI

3.1. Identificazione, distribuzione e habitat degli EPN isolati

3.1.1. Specie e ceppi di EPN rinvenuti

Dei 26 siti di campionamento, il 57.7% (15 siti) presentano popolazioni autoctone di EPN. Sono stati rinvenuti complessivamente 45 isolati, 34 steinernematidi e 11 heterorabditidi, con il 15,5% di campioni positivi alla ricerca degli EPN.

In Tabella 2 vengono riportate le principali informazioni riguardanti gli isolati: località, specie, tessitura del suolo, vegetazione, tipo di habitat, altitudine, *Accession number* delle sequenze depositate su NCBI GenBank. Per ogni habitat è inoltre riportato il codice di classificazione EUNIS (*European Nature Information System*, Davies *et al.*, 2004; Chytrý *et al.*, 2020) aggiornato al momento della stesura della Tesi. Sono stati utilizzati i primi tre livelli della gerarchia di classificazione, partendo dal livello più alto, che descrive tipologie di habitat ampi (ad esempio *Forest and other wooded land* – codice habitat T), attraverso il livello intermedio, con habitat più specifici (ad esempio *Coniferous forest* – T1) fino al livello più basso, con habitat ristretti (ad esempio *Mediterranean montane Pinus sylvestris-Pinus nigra forest* – T37).

In Appendice vengono allegate le schede di tutti i siti di campionamento riportanti i dati (Data; Sigla Campione; Località; Coordinate GPS; Orario; Temperatura atmosferica e del terreno; Tipo di terreno; Vegetazione, Note eventuali) riferiti ad ogni singolo campione prelevato.

L'analisi delle sequenze ITS, supportata da alcune osservazioni morfologiche, ha permesso l'identificazione a livello specifico della maggior parte degli EPN trovati.

Per quanto riguarda il genere *Steinernema* sono stati identificati: 17 isolati appartenenti alla specie *S. feltiae* Filipjev, 1934; 5 isolati di *S. kraussei* (Steiner, 1923) Travassos, 1927; un isolato di *S. apuliae* Triggiani, Mráček & Reid, 2004; 2 solati (TP-SEL1 e TP-SEL6), rinvenuti nella *Riserva Naturale Orientata Foce del Fiume Belice e dune limitrofe* (Selinunte, TP), e un isolato CL-BG2, rinvenuto al *Biviere di Gela* (Gela, CL) appartenenti allo "*Steinernema feltiae*

group”; 8 isolati per i quali non è stato possibile procedere all’identificazione molecolare e la cui attribuzione al genere *Steinernema* è stata operata esclusivamente attraverso l’osservazione morfologica.

Per quanto riguarda il genere *Heterorhabditis* sono stati identificati 5 isolati appartenenti alla specie *H. bacteriophora* Poinar, 1976, mentre per 6 isolati si è potuta effettuare solo l’attribuzione al genere su base morfologica.

La mancata analisi molecolare su alcuni isolati (8 *Steinernema* sp. e 6 *Heterorhabditis* sp.), e la conseguente mancata identificazione specifica, è stata dovuta alla perdita dell’isolato durante gli studi. Ciò è stato determinato in gran parte dalla difficoltà mostrata da questi a riprodursi in laboratorio e, secondariamente, alla complessità delle analisi da effettuare anche in ragione del gran numero di isolati rinvenuti.

Tabella 2. Principali informazioni riguardanti i 45 isolati rinvenuti in Sicilia: Località, Specie, Tessitura del suolo, Vegetazione, Habitat, Codice EUNIS (**N1B**-Mediterranean and Black Sea coastal dune scrub; **N1G**-Mediterranean coniferous coastal dune forest; **Q51**-Tall-helophyte bed; **R43**-Temperate acidophilous alpine grassland; **S54**-Thermomediterranean arid scrub; **S93**-Mediterranean riparian scrub; **T18**-*Fagus* forest on acid soils; **T19**-Temperate and submediterranean thermophilous deciduous forest; **T37**-Mediterranean montane *Pinus sylvestris*-*Pinus nigra* forest; **T3A**-Mediterranean lowland to submontane *Pinus* forest; **V15**-Bare tilled, fallow or recently abandoned arable land; **V21**-Large-scale ornamental garden areas; **V62**-Evergreen orchards and groves), Altitudine, Accession number NCBI GenBank.

Isolato	Località	Specie	Suolo	Vegetazione	Habitat	Codice EUNIS	Alt. m slm	Accession number
CL-BG2	Biviere di Gela (CL)	<i>Steinernema</i> sp.	Argilloso/sabbioso	Tamerici	Area umida	S93	14	OQ623155
CL-BG6	Biviere di Gela (CL)	<i>Steinernema</i> sp.	Argilloso/sabbioso	Ulivì	Coltura agrario legnosa	V62	17	-
CL-BG9H	Biviere di Gela (CL)	<i>H. bacteriophora</i>	Argilloso/sabbioso	Geraniaceae	Parco suburbano	V21	10	OQ600724
CT-BP8	Boschetto della Plaia (CT)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso/argilloso	Acacia	Parco suburbano	V21	3	OQ198325
CT-BP10H	Boschetto della Plaia (CT)	<i>Heterorhabditis</i> sp.	Sabbioso/argilloso	Erbacea	Parco suburbano	V21	3	-
CT-EPL1	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>S. kraussei</i>	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	OQ198332
CT-EPL3	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>S. kraussei</i>	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	OQ211101
CT-EPL5	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>Steinernema</i> sp.	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	-
CT-EPL6	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>S. feltiae</i>	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	OQ198413
CT-EPL7	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>Steinernema</i> sp.	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	-
CT-EPL8	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>Steinernema</i> sp.	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	-
CT-EPL9	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>Steinernema</i> sp.	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	-
CT-EPL10	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>Steinernema</i> sp.	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	-
CT-EPL14	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>S. kraussei</i>	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	OR758839
CT-EPL15	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>Steinernema</i> sp.	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	-
CT-EPL17	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>S. kraussei</i>	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	OQ600725
CT-EPL18	Piano della Lepre (Etna, CT)	<i>Steinernema</i> sp.	Franco sabbioso	Castagneto	Bosco di caducifoglie	T19	1530	-
CT-EPV12	Piano Vetore (Etna, CT)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso	Steppa	Prateria e steppa	R43	1750	OQ198414
CT-FFG5H	Foce Fiume Gornalunga (CT)	<i>H. bacteriophora</i>	Sabbioso	Caneto	Sistema dunale costiero	Q51	3	OQ211103
CT-MSP9	Monte Spagnolo (Etna, CT)	<i>S. kraussei</i>	Sabbioso/argilloso	Faggeta	Bosco di caducifoglie	T18	1450	OR758846
CT-MSP16	Monte Spagnolo (Etna, CT)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso/argilloso	Faggeta	Bosco di caducifoglie	T18	1450	OQ198415
CT-MSP17	Monte Spagnolo (Etna, CT)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso/argilloso	Faggeta	Bosco di caducifoglie	T18	1450	OQ198416
CT-PR10	Pineta Ragabo (Etna, CT)	<i>S. feltiae</i>	Franco sabbioso	Pineta	Pineta d'alta quota	T37	1390	OQ198417
CT-VPS5H	Villaggio Primosole II (CT)	<i>Heterorhabditis</i> sp.	Sabbioso	Pineta	Pineta costiera	N1G	5	-
CT-VPS7	Villaggio Primosole II (CT)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso/argilloso	Pineta	Pineta costiera	N1G	5	OQ198418
CT-VPS9H	Villaggio Primosole II (CT)	<i>Heterorhabditis</i> sp.	Sabbioso/argilloso	Pineta	Pineta costiera	N1G	5	-
CT-VPS11H	Villaggio Primosole II (CT)	<i>Heterorhabditis</i> sp.	Sabbioso/argilloso	Pineta	Pineta costiera	N1G	5	-
ME-MAL5	Bosco di Malabotta (ME)	<i>S. feltiae</i>	Argilloso/sabbioso	Querceta	Bosco di caducifoglie	T19	1000	OQ600726
PA-FIC7	Bosco di Ficuzza (PA)	<i>S. feltiae</i>	Argilloso	Querceta	Bosco di caducifoglie	T19	690	OQ198419
PA-FIC8	Bosco di Ficuzza (PA)	<i>S. feltiae</i>	Argilloso	Querceta	Bosco di caducifoglie	T19	690	OQ198420
PA-FIC9	Bosco di Ficuzza (PA)	<i>S. feltiae</i>	Argilloso	Querceta	Bosco di caducifoglie	T19	690	OQ198421
PA-FIC10	Bosco di Ficuzza (PA)	<i>S. feltiae</i>	Argilloso	Querceta	Bosco di caducifoglie	T19	690	OQ198422
SR-SP5H	R.N.O. Saline di Priolo (SR)	<i>Heterorhabditis</i> sp.	Sabbioso	Acacia	Area umida	S93	4	-
SR-SP7	R.N.O. Saline di Priolo (SR)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso/argilloso	Tamerici	Area umida	S93	4	OQ198423
SR-SP7H	R.N.O. Saline di Priolo (SR)	<i>H. bacteriophora</i>	Sabbioso/argilloso	Tamerici	Area umida	S93	4	OQ211104
SR-SP8	R.N.O. Saline di Priolo (SR)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso/argilloso	Tamerici	Area umida	S93	4	OQ198424
SR-SP8H	R.N.O. Saline di Priolo (SR)	<i>Heterorhabditis</i> sp.	Sabbioso/argilloso	Tamerici	Area umida	S93	4	-
SR-SSR10	Saline di Siracusa (SR)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso/argilloso	Acacia	Area umida	S93	10	OQ600727
TP-BC9	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	<i>S. feltiae</i>	Argilloso	Pineta	Pineta	T3A	100	OQ198425
TP-LP10	Lago Preola (TP)	<i>S. feltiae</i>	Sabbioso/argilloso	Roveto	Area flufiale/lacuale	S54	20	OQ198426
TP-LP12H	Lago Preola (TP)	<i>H. bacteriophora</i>	Sabbioso/argilloso	Incolto	Area flufiale/lacuale	V15	20	OQ211105
TP-SEL1	R.N.O Foce Belice (TP)	<i>Steinernema</i> sp.	Sabbioso	Tamerici	Sistema dunale costiero	N1B	5	OQ211102
TP-SEL4	R.N.O Foce Belice (TP)	<i>S. apuliae</i>	Sabbioso	Tamerici	Sistema dunale costiero	N1B	6	OR759013
TP-SEL6	R.N.O Foce Belice (TP)	<i>Steinernema</i> sp.	Sabbioso	Lentisco	Sistema dunale costiero	N1B	10	OR762508
TP-SEL9H	R.N.O Foce Belice (TP)	<i>H. bacteriophora</i>	Sabbioso	Erbacea	Sistema dunale costiero	N1B	13	OR758839

3.1.2. Distribuzione e habitat degli EPN isolati

Per quanto riguarda la distribuzione nell'isola, solo in due delle otto province campionate, Agrigento e Ragusa, non sono stati rinvenuti EPN.

La provincia con la percentuale di campioni positivi maggiore è quella di Catania (20,9%), con l'area etnea che arriva al 24,3% di positività, seguita da Siracusa (20%), Caltanissetta (15%), Trapani (14%), Palermo (13,3%) e Messina (4%) (Tab. 3).

Il maggior numero di specie si riscontra nella provincia di Trapani (4 specie: *S. feltiae*, *S. apuliae*, *Steinernema* sp. TP-SEL1/TP-SEL6 “*Steinernema feltiae* group” e *H. bacteriophora*), seguita da Catania (3 specie: *S. feltiae*, *S. kraussei*, *H. bacteriophora*), Caltanissetta (2 specie: *Steinernema* sp. CL-BG2 “*Steinernema feltiae* group” e *H. bacteriophora*), Siracusa (2 specie: *S. feltiae* e *H. bacteriophora*), Messina e Palermo (1 specie: *S. feltiae*) (Tab. 3).

Tabella 3. Numero di campioni, percentuale di campioni positivi, numero di specie e specie rinvenute per provincia.

Provincia	N. campioni	% campioni	N. specie	Specie rinvenute
CL	20	15	2	<i>Steinernema</i> sp. CL-BG2 “ <i>S. feltiae</i> group”; <i>H. bacteriophora</i>
CT totale	115	20,9	3	<i>S. feltiae</i> ; <i>S. kraussei</i> ; <i>H. bacteriophora</i>
CT Etna	70	24,3	2	<i>S. feltiae</i> ; <i>S. kraussei</i>
ME	25	4	1	<i>S. feltiae</i>
PA	30	13,3	1	<i>S. feltiae</i>
SR	20	20	2	<i>S. feltiae</i> ; <i>H. bacteriophora</i>
TP	50	14	4	<i>S. feltiae</i> ; <i>S. apuliae</i> ; <i>Steinernema</i> sp. TP-SEL1/TP-SEL6 “ <i>S. feltiae</i> group”; <i>H. bacteriophora</i>

Per quanto riguarda la distribuzione nei diversi habitat, il 44,4% degli isolati è stato rinvenuto in *Boschi di caducifoglie*, il 15,6% in *Aree umide*, il 13,3% in *Pinete costiere e d'alta quota*, l'11,1% in *Sistemi dunali costieri*, il 6,7% in *Parchi suburbani*, il 4,4% in *Aree fluviali e lacuali*, il 2,2% in *Colture agrario legnose* e in *Praterie e steppe* (Tab. 4). La Tabella 4 mostra, inoltre, il numero di specie e la loro suddivisione per habitat.

Steinernema feltiae è la specie dominante (37,8% degli isolati) e rinvenuta in tutti gli ambienti e a tutte le quote (dai 3 ai 1750 m slm; vedi Tab.2) ad eccezione dei *Sistemi dunali costieri* (Tab. 4). *Steinernema kraussei* è presente solo in habitat boschivi dell'Etna (*Boschi di caducifoglie*). *Steinernema apuliae* e *Steinernema* sp. TP-SEL1/TP-SEL6 sono presenti esclusivamente nei *Sistemi dunali costieri* (R.N.O. Foce del Fiume Belice e dune limitrofe - Selinunte, TP) mentre *Steinernema* sp. CL-BG2 solo nelle *Aree umide* (Biviere di Gela - Gela, CL). *Heterorhabditis bacteriophora* è presente nella maggior parte degli habitat ad eccezione dei *Boschi di caducifoglie*, delle *Colture agrario legnose* e delle *Praterie e steppe* campionate (Tab.4) e comunque sempre a quote prossime al livello del mare (quota massima di ritrovamento 20 m slm) (Tab. 2).

Tabella 4. Numero e percentuale di isolati, numero di specie e loro suddivisione negli otto habitat di rinvenimento.

Habitat	N. isolati	% isolati	N. specie	Specie rinvenute
Sistema dunale costiero	5	11,1	3	<i>S. apuliae</i> ; <i>Steinernema</i> sp. TP-SEL1/TP-SEL6 “ <i>S. feltiae</i> group”; <i>H. bacteriophora</i>
Area umida	7	15,6	3	<i>Steinernema</i> sp. CL-BG2 “ <i>S. feltiae</i> group”; <i>S. feltiae</i> ; <i>H. bacteriophora</i>
Coltura agrario legnosa	1	2,2	1	<i>Steinernema</i> sp.
Parco suburbano	3	6,7	2	<i>S. feltiae</i> ; <i>H. bacteriophora</i>
Bosco di caducifoglie	20	44,4	2	<i>S. feltiae</i> ; <i>S. kraussei</i>
Prateria e steppa	1	2,2	1	<i>S. feltiae</i>
Pineta	6	13,3	2	<i>S. feltiae</i> ; <i>H. bacteriophora</i>
Area fluviale/lacuale	2	4,4	2	<i>S. feltiae</i> ; <i>H. bacteriophora</i>

Relativamente alla tessitura del suolo, il 33,3% degli EPN isolati sono stati rinvenuti in suoli sabbioso argillosi, il 28,9% in suoli franco sabbiosi, il 17,8% in suoli sabbiosi mentre solo 11,1% e l'8,9% in suoli rispettivamente argillosi e argilloso sabbiosi (Tab. 5).

In base al numero di campioni raccolti, i suoli con la maggior percentuale di positività agli EPN sono nettamente quelli franco sabbiosi (43,3%), seguiti da quelli sabbioso argillosi (17,4%), sabbiosi (11,6%), argilloso sabbiosi (9,1%), argillosi (8,2%) (Tab. 5).

Tabella 5. Numero di campioni, numero di isolati, percentuale di isolati, percentuale di campioni positivi, numero di specie e specie rinvenute distribuiti per tipologia di suolo.

Tipo di suolo	N. campioni	N. isolati	% isolati	% positività	N. Specie	Specie rinvenute
Argilloso	61	5	11,1	8,2	1	<i>S. feltiae</i>
Argilloso/sabbioso	44	4	8,9	9,1	3	<i>S. feltiae</i> ; <i>Steinernema</i> sp. CL-BG2 " <i>S. feltiae</i> group"; <i>H. bacteriophora</i>
Sabbioso/argilloso	86	15	33,3	17,4	2	<i>S. feltiae</i> ; <i>H. bacteriophora</i>
Franco sabbioso	30	13	28,9	43,3	2	<i>S. feltiae</i> ; <i>S. kraussei</i>
Sabbioso	69	8	17,8	11,6	4	<i>S. feltiae</i> ; <i>S. apuliae</i> ; <i>Steinernema</i> sp. TP-SEL1/TP-SEL6 " <i>S. feltiae</i> group"; <i>H. bacteriophora</i>

Steinernema feltiae è presente in tutte le tipologie di suolo considerate. *Steinernema kraussei* è presente solo nei suoli franco sabbiosi tipici dei boschi etnei. *Steinernema apuliae* e *Steinernema* sp. TP-SEL1/TP-SEL6 sono presenti esclusivamente nei suoli sabbiosi della R.N.O. Foce del Fiume Belice e dune limitrofe (Selinunte, TP) mentre *Steinernema* sp. CL-BG2 nei suoli argilloso sabbiosi del Biviere di Gela (Gela, CL). *Heterorhabditis bacteriophora* è presente in tre tipologie di suolo: sabbioso, sabbioso argilloso e argilloso sabbioso (Tab. 5).

3.2. Analisi molecolare degli isolati di *S. feltiae*

Gli isolati di *S. feltiae* sono complessivamente 17: CT-BP8, CT-EPL6, CT-EPV12, CT-MSP16, CT-MSP17, CT-PR10, CT-VPS7, ME-MAL5, PA-FIC7, PA-FIC8, PA-FIC9, PA-FIC10, SR-SP7, SR-SP8, SR-SSR10, TP-BC9, TP-LP10.

I frammenti di DNA ottenuti mediante PCR hanno avuto tutti una lunghezza superiore alle 1000 paia di basi (bp) e comprendono interamente le regioni ITS1 e ITS2.

In Tabella 6 vengono riportati la lunghezza e l'*Accession number* delle sequenze registrate su NCBI GenBank dopo revisione e generazione del *consensus*.

Tabella 6. Lunghezza e *Accession number* delle sequenze *consensus* dei 17 isolati di *S. feltiae* registrate su NCBI GenBank.

Isolato	Lunghezza (bp)	Accession number
CT-BP8	1012	OQ198325
CT-EPL6	962	OQ198413
CT-EPV12	1011	OQ198414
CT-MSP16	980	OQ198415
CT-MSP17	967	OQ198416
CT-PR10	984	OQ198417
CT-VPS7	992	OQ198418
ME-MAL5	969	OQ600726
PA-FIC7	984	OQ198419
PA-FIC8	996	OQ198420
PA-FIC9	996	OQ198421
PA-FIC10	993	OQ198422
SR-SP7	993	OQ198423
SR-SP8	998	OQ198424
SR-SSR10	1000	OQ600727
TP-BC9	987	OQ198425
TP-LP10	1000	OQ198426

L'analisi BLASTN ha permesso, per tutti gli isolati, il confronto con un elevato numero di sequenze omologhe di *S. feltiae* presenti sul database NCBI GenBank. Quelle con alti valori di *Score*, d'identità e *Query cover* hanno permesso una identificazione specifica certa.

In Appendice vengono riportate la sequenza *consensus*, generata dall'allineamento delle due letture realizzate con i *primer forward* e *reverse*, i *reports* con i dieci migliori risultati dell'analisi BLASTN ordinati per valori di *Score* e il miglior allineamento per ciascun isolato.

3.2.1. Allineamento multiplo delle sequenze

Tutti i 17 isolati mostrano un'elevata identità di sequenza. Nell'allineamento multiplo delle sequenze degli isolati siciliani sono state analizzate 952 posizioni, utilizzando il software Clustal W con i parametri di default per *gap opening* e *gap extension*, non sono stati rilevate *indel* mentre sono presenti appena tre siti polimorfici nelle posizioni 300 (transizione A>G), 316 (transversione C>A) e 952 (transizione T>C in SR-SP8 e TP-BC9). La Tabella 7 mostra la composizione nucleotidica delle sequenze analizzate e le transizioni/transversioni nei siti variabili. In Appendice viene riportato l'intero allineamento.

Tabella 7. Composizione nucleotidica delle sequenze *consensus* dei 17 isolati di *S. feltiae* e i siti variabili presenti nell'allineamento multiplo.

Isolato	Composizione nucleotidica					Posizioni polimorfiche		
	T	C	A	G	Total	300	316	952
CT-BP8	33,7	17,2	26,6	22,5	952,0	A	A	T
CT-EPL6	33,7	17,2	26,6	22,5	952,0	A	A	T
CT-EPV12	33,7	17,2	26,6	22,5	952,0	A	A	T
CT-MSP16	33,8	17,4	26,4	22,5	951,0	R	C	T
CT-MSP17	33,7	17,2	26,6	22,5	952,0	A	A	T
CT-PR10	33,7	17,2	26,6	22,5	952,0	A	A	T
CT-VPS7	33,7	17,2	26,6	22,5	952,0	A	A	T
ME-MAL5	33,7	17,3	26,4	22,6	952,0	G	C	T
PA-FIC7	33,7	17,2	26,6	22,5	952,0	A	A	T
PA-FIC8	33,8	17,2	26,5	22,5	951,0	R	A	T
PA-FIC9	33,7	17,2	26,6	22,5	952,0	A	A	T
PA-FIC10	33,8	17,3	26,4	22,5	950,0	R	M	T
SR-SP7	33,8	17,1	26,6	22,5	951,0	A	A	T
SR-SP8	33,6	17,4	26,4	22,6	952,0	G	C	C
SR-SSR10	33,7	17,3	26,4	22,6	952,0	G	C	T
TP-BC9	33,6	17,4	26,4	22,6	952,0	G	C	C
TP-LP10	33,7	17,3	26,4	22,6	952,0	G	C	T

Le sequenze degli isolati siciliani sono state quindi allineate con 25 sequenze omologhe di *S. feltiae* depositate su NCBI GenBank (Tab. 8) e appartenenti ad isolati di diverse nazioni scelti in base ai valori di *Score* e alla provenienza geografica. Nell'allineamento è stata inserita anche la sequenza di un isolato etneo presente sul database, *S. feltiae* PTC - MT830907.1.

Tabella 8. I 25 isolati di *S. feltiae* oggetto dello studio. Sono riportati il nome dell'isolato, l'area di provenienza e l'*Accession number* di NCBI GenBank.

Isolato	Area di provenienza	Accession number
<i>S. feltiae</i> WG-01	Polonia	MK294320.1
<i>S. feltiae</i> 626 clone 1a	Rep. Ceca	KM016339.1
<i>S. feltiae</i> A1	Gran Bretagna	AY230169.1
<i>S. feltiae</i> PAC clone 3c	Finlandia	KM016371.1
<i>S. feltiae</i> PAC clone 1b	Finlandia	KM016360.1
<i>S. feltiae</i> Strelcha	Bulgaria	KT873480.1
<i>S. feltiae</i> Iso17	Croazia	MG952288.1
<i>S. feltiae</i> MY9	Giappone	AY230178.1
<i>S. feltiae</i> FRA200	Francia	LR745199.1
<i>S. feltiae</i> Rioja	Spagna	HM461997.1
<i>S. feltiae</i> San Bernardino	Svizzera	AY171247.1
<i>S. feltiae</i> B30	Slovenia	EU914855.1
<i>S. feltiae</i> KM	Ucraina	KF939328.1
<i>S. feltiae</i> USTINOV	Russia	KT809344.1
<i>S. feltiae</i> STP11-4	Turchia	MN861044.1
<i>S. feltiae</i> Malka	Giordania	EU200355.1
<i>S. feltiae</i> LIB21	Libano	HM140693.1
<i>S. feltiae</i> F17	Palestina	KC571264.1
<i>S. feltiae</i> Hamedan1	Iran	JN098449.1
<i>S. feltiae</i> T92	Indonesia	AY230185.1
<i>S. feltiae</i> AMY	Corea del Sud	MN093395.1
<i>S. feltiae</i> Pumping Station	Cina	AY170336.1
<i>S. feltiae</i> P4	India	MN044870.1
<i>S. feltiae</i> Columbia	Canada	DQ310470.1
<i>S. feltiae</i> SN	Stati Uniti	AF121050.2

L'allineamento ottenuto analizza complessivamente 687 posizioni e mostra alcune delezioni/inserzioni di singoli nucleotidi, mentre *indel* più ampie si riscontrano solo nelle posizioni dalla 107 alla 126, ricadenti nella regione ITS1, con lunghezza variabile complessivamente di 6 e 10 basi (vedi Appendice). Gli isolati siciliani mostrano alcune

sostituzioni nucleotidiche, condivise solo con alcuni degli altri isolati dell'allineamento (Tab. 9). In particolare, in posizione 126 (A) e 450 (T) sono presenti due sostituzioni condivise solo con l'isolato San Bernardino AY171247.1 proveniente dalla Svizzera. Le altre sostituzioni sono condivise con un numero più ampio di isolati e sono mostrate in Tabella 9.

Tabella 9. Sostituzioni nucleotidiche presenti negli isolati siciliani. Posizione nell'allineamento, nucleotide di sostituzione e isolati che condividono la sostituzione.

Posizione	Nucleotide	Isolato
114	T	FRA200, Francia - LR745199.1; Rioja, Spagna - HM461997.1
126	A	San Bernardino, Svizzera - AY171247.1
442	A	San Bernardino, Svizzera - AY171247.1; F17, Palestina - KC571264.1
452	T	San Bernardino, Svizzera - AY171247.1
646	A	MY19, Giappone - AY230178.1; FRA200, Francia - LR745199.1; Rioja, Spagna - HM461997.1; P4, India - MN044870.1; PAC clone 1b, Finlandia - KM016360.1; Hamedan1, Iran - JN098449.1; F17, Palestina - KC571264.1
647	T	FRA200, Francia - LR745199.1; Rioja, Spagna - HM461997.1; Hamedan1, Iran - JN098449.1; F17, Palestina - KC571264.1; P4, India - MN044870.1

Spiridonov *et al.* (2004), analizzando il *locus* ITS1 di 14 isolati di *S. feltiae*, hanno identificato tre tipologie di sequenze in base alla presenza o meno di *indels*: sequenze con delezione di sei nucleotidi; con delezione di dieci nucleotidi; senza alcuna delezione. Il tratto della regione ITS1 interessato da queste variazioni è il medesimo identificato nelle posizioni 107-126 del nostro allineamento (vedi Appendice).

Per approfondire ulteriormente l'analisi della regione è stato realizzato un nuovo allineamento multiplo del solo *locus* ITS1 comprendente, oltre alle sequenze degli isolati siciliani e le 25 degli isolati esteri già utilizzate precedentemente, altre 30 sequenze di isolati rinvenuti nel territorio italiano (Tarasco *et al.*, 2015) depositate su NCBI GenBank, di cui 9 di isolati siciliani, e che, vista la brevità (contengono solo l'ITS1 infatti), erano state escluse dalle analisi riportate precedentemente. In Tabella 10 vengono mostrate la lunghezza, la regione di

provenienza e l'*Accession number* delle 30 sequenze italiane. L'intero allineamento è riportato in Appendice.

Tabella 10. Isolato, lunghezza (bp), Regione di provenienza e *Accession number* (NCBI GenBank) delle 30 sequenze italiane utilizzate nell'allineamento del *locus* ITS1.

Isolato	Regione	Lunghezza (bp)	Accession number
CAST5	Toscana	387	HQ412837.1
CE2	Puglia	379	HQ412813.1
CHIA5	Toscana	381	HQ412838.1
CL2	Campania	379	HQ412830.1
CO1	Puglia	381	HQ412814.1
CS6	Puglia	381	HQ412815.1
CT027	Sicilia	395	HQ412834.1
CTSA18	Sicilia	386	HQ412832.1
CZ19	Calabria	386	HQ412816.1
CZ23	Calabria	382	HQ412817.1
EMM1	Sicilia, Etna	332	GU599910.1
EPP	Sicilia, Etna	332	GU599908.1
ESA	Sicilia, Etna	332	GU599911.1
ETA	Sicilia, Etna	332	GU599909.1
GR1	Basilicata	387	HQ412818.1
GR16	Puglia	386	HQ412828.1
KL	Sicilia	332	GU599914.1
LE1	Puglia	384	HQ412819.1
MA12	Basilicata	387	HQ412827.1
MR7	Puglia	380	HQ412810.1
MSA3	Puglia	382	HQ412811.1
MSA4	Puglia	382	HQ412825.1
OT11	Puglia	386	HQ412821.1
OT14	Puglia	387	HQ412822.1
OT15	Puglia	382	HQ412823.1
OT2	Puglia	383	HQ412820.1
RC8	Calabria	382	HQ412812.1
SAL3	Sicilia, Isole Eolie	385	HQ412836.1
TG4	Puglia	407	HQ412824.1
VE01	Sicilia	384	HQ412835.1

Le posizioni analizzate sono complessivamente 298, tutte le sequenze degli isolati siciliani e italiani analizzate (sia quelle di nuova acquisizione che quelle già presenti su NCBI GenBank) mostrano una sequenza ITS1 del tipo “senza delezioni” nelle posizioni interessate dagli *indels* descritti da Spiridonov *et al.* (2004) ed in particolare nelle posizioni che vanno dalla 122 alla 135 dell’allineamento effettuato (vedi Appendice). Questa condizione è condivisa dalla maggior parte degli isolati oggetto dello studio, ma solo le sequenze di quelli provenienti dalla Sicilia, dalle altre regioni italiane e dall’isolato svizzero San Bernardino AY171247.1 presentano nelle posizioni 123 (T) e 135 (A) due sinapomorfie.

Nelle posizioni adiacenti alla regione descritta, la 122 e la 138, alcuni isolati italiani/siciliani e il ceppo svizzero mostrano alcune sostituzioni (rispettivamente la transizione G>T e la transversione C>A), rispetto alle sequenze provenienti dagli altri paesi, configurando tre diversi aplotipi con un numero crescente di polimorfismi (Fig. 6).

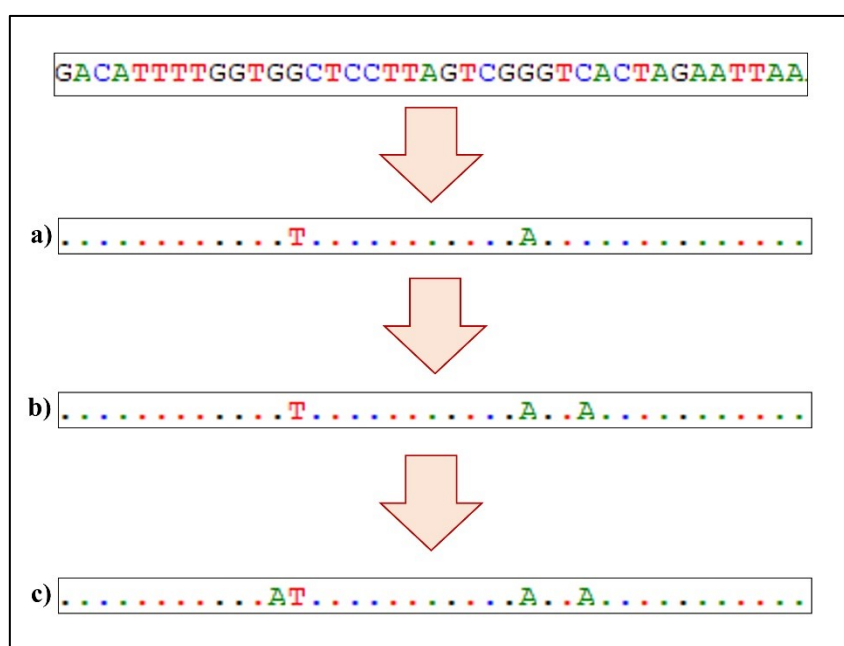


Figura 6. Aplotipi presenti negli isolati italiani/siciliani di *S. feltiae*: a) aplotipo con due sostituzioni (G>T, G>A); b) aplotipo con tre sostituzioni (G>T, G>A, C>A); c) aplotipo con quattro sostituzioni (G>A, G>T, G>A, C>A).

3.2.2. Matrice delle distanze genetiche e ricostruzione filogenetica

Per l'analisi filogenetica, è stata innanzitutto stimata, attraverso la quantificazione del Numero di Sostituzioni per Sito, la Divergenza Evolutiva tra le sequenze oggetto di studio e riportate nelle Tabelle 6 e 8. Il risultato dell'analisi è la matrice delle distanze proposta in Tabella 11.

L'analisi ha coinvolto 43 sequenze nucleotidiche ed è stata condotta utilizzando il software MEGA11 (Tamura *et al.*, 2021) applicando il modello *Maximum Composite Likelihood* (Tamura *et al.*, 2004). Tutte le posizioni ambigue sono state rimosse per ciascuna coppia di sequenze applicando l'opzione *pairwise deletion*. Complessivamente sono state analizzate 687 posizioni con una Divergenza Evolutiva Media pari a 0,01.

Suddividendo le sequenze della matrice in 2 gruppi, denominati *Sicilia* (18 isolati siciliani) e *NCBI GenBank* (25 isolati esteri), è stata calcolata la Divergenza Evolutiva Media intra-gruppo (*within groups*) e tra i due gruppi (*between groups*). L'analisi è stata effettuata secondo il modello *Maximum Composite Likelihood* (Tamura *et al.*, 2004) con una parziale tolleranza ai *gap* determinata dall'opzione *pairwise deletion*. I risultati sono mostrati in Tabella 12.

Dall'Analisi della Varianza ad una via (ANOVA) e il successivo test *post hoc* (Tukey-Kramer HSD Test) emergono differenze significative tra la minore Divergenza Media *within groups* degli isolati siciliani rispetto a quella mostrata dagli isolati esteri ($p < 0,001$) e rispetto a quella presente tra tutti gli isolati considerati nell'allineamento ($p < 0,001$).

Tabella 12. Stima della Divergenza Evolutiva Media *within groups* e *between groups* tra i gruppi denominati *Sicilia* (18 isolati siciliani) e *NCBI GenBank* (25 isolati esteri).

Distanza evolutiva media		
	<i>Within groups</i>	<i>Between groups</i>
Sicilia	0,001	0,012
NCBI GenBank	0,010	

Per la ricostruzione filogenetica sono stati utilizzati due modelli evolutivi, *UPGMA* (*Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Averaging*; Sneath & Sokal, 1973) e *Neighbor-Joining* (Saitou & Nei, 1987). Questi due algoritmi assumono due presupposti differenti: il primo presuppone un tasso di sostituzione costante nel tempo e in tutte le OTU (*Operational Taxonomic Units*) mentre il secondo ammette tassi di evoluzione disuguali.

In entrambe le ricostruzioni filogenetiche sono state utilizzate le 43 sequenze già citate (Tab. 6 e Tab. 8) e come *outgroup* la sequenza ITS di *Steinernema arenarium* AY2302160 (Spiridonov *et al.*, 2004) per un totale di 44 OTU. Le distanze evolutive sono state calcolate utilizzando il metodo *Maximum Composite Likelihood* (Tamura *et al.*, 2004) e tutte le posizioni ambigue sono state rimosse per ciascuna coppia di sequenze (opzione *pairwise deletion*) per un totale di 742 posizioni analizzate. La robustezza degli alberi è stata stimata attraverso un *Bootstrap Test* a 10000 repliche (Felsenstein, 1985). Le analisi evolutive sono state condotte con il software MEGA11 (Tamura *et al.*, 2021).

I cladogrammi realizzati con i due algoritmi, UPGMA (Fig. 7) e NJ (Fig. 8), presentano una topologia sovrapponibile nonostante si basino su due modelli evolutivi differenti. In entrambi i casi, infatti, gli isolati siciliani formano un clade, insieme all'isolato svizzero San Bernardino AY171247, ben distinto dagli altri.

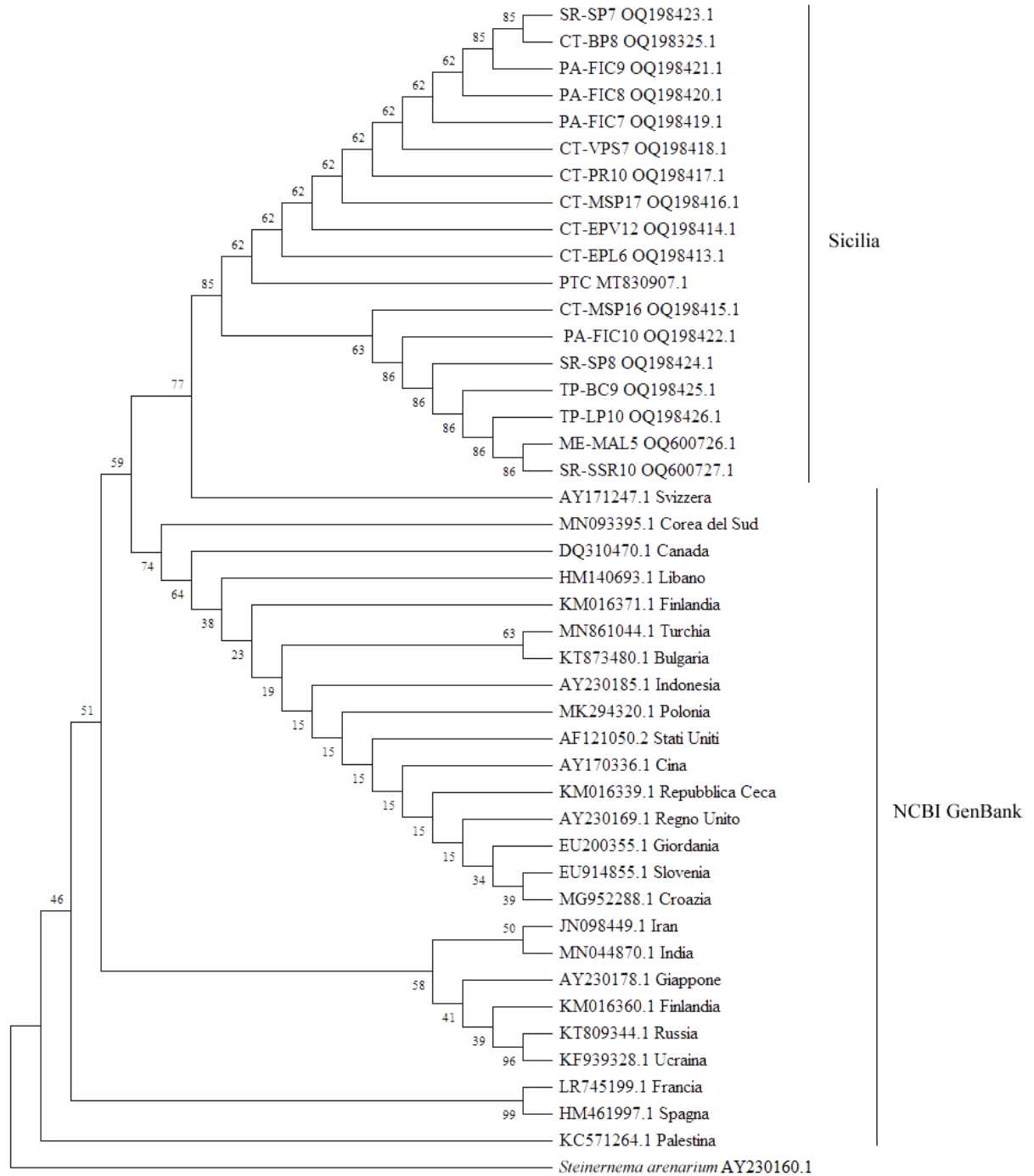


Figura 7. Ricostruzione filogenetica basata su 44 OTU effettuata con il metodo *UPGMA*. La percentuale *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami.

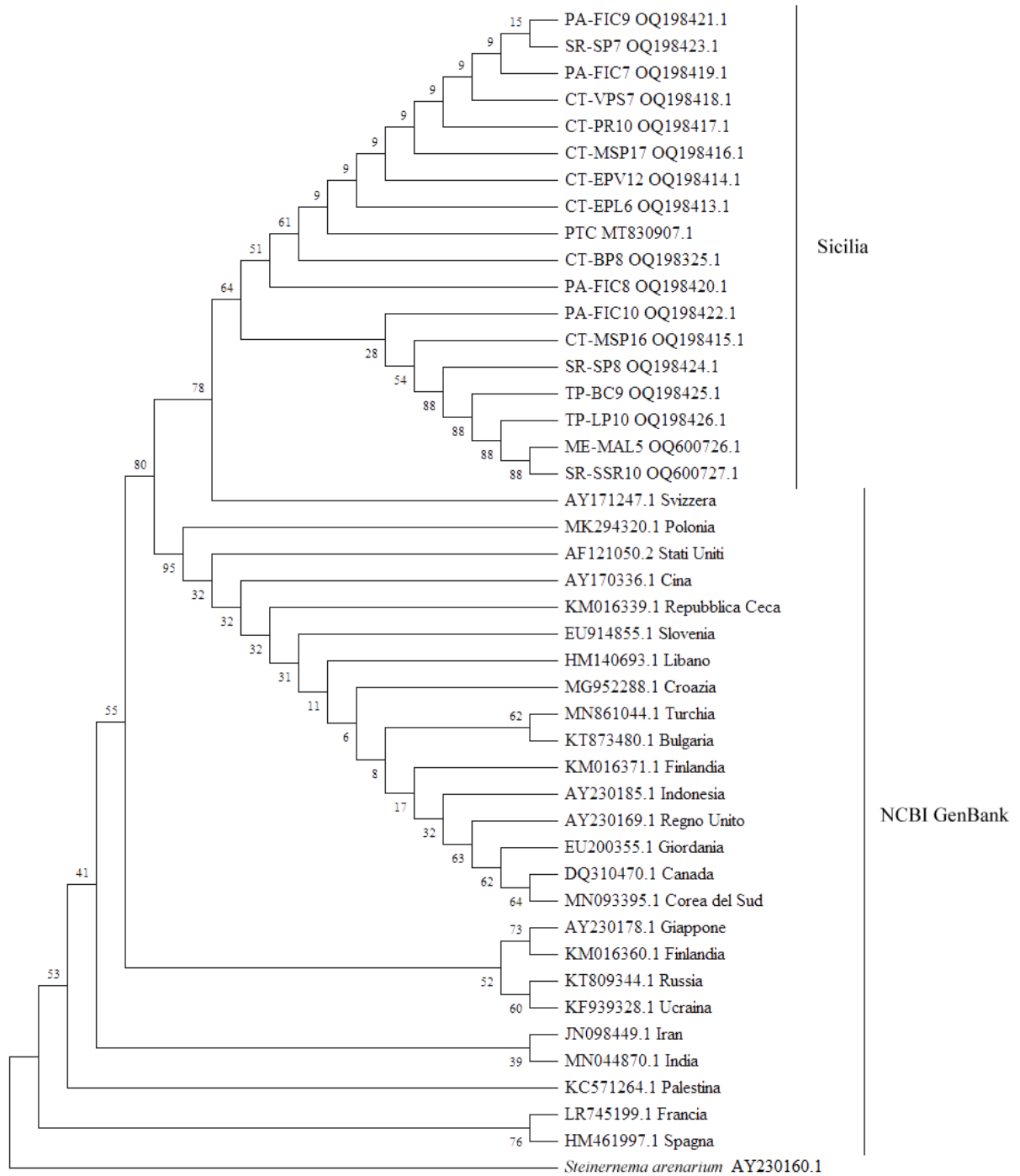


Figura 8. Ricostruzione filogenetica basata su 44 OTU effettuata con il metodo *Neighbor-Joining*. La percentuale *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami.

3.3. Analisi molecolare degli isolati di *S. kraussei*

Gli isolati di *S. kraussei* sono cinque e provengono tutti dell'area etnea, precisamente dalle stazioni di Piano della Lepre e Monte Spagnolo: CT-EPL1, CT-EPL3, CT-EPL14, CT-EPL17 E CT-MSP9.

L'amplificazione della regione ITS ha restituito frammenti di dimensioni prossime alle 1000 bp comprendenti interamente entrambi i *loci* da indagare, ITS1 e ITS2.

La Tabella 13 mostra i dati riguardanti la lunghezza e l'*Accession number* delle sequenze depositate su NCBI Genbank al termine della revisione operata manualmente e generazione della sequenza *consensus*.

Tabella 13. Lunghezza e *Accession number* delle sequenze *consensus* di 5 isolati di *S. kraussei* registrate su NCBI GenBank.

Isolato	Lunghezza (bp)	Accession number
CT-EPL1	967	OQ198332
CT-EPL3	966	OQ211101
CT-EPL14	963	OR758839
CT-EPL17	993	OQ600725
CT-MSP9	968	OR758846

L'identificazione specifica su base molecolare è stata effettuata, anche in questo caso, sottoponendo all'algoritmo BLASTN le sequenze da identificare. Tutte le sequenze analizzate presentano un elevato grado di omologia con quelle della specie *S. kraussei*.

Per ogni isolato, vengono riportate in Appendice la sequenza *consensus*, i dieci migliori risultati dell'analisi BLASTN ordinati per valori di *Score* e il miglior allineamento.

3.3.1. Allineamento multiplo delle sequenze

L'allineamento multiplo delle sequenze ITS dei cinque isolati di *S. kraussei* ha permesso di analizzare complessivamente 937 posizioni, allineate utilizzando i parametri di default per *gap opening* e *gap extension* proposti dal software Clustal W. La Tabella 14 mostra la composizione nucleotidica delle sequenze analizzate.

Sono presenti complessivamente 12 siti polimorfici (Tab. 15), in maggioranza *mismatch* e solo due *indel*: un'inserzione (C) in posizione 5 di CT-EPL14 e un *gap* in posizione 28 in CT-EPL1.

L'isolato CT-EPL14 mostra una maggiore differenziazione rispetto agli altri isolati etnei, con la presenza di sei autapomorfie: oltre l'inserzione già citata, anche i *mismatch* in posizione 688, 693, 696, 856 e la transversione C>A in posizione 729 (Tab. 15).

Tabella 14. Composizione nucleotidica delle sequenze *consensus* dei 5 isolati di *S. kraussei*.

Composizione nucleotidica					
Isolato	T	C	A	G	Total
CT-EPL1	31,4	18,8	26,1	23,7	967
CT-EPL3	31,6	18,7	26,2	23,5	966
CT-EPL14	31,4	19,5	25,4	23,7	963
CT-EPL17	31,2	19,4	25,8	23,6	993
CT-MSP9	31,4	18,9	26,2	23,6	968

Tabella 15. Siti variabili presenti nell'allineamento multiplo delle sequenze *consensus* dei 5 isolati di *S. kraussei*. Per gli isolati CT-EPL14 e CT-MSP9 vengono mostrate le sequenze ottenute in due sequenziamenti differenti che hanno evidenziato polimorfismi all'interno della singola popolazione. In rosso le autapomorfie dell'isolato CT-EPL14. (-) = gap.

Posizioni polimorfiche												
Isolato	5	28	339	656	664	688	693	696	722	729	814	856
CT-EPL1	-	-	A	T	G	C	C	A	G	C	T	C
CT-EPL3	-	A	T	T	A	C	C	A	T	C	G	C
CT-EPL14	C	A	A	T	A	C	A	A	G	A	G	C
CT-EPL14 (II)	C	A	T	A	G	T	A	T	T	A	T	T
CT-EPL17	-	A	T	T	A	C	C	A	G	C	G	C
CT-MSP9	-	A	A	T	A	C	C	A	G	C	G	C
CT-MSP9 (II)	-	A	T	A	G	C	C	A	T	C	T	C

In modo analogo a quanto sviluppato per *S. feltiae*, anche in questo caso si è provveduto ad allineare le sequenze dei cinque isolati di *S. kraussei* rinvenuti in Sicilia con sequenze omologhe appartenenti ad isolati della stessa specie, scelti in base ai valori di *Score* e alla provenienza geografica. In particolare, sono state scelte le 18 sequenze riportate in Tabella 16.

Tabella 16. I 18 isolati di *S. kraussei* oggetto dello studio. Sono riportati il nome dell'isolato, l'area di provenienza e l'*Accession number* di NCBI GenBank.

Isolato	Area di provenienza	Accession number
<i>S. kraussei</i> Italia	Italia	AY230174.1
<i>S. kraussei</i> 401	Polonia	KC608623.1
<i>S. kraussei</i> CG-81	Turchia	JX872515.1
<i>S. kraussei</i> MC_266	USA	OK305944.1
<i>S. kraussei</i> XJ-90	Cina	OP415627.1
<i>S. kraussei</i> BG 18S	Nuova Zelanda	JQ247218.1
<i>S. kraussei</i> 22-4(1)	Irlanda	KU847415.1
<i>S. kraussei</i> HOK22 cl. 4d	Giappone	KM016397.1
<i>S. kraussei</i> OS	Rep. Ceca	KJ696686.1
<i>S. kraussei</i> Altai 35	Russia	AY171270.1
<i>S. kraussei</i> strain D	Svizzera	AY171258.1
<i>S. kraussei</i> UK	Regno Unito	AY171253.1
<i>S. kraussei</i> Belgio	Belgio	AY171250.1
<i>S. kraussei</i> Islanda	Islanda	AY171248.1
<i>S. kraussei</i> 20F	Portogallo	JN683825.2
<i>S. kraussei</i> Westfalia	Germania	AY230175.1
<i>S. kraussei</i> Nash	Regno Unito	AY230176.1
<i>S. kraussei</i> C46	Slovenia	EU914856.1

Dall'allineamento delle 23 OTU è stato possibile evidenziare alcune sostituzioni nucleotidiche, alcune inserzioni/delezioni di singoli nucleotidi e tre *indel* più lunghe nelle posizioni 450-457, 517-542 e 585-590 (vedi Appendice). In particolare, il frammento compreso tra le posizioni 517 e 542, che presenta un'*indel* di 21/22 bp, sembra configurare almeno tre aplotipi differenti: (a) senza delezione; (b) con delezione di 21 nucleotidi; (c) con delezione di 22 nucleotidi (Fig. 9).

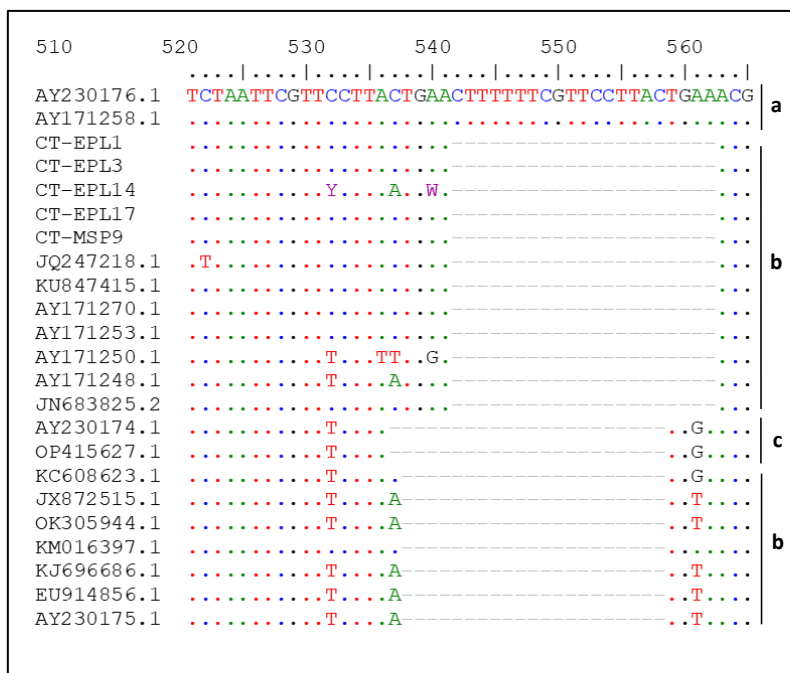


Figura 9. Frammento dell'allineamento multiplo del locus ITS di 23 isolati di *S. kraussei*. Le lettere identificano il tipo di *indel*: a) senza delezioni; b) con delezione di 21 bp; c) con delezione di 22 bp.

3.3.2. Matrice delle distanze genetiche e ricostruzione filogenetica

L'analisi filogenetica delle sequenze ITS di *S. kraussei* oggetto dello studio ha avuto come primo step la stima della loro Divergenza Evolutiva. Il Numero di Sostituzioni per Sito è riportato nella matrice in Tabella 17.

Complessivamente sono state analizzate 708 posizioni delle 23 OTU oggetto dell'allineamento, è stato applicato il modello *Maximum Composite Likelihood* (Tamura *et al.*, 2004) e l'opzione *pairwise deletion* per eliminare tutte le posizioni ambigue. La Divergenza Evolutiva Media è pari a 0,014.

Come già effettuato per *S. feltiae*, si è proceduto al calcolo delle Divergenze Evolutive Medie *within groups* e *between groups*, utilizzando gli stessi parametri usati in precedenza per quanto riguarda il Modello evolutivo e la tolleranza ai *gap*. I risultati sono mostrati in Tabella 18.

L'analisi statistica (ANOVA e Tukey/Kramer HSD test) ha messo in luce differenze significative tra la minore Divergenza Media tra isolati siciliani rispetto a quella tra isolati esteri ($p < 0,001$) e rispetto alla Divergenza Media tra tutti gli isolati dell'allineamento ($p < 0,01$).

Tabella 17. Matrice delle distanze genetiche del *locus* ITS di 23 isolati di *Steinernema kraussei*.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
1																							
2	0,006																						
3	0,003	0,003																					
4	0,005	0,002	0,003																				
5	0,000	0,000	0,003	0,000																			
6	0,005	0,002	0,003	0,000	0,000																		
7	0,009	0,006	0,003	0,008	0,005	0,007																	
8	0,009	0,006	0,008	0,005	0,005	0,005	0,012																
9	0,005	0,002	0,003	0,000	0,000	0,000	0,008	0,004															
10	0,005	0,002	0,003	0,000	0,000	0,000	0,008	0,005	0,000														
11	0,005	0,002	0,003	0,000	0,000	0,000	0,008	0,004	0,000	0,000													
12	0,031	0,026	0,020	0,028	0,023	0,028	0,029	0,032	0,028	0,028	0,028												
13	0,009	0,009	0,000	0,008	0,005	0,008	0,011	0,012	0,008	0,008	0,008	0,026											
14	0,006	0,003	0,005	0,002	0,002	0,002	0,009	0,006	0,002	0,002	0,002	0,029	0,009										
15	0,018	0,015	0,012	0,017	0,014	0,018	0,017	0,022	0,017	0,017	0,017	0,034	0,017	0,018									
16	0,042	0,040	0,038	0,039	0,036	0,040	0,047	0,044	0,039	0,039	0,039	0,055	0,042	0,037	0,042								
17	0,008	0,008	0,002	0,006	0,005	0,008	0,012	0,011	0,006	0,006	0,006	0,026	0,000	0,008	0,017	0,042							
18	0,017	0,017	0,006	0,018	0,012	0,020	0,015	0,023	0,018	0,018	0,018	0,031	0,012	0,020	0,020	0,047	0,014						
19	0,017	0,014	0,011	0,015	0,012	0,017	0,015	0,020	0,015	0,015	0,015	0,033	0,015	0,017	0,002	0,042	0,015	0,018					
20	0,008	0,008	0,008	0,006	0,005	0,006	0,014	0,011	0,006	0,006	0,006	0,032	0,011	0,008	0,021	0,043	0,011	0,023	0,020				
21	0,012	0,012	0,002	0,014	0,008	0,015	0,008	0,018	0,014	0,014	0,014	0,026	0,008	0,015	0,018	0,048	0,009	0,008	0,017	0,021			
22	0,014	0,014	0,003	0,015	0,009	0,017	0,009	0,020	0,015	0,015	0,015	0,028	0,009	0,017	0,020	0,050	0,011	0,009	0,018	0,023	0,002		
23	0,012	0,012	0,002	0,014	0,008	0,015	0,008	0,018	0,014	0,014	0,014	0,026	0,008	0,015	0,018	0,048	0,009	0,008	0,017	0,021	0,000	0,002	

- (1) *S. kraussei* CT-EPL1 Sicilia, Etna OQ198332
 (2) *S. kraussei* CT-EPL3 Sicilia, Etna OQ211101
 (3) *S. kraussei* CT-EPL14 Sicilia, Etna OR758839
 (4) *S. kraussei* CT-EPL17 Sicilia, Etna OQ600725
 (5) *S. kraussei* CT-MSP9 Sicilia, Etna OR758846
 (6) *S. kraussei* strain D Svizzera AY171258.1
 (7) *S. kraussei* Nash 18S Regno unito AY230176.1
 (8) *S. kraussei* BG 18S Nuova_Zelanda JQ247218.1

- (9) *S. kraussei* 22-4(1) Irlanda KU847415.1
 (10) *S. kraussei* Altai 35 Russia AY171270.1
 (11) *S. kraussei* UK Regno unito AY171253.1
 (12) *S. kraussei* Belgio AY171250.1
 (13) *S. kraussei* Islanda AY171248.1
 (14) *S. kraussei* 20F Portogallo JN683825.2
 (15) *S. kraussei* Italia AY230174.1
 (16) *S. kraussei* 401 Polonia KC608623.1

- (17) *S. kraussei* CG-81 Turchia JX872515.1
 (18) *S. kraussei* MC 266 Stati Uniti OK305944.1
 (19) *S. kraussei* XJ-90 Cina OP415627.1
 (20) *S. kraussei* HOK22 clone 4d Giappone KM016397.1
 (21) *S. kraussei* OS Rep. Ceca KJ696686.1
 (22) *S. kraussei* C46 Slovenia EU914856.1
 (23) *S. kraussei* Westfalia Germania AY230175.1

Tabella 18. Stima della Divergenza Evolutiva Media *within groups* e *between groups* tra i gruppi denominati Sicilia (5 isolati siciliani) e NCBI GenBank (18 isolati esteri).

Distanza Evolutiva Media		
	<i>Whitin groups</i>	<i>Between groups</i>
Sicilia	0,002	
NCBI GenBank	0,017	0,010

La ricostruzione filogenetica è stata effettuata sottoponendo le 23 sequenze oggetto delle analisi descritte in precedenza a due diversi modelli evolutivi (*UPGMA* e *Neighbor-Joining*). La sequenza ITS di *Steinernema arenarium* AY2302160 è stata utilizzata come *outgroup* per un totale di 24 *OTU* analizzate. Le distanze evolutive sono state stimate utilizzando il metodo *Maximum Composite Likelihood* e l'opzione *pairwise deletion*, parzialmente tollerante ai *gap*.

In entrambi gli alberi filogenetici sviluppati con i due modelli, *UPGMA* (Fig. 10) e *NJ* (Fig. 11), l'isolato CT-EPL14 si distanzia dagli altri isolati siciliani che, invece, formano un clade comune.

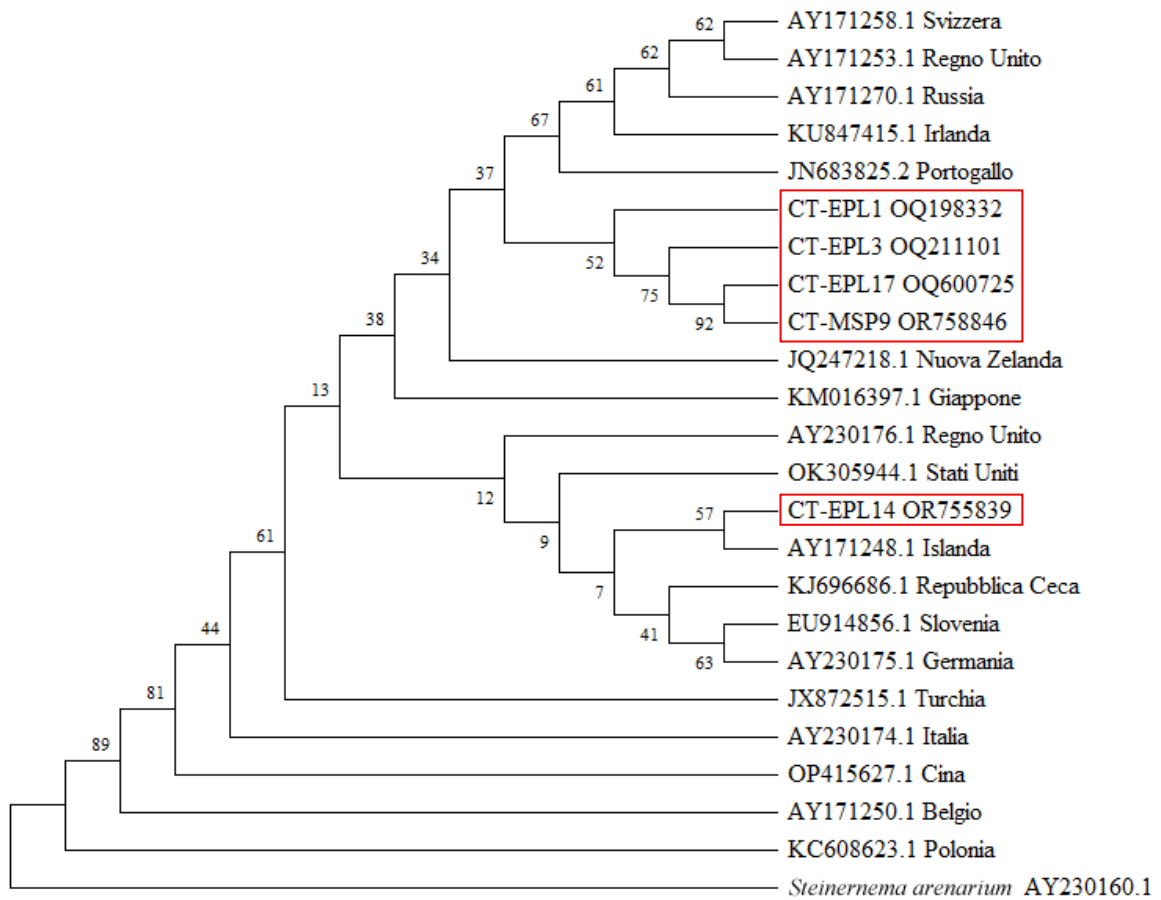


Figura 10. Ricostruzione filogenetica basata su 24 OTU effettuata con il metodo *UPGMA*. La percentuale *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami. Evidenziati in rosso gli isolati siciliani.

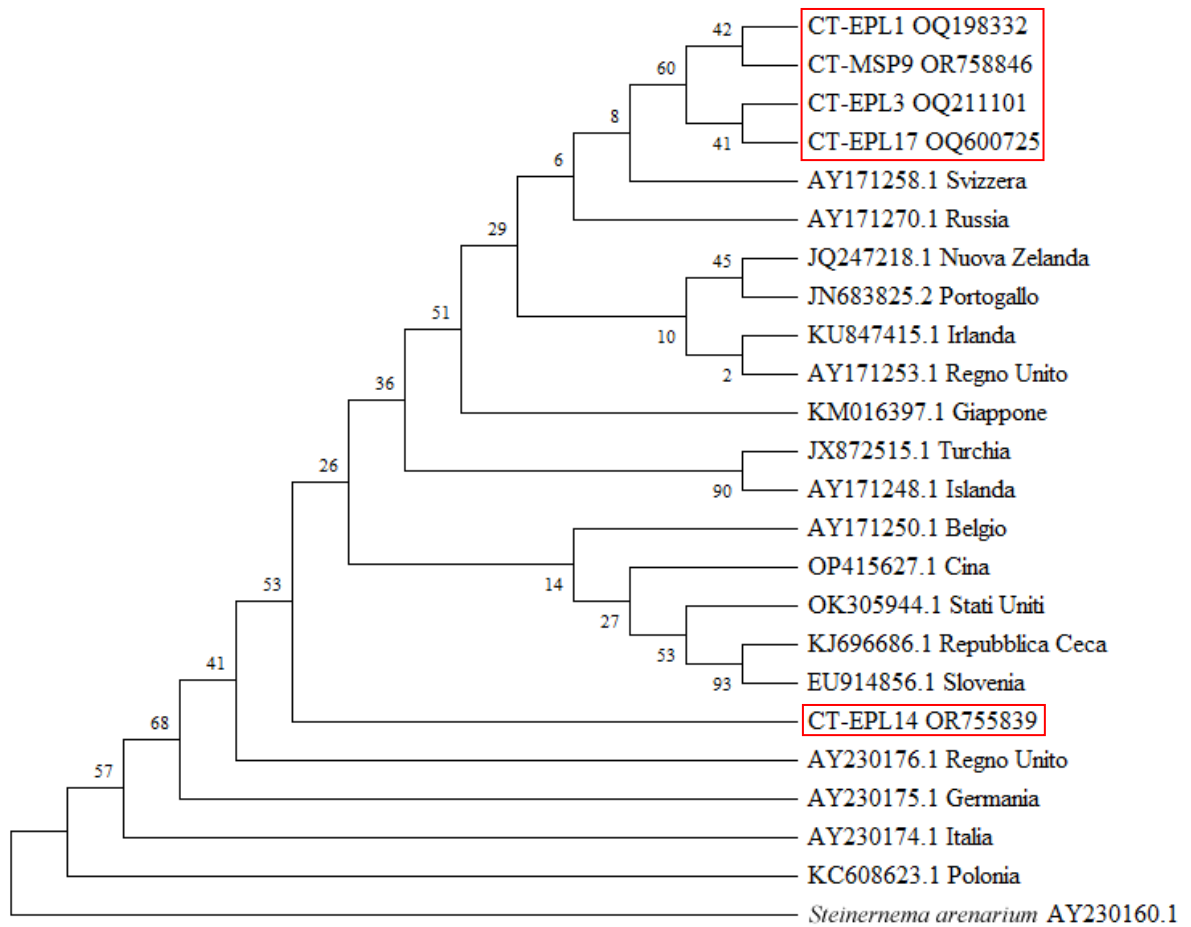


Figura 11. Ricostruzione filogenetica basata su 24 OTU effettuata con il metodo *Neighbor-Joining*. La percentuale bootstrap (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami. Evidenziati in rosso gli isolati siciliani.

3.4. Analisi molecolare degli isolati di *H. bacteriophora*

Gli isolati di *Heterorhabditis bacteriophora* sono cinque: CL-BG9H, CT-FF5H, SR-SP7H, TP-LP12H, TP-SEL9H.

Gli amplificati ottenuti tramite PCR comprendono l'intera regione ITS che si intende indagare e hanno tutti una lunghezza superiore alle 1000 paia di basi (bp).

Per ogni isolato vengono riportati in Tabella 19 la lunghezza delle sequenze *consensus* depositate su NCBI GenBank e il relativo *Accession number*.

Tabella 19. Lunghezza e *Accession number* delle sequenze consensus di 5 isolati di *H. bacteriophora* registrate su NCBI GenBank.

Isolato	Lunghezza (bp)	Accession number
CL-BG9H	1006	OQ600724
CT-FFG5H	1010	OQ211103
SR-SP7H	1037	OQ211104
TP-LP12H	1043	OQ211105
TP-SEL9H	1027	OR755839

L'identificazione specifica è stata eseguita confrontando le sequenze degli isolati oggetto di studio con numerose sequenze omologhe presenti sul database online NCBI GenBank. La presenza di sequenze appartenenti a *H. bacteriophora* con alti valori di *Score*, d'identità e *Query cover* hanno permesso l'attribuzione a questa specie.

In Appendice sono riportate le sequenze *consensus* degli isolati e i dieci migliori risultati dell'analisi BLASTN in ordine di *Score* e il miglior allineamento per ciascun isolato.

3.4.1. Allineamento multiplo delle sequenze

L'allineamento multiplo degli isolati siciliani ha analizzato 981 posizioni ed ha permesso di identificare 12 siti polimorfici riassunti in Tabella 20. In particolare, è presente un *gap* in posizione 17 nell'isolato CT-FFG5H e quattro caratteri autapomorfi: uno in posizione 979 (transizione G>A) in CL-BG9H e tre in TP-SEL9H nelle posizioni 10 (inserzione di una A), 108 (transversione C>G) e 421 (transversione C>G). L'intero allineamento è riportato in Appendice.

Tabella 20. Siti variabili presenti nell'allineamento multiplo delle sequenze *consensus* dei 5 isolati di *H. bacteriophora*. In rosso le autapomorfie degli isolati CL-BG9H e TP-SEL9H. (-) = gap.

Isolato	Posizioni polimorfiche											
	6	10	17	108	187	401	421	723	817	913	920	979
CL-BG9H	C	-	T	C	C	A	C	C	C	A	T	A
CT-FFG5H	A	-	-	C	C	A	C	C	T	A	T	G
SR-SP7H	C	-	T	C	T	G	C	T	C	G	A	G
TP-LP12H	C	-	T	C	T	G	C	T	C	G	A	G
TP-SEL9H	A	A	T	G	C	A	G	C	T	A	T	G

Come per le specie discusse in precedenza, è stato operato un nuovo allineamento comprendente 20 sequenze omologhe (Tab. 21) scelte per valori di *Score* e per provenienza geografica.

Tabella 21. I 20 isolati di *H. bacteriophora* oggetto dello studio. Sono riportati il nome dell'isolato, l'area di provenienza e l'*Accession number* di NCBI GenBank.

Isolato	Area di provenienza	Accession number
<i>H. bacteriophora</i> SVF-20	Italia	OD921255.1
<i>H. bacteriophora</i> THS-21	Italia	OD921256.1
<i>H. bacteriophora</i> CH21	India	MK072810.2
<i>H. bacteriophora</i> HP88	Irlanda	EF043438.1
<i>H. bacteriophora</i> 89-C	Sud Africa	EU715293.1
<i>H. bacteriophora</i> NJ	Cina	AY170328.1
<i>H. bacteriophora</i> N54	Argentina	KT378448.1
<i>H. bacteriophora</i> Palestina	Palestina	KC633184.1
<i>H. bacteriophora</i> Z-1	Turchia	OQ130749.1
<i>H. bacteriophora</i> Iran3	Iran	FJ653913.1
<i>H. bacteriophora</i> MEX-14	Stati Uniti	MK421482.1
<i>H. bacteriophora</i> N-Riwaka	Nuova Zelanda	HQ225892.1
<i>H. bacteriophora</i> TT01	Trinidad e Tobago	LR745524.1
<i>H. bacteriophora</i> LIB04	Libano	HM140690.1
<i>H. bacteriophora</i> Portogallo	Portogallo	EU860187.1
<i>H. bacteriophora</i> Hba_MG-618b	Svizzera	MZ914695.1
<i>H. bacteriophora</i> Iso15	Croazia	MG952286.1
<i>H. bacteriophora</i> BGKB-1/2007	Bulgaria	JX993984.1
<i>H. bacteriophora</i> Pak GH 353	Pakistan	MF113048.1
<i>H. bacteriophora</i> IRQ.1	Iraq	MK211207.1

L'allineamento così ottenuto ha analizzato 781 posizioni e ha evidenziato solo alcune sostituzioni di singoli nucleotidi (25 siti), 9 *gap* tutti a carico dell'isolato Iran3 FJ653913.1 e 6 siti con inserzioni nucleotidiche (vedi Appendice).

3.4.2. Matrice delle distanze genetiche e ricostruzione filogenetica

La successiva analisi filogenetica ha permesso innanzitutto di stimare la Divergenza Evolutiva (Numero di Sostituzioni per Sito) tra gli isolati. Il risultato dell'analisi è la matrice delle distanze proposta in Tabella 22.

L'analisi ha coinvolto 25 sequenze nucleotidiche, applicando gli algoritmi già descritti nei precedenti paragrafi. Complessivamente sono state analizzate 781 posizioni con una Divergenza Evolutiva Media pari a 0,0036.

Suddividendo le sequenze della matrice in 2 gruppi, denominati *Sicilia* (5 isolati siciliani) e *NCBI GenBank* (20 isolati esteri), è stata calcolata sia la Divergenza Evolutiva Media *within groups* sia quella *between groups*. I risultati sono mostrati in Tabella 23.

Le tre medie calcolate mettono in luce il basso grado di divergenza tra le sequenze e tra gli isolati siciliani e quelli esteri. L'Analisi della varianza (ANOVA) non rileva nessuna differenza significativa tra le due Divergenze Evolutive Medie *withing groups* e tra queste e la Divergenza Evolutiva Media Totale.

Gli alberi filogenetici sono stati generati sottoponendo le 25 sequenze a due diversi modelli evolutivi (*UPGMA* e *Neighbor-Joining*). Come *outgroup* sono state utilizzate le sequenze di *Oscheius tipulae* AJ297895.1 (Spiridonov & Subbotin, 2016) e di *S. feltiae* WG-02 MK294325.1 (Zeini *et al.*, 2019) per un totale di 26 OTU analizzate. Le distanze evolutive sono state stimate utilizzando il metodo *Maximum Composite Likelihood* e l'opzione *pairwise deletion*, parzialmente tollerante ai *gap*.

Come atteso, vista la scarsa Divergenza Evolutiva, negli alberi filogenetici, sia con il metodo UPGMA (Fig. 12) che NJ (Fig. 13), gli isolati siciliani non formano un clade distinto ma si inseriscono in rami differenti con altri isolati. Gli unici due isolati siciliani che mostrano una certa vicinanza reciproca sono TP-LP12H e SR-SP7H raggruppati insieme in entrambe le ricostruzioni filogenetiche. Il basso grado di differenziazione genetica è anche testimoniato dai valori di *Bootstrap* discretamente bassi.

Tabella 22. Matrice delle distanze genetiche del *locus* ITS di 2 isolati di *Heterorhabditis bacteriophora*.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	
1																									
2	0,005																								
3	0,005	0,000																							
4	0,001	0,004	0,004																						
5	0,001	0,007	0,007	0,003																					
6	0,004	0,009	0,009	0,005	0,005																				
7	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004																			
8	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000																		
9	0,003	0,008	0,008	0,004	0,004	0,007	0,003	0,003																	
10	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003																
11	0,008	0,010	0,010	0,006	0,009	0,012	0,008	0,008	0,010	0,008															
12	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,008														
13	0,004	0,004	0,004	0,003	0,005	0,008	0,004	0,004	0,008	0,004	0,009	0,004													
14	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,008	0,000	0,004												
15	0,012	0,015	0,015	0,011	0,013	0,016	0,012	0,012	0,015	0,012	0,008	0,012	0,013	0,012											
16	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,008	0,000	0,004	0,000	0,012										
17	0,001	0,006	0,006	0,003	0,003	0,005	0,001	0,001	0,004	0,001	0,009	0,001	0,005	0,001	0,013	0,001									
18	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,008	0,000	0,004	0,000	0,012	0,000	0,001								
19	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,008	0,000	0,004	0,000	0,012	0,000	0,001	0,000							
20	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,008	0,000	0,004	0,000	0,012	0,000	0,001	0,000	0,000						
21	0,001	0,004	0,004	0,000	0,003	0,005	0,001	0,001	0,004	0,001	0,006	0,001	0,003	0,001	0,011	0,001	0,003	0,001	0,001	0,001					
22	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,008	0,000	0,004	0,000	0,012	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000			0,001	
23	0,000	0,005	0,005	0,001	0,001	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,008	0,000	0,004	0,000	0,012	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,001	0,000		
24	0,003	0,005	0,005	0,001	0,004	0,007	0,003	0,003	0,005	0,003	0,008	0,003	0,004	0,003	0,012	0,003	0,004	0,003	0,003	0,003	0,003	0,001	0,003	0,003	
25	0,001	0,004	0,004	0,000	0,003	0,005	0,001	0,001	0,004	0,001	0,006	0,001	0,003	0,001	0,011	0,001	0,003	0,001	0,001	0,001	0,001	0,000	0,001	0,001	0,001

- (1) *H. bacteriophora* CT-FFG5H Sicilia OQ211103.1
- (2) *H. bacteriophora* TP-LP12H Sicilia OQ211105.1
- (3) *H. bacteriophora* OQ211104.1 SR-SP7H
- (4) *H. bacteriophora* OQ600724.1_CL-BG9H
- (5) *H. bacteriophora* TP-SEL9H OR755839
- (6) *H. bacteriophora* SVF-20 Italia OD921255.1
- (7) *H. bacteriophora* THS-21 Italia OD921256.1
- (8) *H. bacteriophora* CH21 India MK072810.2
- (9) *H. bacteriophora* HP88 Irlanda EF043438.1
- (10) *H. bacteriophora* 89-C Sud Africa EU715293.1

- (11) *H. bacteriophora* NJ Cina AY170328.1
- (12) *H. bacteriophora* N54 Argentina KT378448.1
- (13) *H. bacteriophora* Palestina KC633184.1
- (14) *H. bacteriophora* Z-1 Turchia OQ130749.1
- (15) *H. bacteriophora* Iran3 Iran FJ653913.1
- (16) *H. bacteriophora* MEX-14 Stati Uniti MK421482.1
- (17) *H. bacteriophora* N-Riwaka Nuova Zelanda HQ225892.1
- (18) *H. bacteriophora* TT01 Trinidad e Tobago LR745524.1
- (19) *H. bacteriophora* LIB04 Libano HM140690.1
- (20) *H. bacteriophora* Portogallo EU860187.1

- (21) *H. bacteriophora* Hba MG-618b Svizzera MZ914695.1
- (22) *H. bacteriophora* Iso15 Croazia MG952286.1
- (23) *H. bacteriophora* BGKB-1/2007 Bulgaria JX993984.1
- (24) *H. bacteriophora* Pak GH 353 Pakistan MF113048.1
- (25) *H. bacteriophora* IRQ.1 Iraq MK211207.1

Tabella 23. Stima della Divergenza Evolutiva Media *within groups* e *between groups* tra i gruppi denominati *Sicilia* (5 isolati siciliani) e *NCBI GenBank* (20 isolati esteri).

Distanza Evolutiva Media		
	<i>Whitin groups</i>	<i>Between groups</i>
Sicilia	0,0036	0,0039
NCBI GenBank	0,0034	

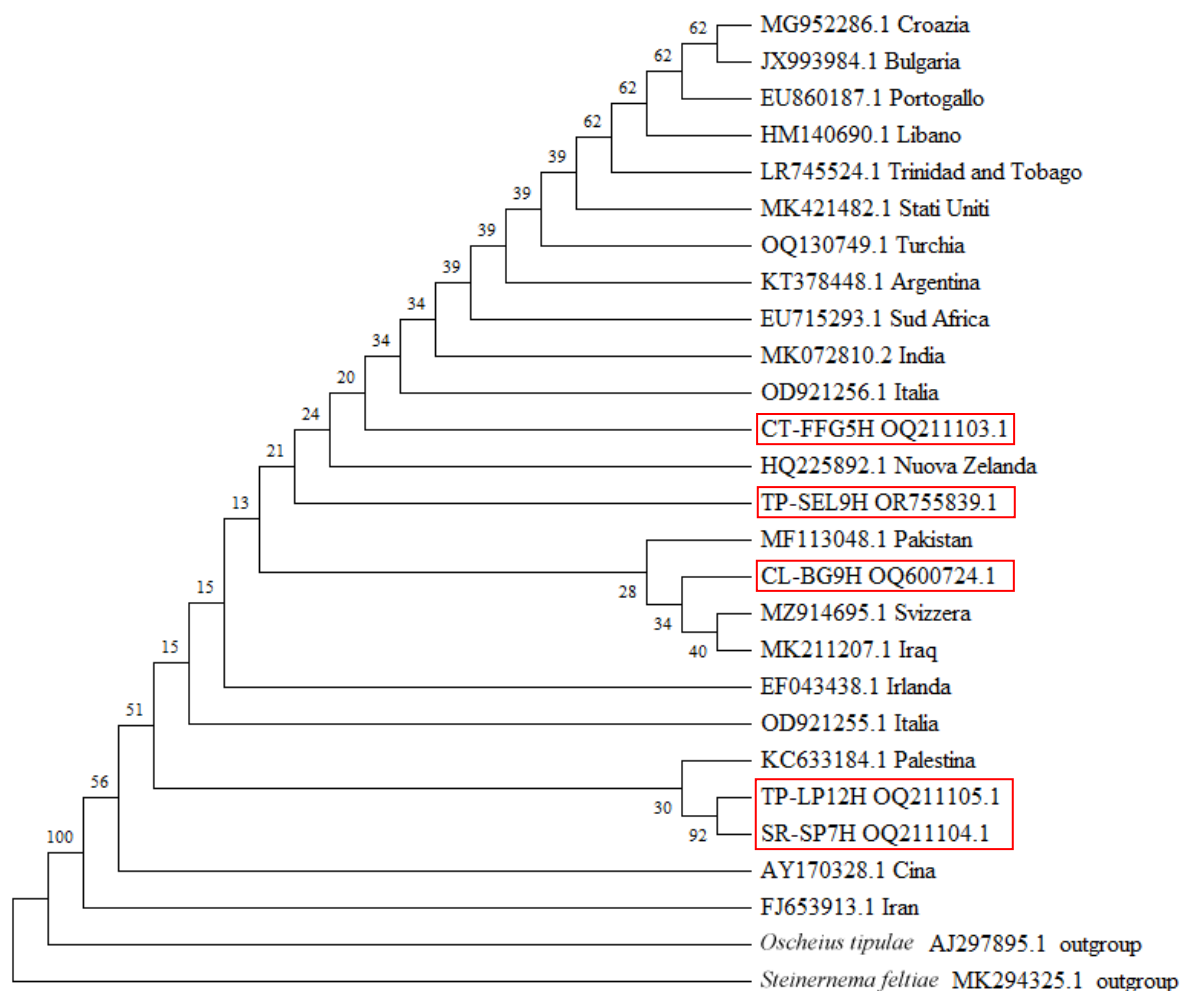


Figura 12. Ricostruzione filogenetica basata su 27 OTU effettuata con il metodo *UPGMA*. La percentuale *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami. Evidenziati in rosso gli isolati siciliani.

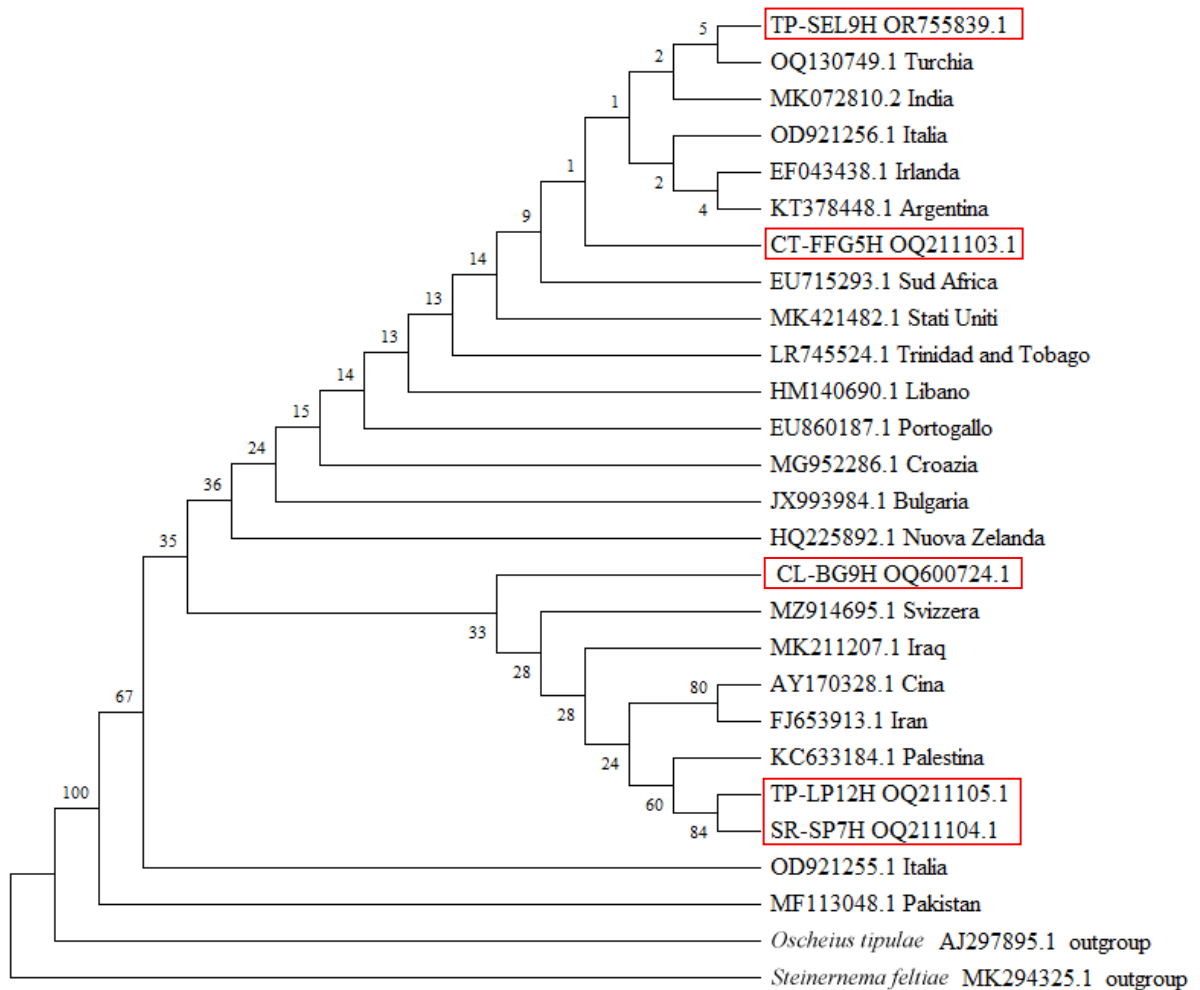


Figura 13. Ricostruzione filogenetica basata su 27 OTU effettuata con il metodo *Neighbor-Joining*. La percentuale *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami. Evidenziati in rosso gli isolati siciliani.

3.5. Analisi molecolare degli isolati di *Steinernema* sp. CL-BG2, TP-SEL1 E TP-SEL6

Per gli isolati CL-BG2 (*A.n.* OQ623155), TP-SEL1 (*A.n.* OQ211102) e TP-SEL6 (*A.n.* OR762508) l'analisi BLASTN non ha permesso una chiara identificazione specifica. A differenza degli altri isolati trattati fin qui, che presentano sequenze ITS con un elevato grado di similarità (spesso oltre il 99%) con un gran numero di sequenze omologhe, per questi isolati la percentuale di identità è decisamente inferiore.

Nelle Tabelle 24, 25 e 26 vengono mostrati i principali parametri dell'analisi BLASTN (Percentuale di identità tra le sequenze, Lunghezza dell'allineamento, Numero di *mismatch*, Numero di *gap*, Percentuale di *Query cover*, *Expect value*, Valore di *Score*) relativi ai migliori allineamenti tra gli isolati siciliani oggetto dello studio e gli isolati delle tre specie, *S. feltiae*, *S. ichnusae*, *S. litorale*, con le quali condividono la maggiore identità. In Appendice vengono riportati per ogni isolato la sequenza *consensus*, i *reports* con i dieci migliori risultati dell'analisi BLASTN ordinati per valori di *Score* e gli allineamenti con i tre isolati.

Tabella 24. Principali parametri dell'analisi BLASTN di *Steinernema* sp. CL-BG2. Vengono mostrati nell'ordine: Percentuale di identità tra le sequenze, Lunghezza dell'allineamento, Numero di *mismatch*, Numero di *gap*, Percentuale di *Query cover*, *Expect value*, Valore di *Score*.

ANALISI BLATN CL-BG2							
Isolato	% Identità	Lun. All. (bp)	Mismatches	Gap	% Q. cover	E value	Score
<i>S. feltiae</i> AB243439.1	96.281	968	27	7	100	0.0	1581
<i>S. ichnusae</i> EU421129.1	96.250	800	24	5	82	0.0	1306
<i>S. litorale</i> OP415628.1	95.584	951	36	5	98	0.0	1519

Tabella 25. Principali parametri dell'analisi BLASTN di *Steinernema* sp. TP-SEL1. Vengono mostrati nell'ordine: Percentuale di identità tra le sequenze, Lunghezza dell'allineamento, Numero di *mismatch*, Numero di *gap*, Percentuale di *Query cover*, *Expect value*, Valore di *Score*.

ANALISI BLATN TP-SEL1							
Isolato	% Identità	Lun. All. (bp)	Mismatches	Gap	% Q. cover	E value	Score
<i>S. feltiae</i> JF920964.1	96.939	980	23	6	99	0.0	1639
<i>S. ichnusae</i> EU421129.1	97.243	798	18	4	81	0.0	1351
<i>S. litorale</i> OP415628.1	96.520	977	31	3	99	0.0	1615

Tabella 26. Principali parametri dell'analisi BLASTN di *Steinernema* sp. TP-SEL6. Vengono mostrati nell'ordine: Percentuale di identità tra le sequenze, Lunghezza dell'allineamento, Numero di *mismatch*, Numero di *gap*, Percentuale di *Query cover*, *Expect value*, Valore di *Score*.

ANALISI BLATN TP-SEL6							
Isolato	% Identità	Lun. All. (bp)	Mismatches	Gap	% Q. cover	E value	Score
<i>S. feltiae</i> JF920964.1	97.029	976	23	5	99	0.0	1637
<i>S. ichnusae</i> EU421129.1	97.368	798	17	4	81	0.0	1354
<i>S. litorale</i> OP415628.1	96.605	972	31	2	99	0.0	1611

3.5.1. Allineamento multiplo delle sequenze e inquadramento tassonomico

L'allineamento tra le sequenze ITS di CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6 (complessivamente 954 posizioni, la composizione nucleotidica è mostrata in Tab. 27) mette in mostra l'assoluta identità tra i due isolati trapanesi (ad eccezione della posizione 476 dove troviamo un *mismatch*) mentre sono maggiori le differenze con CL-BG2, seppur limitate a 11 sostituzioni, un *gap* in posizione 378, l'inserzione di un nucleotide (A) in posizione 659 e della coppia GA nelle posizioni 795-796 (Tab. 28).

Tabella 27. Composizione nucleotidica delle sequenze *consensus* dei 3 isolati di *Steinernema* sp.

Composizione nucleotidica					
Isolato	T	C	A	G	Total
TP-SEL6	33,0	18,7	25,0	23,2	951
TP-SEL1	33,1	18,7	25,1	23,2	950
CL-BG2	32,7	19,0	24,9	23,4	953

Tabella 28. Siti variabili nell'allineamento multiplo delle sequenze *consensus* dei tre isolati di *Steinernema* sp.; (-) = *gap*.

Posizioni polimorfiche						
Isolato	216	285	298	377	378	403
TP-SEL1	C	G	T	T	T	A
TP-SEL6	C	G	T	T	T	A
CL-BG2	T	A	C	C	-	T
	476	659	661	710	792	793
TP-SEL1	G	-	T	A	T	A
TP-SEL6	R	-	T	A	T	A
CL-BG2	G	A	C	G	G	G
	795	796	819	820		
TP-SEL1	-	-	G	A		
TP-SEL6	-	-	G	A		
CL-BG2	G	A	C	T		

Per indagare il corretto posizionamento tassonomico e filogenetico di questi isolati all'interno del genere *Steinernema*, le loro sequenze sono state allineate con quelle utilizzate da Spiridonov & Subbotin (2016) per ricostruire le relazioni filogenetiche all'interno del genere (81 steinernematidi e 3 *outgroup*) e la cui analisi ha permesso l'identificazione di 12 Cladi multispecie e tre monospecifici (vedi Introduzione). Il risultato dell'analisi filogenetica è l'albero proposto in Figura 14, calcolato con il metodo della Massima Verosimiglianza (*Maximum Likelihood*; Nei & Kumar, 2000), applicando il modello di sostituzione *General Time Reversible*, GTR (Tavaré, 1986) e considerando la percentuale di siti invariabili (+I) (Shoemaker & Fitch, 1989) ([+I], 11,06%) e la variazione del tasso di Distribuzione Gamma tra i siti (+G) (Yang, 1994) (+G, *parameter* = 1,2376), modelli che descrivono la velocità di variazione tra i siti di una sequenza (Arenas, 2015).

Gli isolati siciliani oggetto di studio appartengono al *Feltiae group* e clusterizzano vicini a *S. ichnusae* e *S. feltiae* formando un gruppo monofiletico e ben supportato dai valori di *bootstrap* (Fig. 14), il che potrebbe far ipotizzare la loro attribuzione ad una specie distinta e nuova per la scienza.

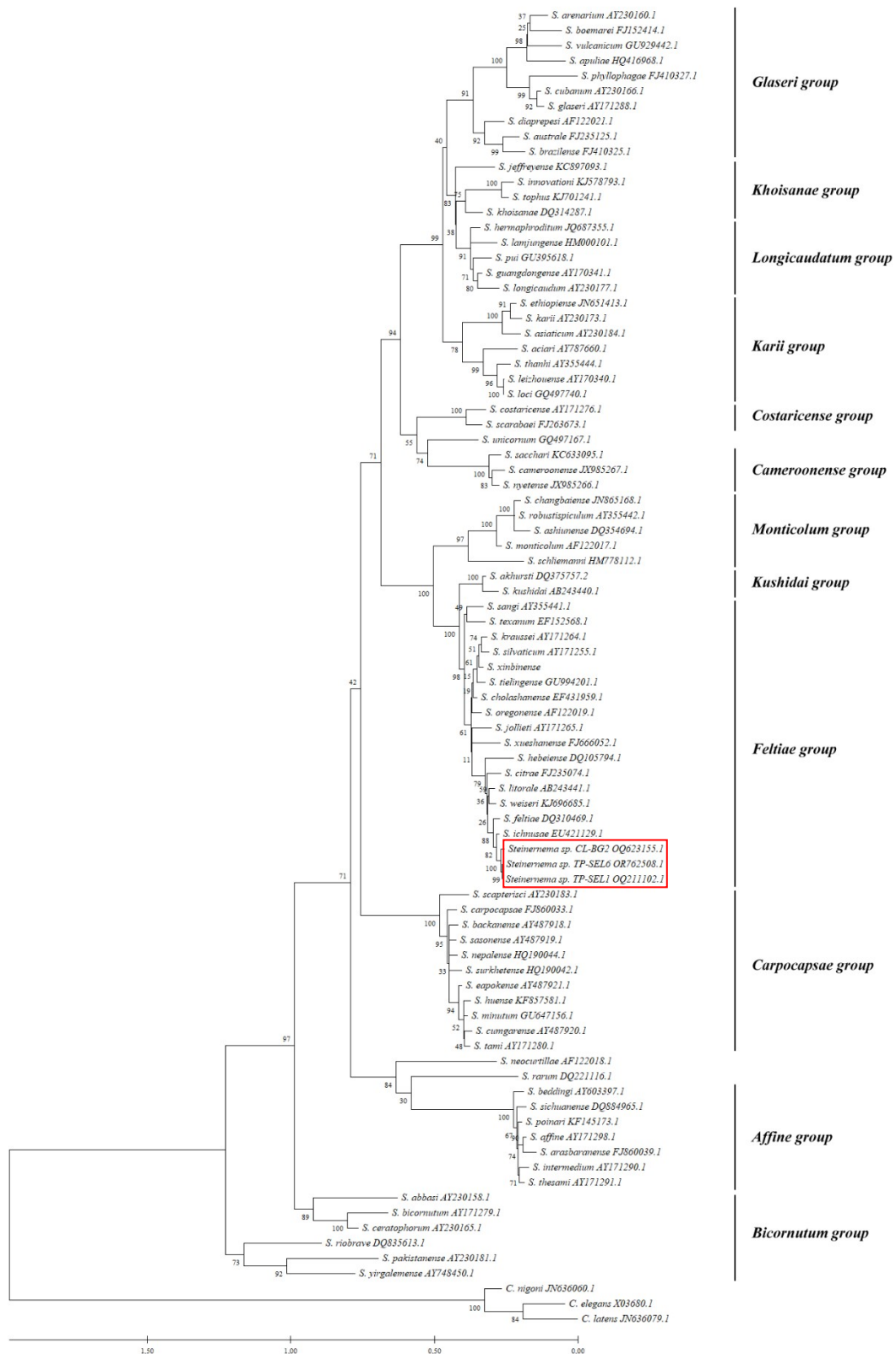


Figura 14. Relazioni filogenetiche tra gli isolati CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6 (evidenziati in rosso) e le specie del genere *Steinerinema* calcolate utilizzando il modello evolutivo *Maximum Likelihood* e il modello di sostituzione GTR+I+G applicati a 87 sequenze ITS rDNA. L'albero è disegnato in scala, con la lunghezza dei rami misurata in numero di sostituzioni per sito. *Bootstrap* 100 repliche.

Per approfondire ulteriormente i rapporti evolutivi tra i tre isolati e le specie del *Feltiae* group più vicine, si è provveduto ad un nuovo allineamento multiplo comprendente, oltre i tre isolati oggetto di studio, le sequenze ITS dei 17 isolati di *S. feltiae* siciliani (Tab. 6) insieme all'isolato etneo PTC MT830907.1, quelle dei 25 isolati di *S. feltiae* con diversa provenienza geografica già utilizzati per le analisi filogenetiche esposte nel paragrafo 3.2.1 (Tab. 8) e le sequenze di *S. ichnusae* EU421129.1, di *S. litorale* OP415628.1 e di *S. weiseri* LR745522.1 che presentano, per le rispettive specie, il miglior allineamento con i tre isolati in studio.

L'allineamento analizza 688 posizioni e mostra diversi polimorfismi a carico degli isolati TP-SEL1, TP-SEL6 e CL-BG2 che li differenziano dagli isolati di *S. feltiae* e in parte anche dalle altre specie inserite nell'analisi. In particolare, sono presenti 8 autapomorfie che caratterizzano i tre isolati di *Steinernema* sp.: posizione 4 (T>G); posizione 26 inserzione (C); posizione 435 (G>T); posizione 450 (G>T); posizione 461 (C>A); posizione 489 (T>C); posizione 593 (A>G); posizione 597 (C>G). Inoltre, sono presenti anche alcune sinapomorfie condivise con le specie *S. ichnusae*, *S. litorale* e *S. weiseri*: nelle posizioni 221 e 577 le sostituzioni A>G e G>T condivise con le tre specie; nelle posizioni 48 e 469 le sostituzioni A>T condivise rispettivamente con *S. ichnusae/S. litorale* e con *S. ichnusae/S. weiseri*; in posizione 175 l'inserzione (A) condivisa con *S. litorale* e nelle posizioni 482-483 l'inserzione di una coppia di nucleotidi (TC) condivisa in entrambe le posizioni con *S. ichnusae* mentre *S. litorale* e *S. weiseri* presentano la coppia TT. Infine, l'isolato CL-BG2 presenta alcuni caratteri esclusivi: la sostituzione G>A in posizione 65, T>C nelle posizioni 78 e 167 e un gap in posizione 168 (vedi Appendice).

Le stime della Divergenza Evolutiva tra le 49 sequenze oggetto dell'analisi filogenetica sono riportate nella matrice in Tabella 29. Il Numero di Sostituzioni per Sito è stato calcolato applicando il modello *Maximum Composite Likelihood* (Tamura *et al.*, 2004) con l'opzione *pairwise deletion* per l'eliminazione delle posizioni ambigue. La Divergenza Evolutiva Media tra le 688 posizioni è pari a 0,018.

Per approfondire l'analisi, è stata calcolata la Divergenza Evolutiva Media *between groups* tra i sei gruppi di sequenze riportati di seguito: il gruppo denominato *S. feltiae* Sicilia (18 isolati di *S. feltiae* siciliani); il gruppo *S. feltiae* NCBI GenBank (25 isolati di *S. feltiae* esteri); il gruppo *Steinernema* sp. Sicilia (gli isolati CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6); tre gruppi rappresentati dagli isolati *S. ichnusae* EU421129.1, *S. litorale* OP415628.1 e *S. weiseri* LR745522.1. I risultati sono mostrati in Tabella 30.

Tabella 30. Stima della Divergenza Evolutiva Media *between groups* tra i gruppi *S. feltiae* Sicilia (18 isolati di *S. feltiae* siciliani), *S. feltiae* NCBI GenBank (25 isolati di *S. feltiae* esteri), *Steinernema* sp. Sicilia (gli isolati CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6), *S. ichnusae* EU421129.1, *S. litorale* OP415628.1 e *S. weiseri* LR745522.1.

	<i>Steinernema</i> sp. Sicilia	<i>S. feltiae</i> Sicilia	<i>S. feltiae</i> NCBI GenBank	<i>S. ichnusae</i>	<i>S. litorale</i>
<i>Steinernema</i> sp. Sicilia	-	-	-	-	-
<i>S. feltiae</i> Sicilia	0,043	-	-	-	-
<i>S. feltiae</i> NCBI GenBank	0,047	0,012	-	-	-
<i>S. ichnusae</i>	0,031	0,039	0,040	-	-
<i>S. litorale</i>	0,052	0,053	0,056	0,045	-
<i>S. weiseri</i>	0,047	0,050	0,052	0,044	0,026

Il Numero Medio di Sostituzioni per Sito è significativamente più basso (ANOVA, Tukey-Kramer HSD Test) per la coppia *Steinernema* sp. Sicilia / *S. ichnusae* (0.031) rispetto a quello con i gruppi *S. feltiae* Sicilia (0.043; $p < 0.001$) e *S. feltiae* NCBI GenBank (0.047; $p < 0.001$). Lo stesso parametro è maggiore per la coppia *Steinernema* sp. Sicilia / *S. litorale* (0.052) rispetto a quello con il gruppo *S. feltiae* Sicilia ($p < 0.005$), mentre non esistono differenze significative con il gruppo *S. feltiae* NCBI GenBank. Allo stesso modo non esistono differenze statisticamente rilevanti tra il Numero Medio di Sostituzioni per Sito della coppia *Steinernema* sp. Sicilia / *S. weiseri* rispetto a quello con i gruppi *S. feltiae* Sicilia e *S. feltiae* NCBI GenBank. I risultati dell'intera analisi statistica sono riportati in Appendice.

La ricostruzione filogenetica è stata effettuata utilizzando i modelli evolutivi *UPGMA* e *Neighbor-Joining*, applicati alle sequenze appena discusse e, come *outgroup*, la sequenza ITS di *Steinernema arenarium* AY2302160, per un totale di 50 OTU analizzate. Le distanze evolutive sono state computate attraverso il modello *Maximum Composite Likelihood* (Tamura *et al.*, 2004) con l'opzione *pairwise deletion* per l'analisi dei *gap* e supportate attraverso un *Bootstrap Test* a 10000 repliche (Felsenstein, 1985).

In entrambi gli alberi filogenetici (Figure 15, 16), gli isolati di *Steinernema* sp. CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6 si ritrovano associati insieme a *S. ichnusae* confermando la vicinanza a questa specie.

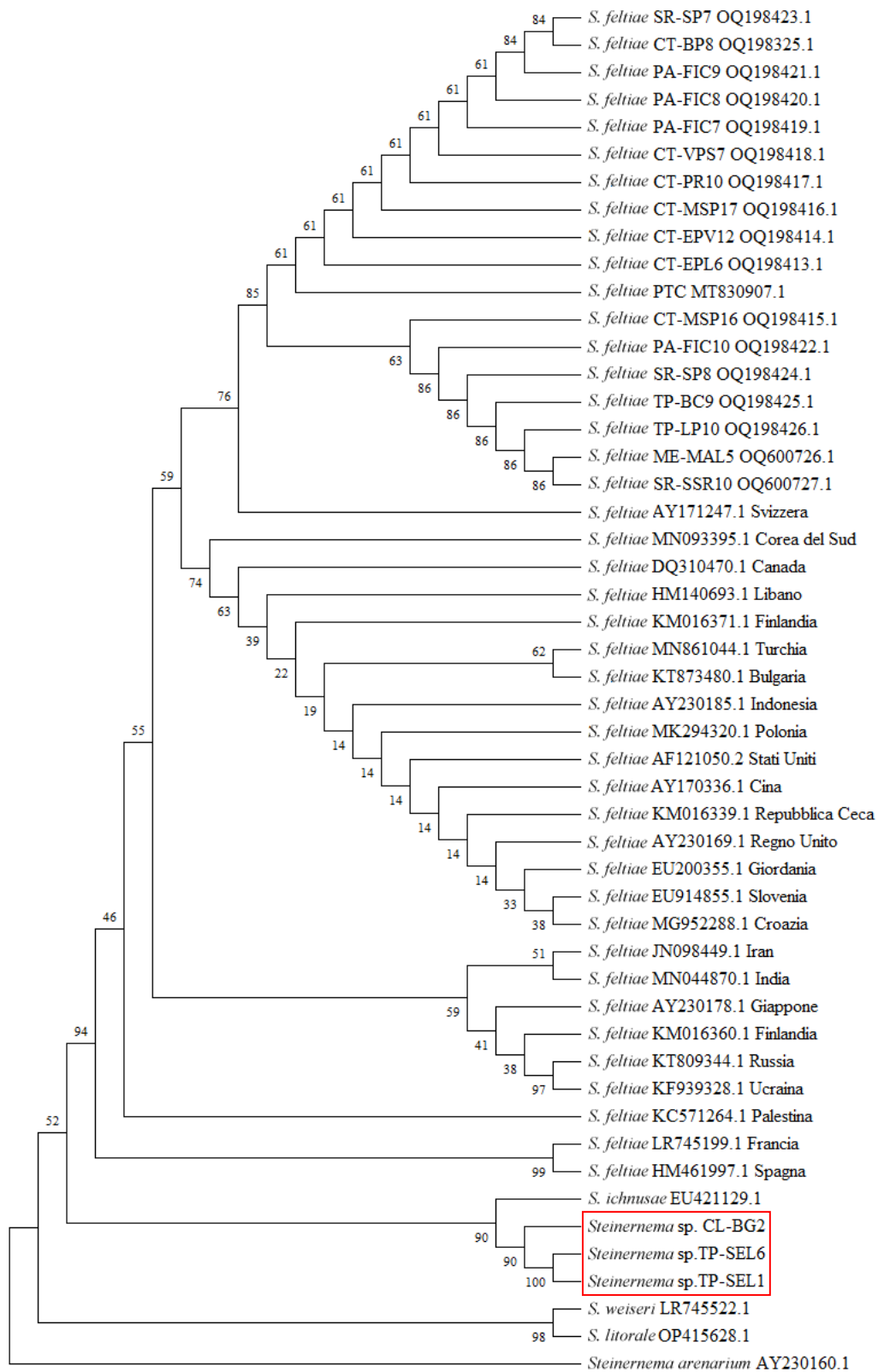


Figura 15. Ricostruzione filogenetica basata su 50 OTU effettuata con il metodo *UPGMA*. La percentuale *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami. Evidenziati in rosso gli isolati di *Steinerinema* sp. CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6.

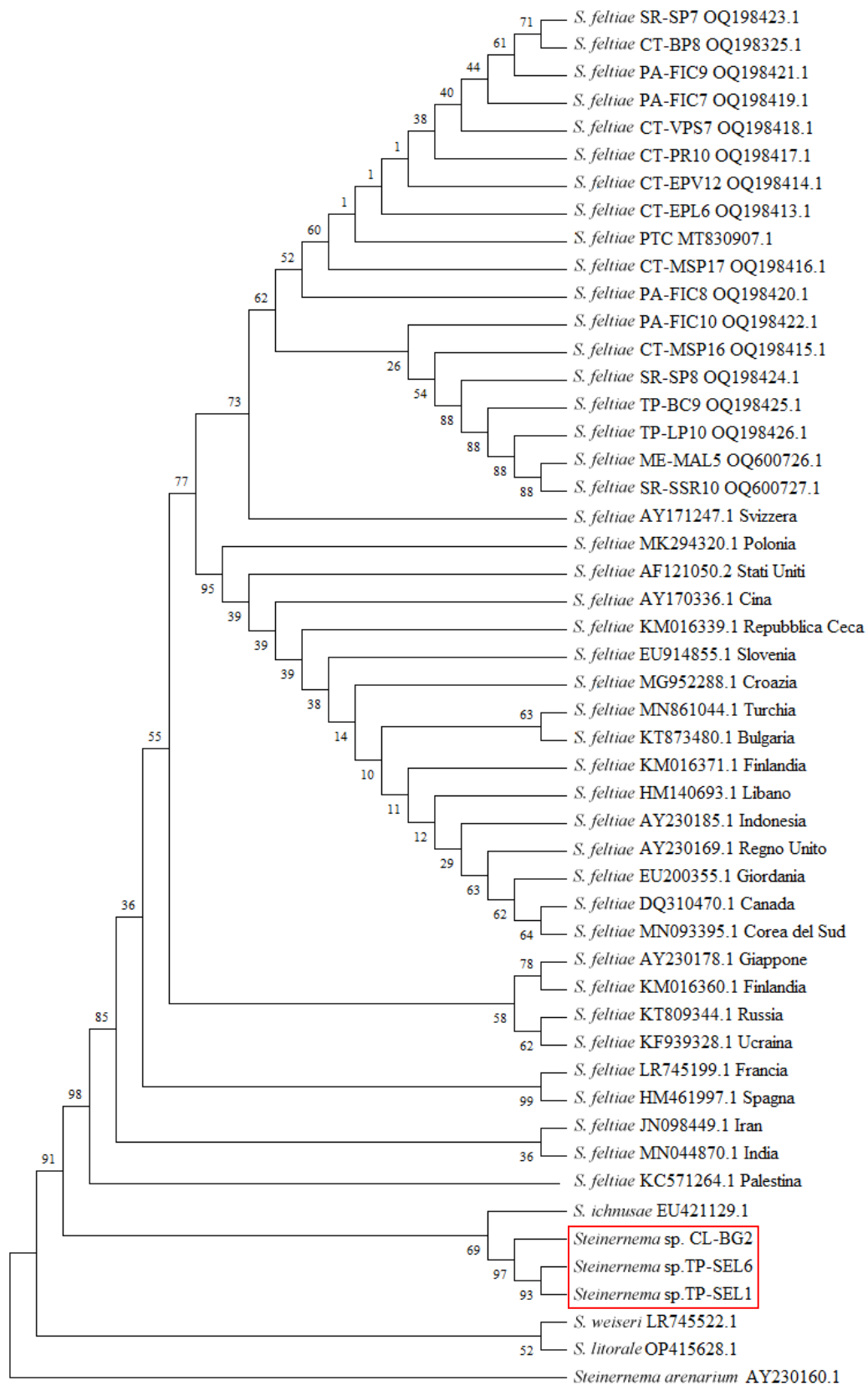


Figura 16. Ricostruzione filogenetica basata su 50 OTU effettuata con il metodo *Neighbor-Joining*. La percentuale *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami. Evidenziati in rosso gli isolati di *Steinerinema* sp. CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6.

3.6. Analisi molecolare dell'isolato di *S. apuliae* TP-SEL4

L'isolato TP-SEL4 (*Accession number* OR759013) ha avuto, nell'analisi BLASTN, un unico risultato oltre la soglia del 95% di identità, che rappresenta il limite minimo, all'interno del genere *Steinernema*, per attribuire un isolato ad una specie nota (Nguyen, 2007). Il *match* che ha permesso l'identificazione specifica su base molecolare è con l'isolato di *S. apuliae* CS3 (*A.n.* HQ416968.1; Tarasco *et al.*, 2015), con una percentuale di identità del 98,01% e una *Query cover* del 100%. In Appendice vengono riportati la sequenza *consensus*, i dieci migliori risultati dell'analisi BLASTN ordinati per *Score* e l'allineamento con *S. apuliae* CS3.

L'isolato siciliano presenta la seguente composizione nucleotidica: T 29.9 %; C 20.2 %; A 20.6 %; G 20.3 %. Nell'allineamento con *S. apuliae* CS3 sono presenti 9 sostituzioni nelle posizioni: 58 (C>T), 73 (C>T), 343 (A>G), 366 (A>T), 438 (A>G), 445 (C>T), 693 (C>A), 826 (C>T), 848 (T>G) e 11 *gap* in TP-SEL4 (posizioni 189, 190, 205, 227, 240, 344, 355, 444, 691, 740, 741).

Non essendo possibile confrontare la sequenza di TP-SEL4 con quella di altri isolati della stessa specie, come effettuato per gli altri isolati trattati fin qui, è stato sviluppato un allineamento multiplo (*Maximum Composite Likelihood, pairwise deletion*) con le sequenze omologhe delle 10 specie appartenenti al *Glaseri group* riportate in Tabella 31. Come *outgroup* è stata utilizzata la sequenza omologa di *C. elegans* X03680.1 (Spiridonov & Subbotin, 2016). La matrice delle distanze genetiche è riportata in Tabella 32.

Tabella 31. Specie, lunghezza (bp) e *Accession number* (NCBI GenBank) delle sequenze ITS delle 10 specie appartenenti al *Glaseri group* utilizzate per l'allineamento con l'isolato TP-SEL4.

Specie	Lunghezza (bp)	Accession number
<i>S. apuliae</i>	1052	HQ416968.1
<i>S. arenarium</i>	1038	AY230160.1
<i>S. australe</i>	996	FJ235125.1
<i>S. boemarei</i>	788	FJ152414.1
<i>S. brasilense</i>	1067	FJ410325.1
<i>S. cubanum</i>	1031	AY230166.1
<i>S. diaprepesi</i>	1022	AF122021.1
<i>S. glaseri</i>	748	AY171288.1
<i>S. phyllophagae</i>	958	FJ410327.1
<i>S. vulcanicum</i>	902	MF491477.1

Tabella 32. Matrice delle distanze genetiche del *locus* ITS di 11 isolati appartenenti al *Glaseri* group.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1												
2	0,009											
3	0,148	0,154										
4	0,227	0,229	0,236									
5	0,281	0,282	0,239	0,278								
6	0,286	0,279	0,231	0,265	0,152							
7	0,285	0,278	0,213	0,255	0,140	0,048						
8	0,312	0,306	0,280	0,278	0,280	0,252	0,251					
9	0,288	0,284	0,277	0,263	0,241	0,275	0,255	0,183				
10	0,324	0,323	0,281	0,289	0,267	0,283	0,266	0,182	0,125			
11	0,158	0,165	0,074	0,250	0,255	0,266	0,258	0,295	0,272	0,307		
12	0,896	0,889	0,895	0,917	0,891	0,918	0,923	0,902	0,847	0,958	0,877	

(1) <i>S.apuliae</i> HQ416968.1	(7) <i>S. glaseri</i> AY171288.1
(2) <i>S. apuliae</i> TP-SEL4 OR759013	(8) <i>S. diaprepesi</i> AF122021.1
(3) <i>S. arenarium</i> AY230160.1	(9) <i>S. australe</i> FJ235125.1
(4) <i>S. boemarei</i> FJ152414.1	(10) <i>S. brazilense</i> e FJ410325.1
(5) <i>S. phyllophagae</i> FJ410327.1	(11) <i>S. vulcanicum</i> MF491477.1
(6) <i>S. cubanum</i> AY230166.1	(12) <i>C. elegans</i> X03680.1 outgroup

Per la costruzione degli alberi filogenetici sono stati utilizzati tre modelli evolutivi, *UPGMA* e *Neighbor-Joining* (con le impostazioni utilizzate anche negli altri casi) e *Maximum Likelihood* (applicando il modello di sostituzione GTR+I+G, vedi paragrafo 3.5.1).

In tutte le ricostruzioni (*UPGMA*, Fig. 17; *NJ*, Fig. 18; *ML*, Fig. 19) appare chiara la posizione filogenetica dell'isolato siciliano e l'estrema vicinanza a *S. apuliae* HQ416968.1, il che supporta ulteriormente l'identificazione specifica.

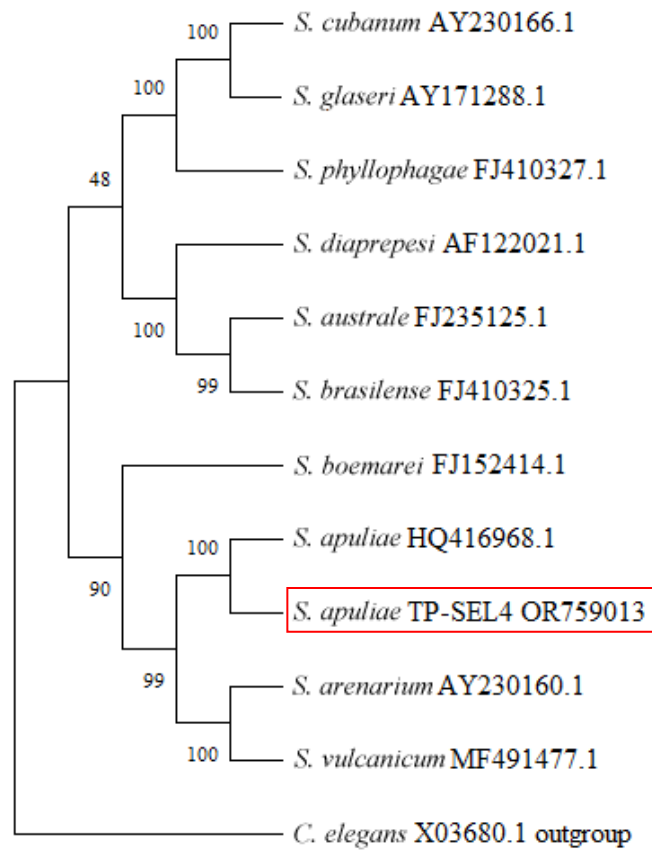


Figura 17. Ricostruzione filogenetica del *Glaseri* group basata su 12 OTU effettuata con il metodo *UPGMA*. La percentuale di *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami. Evidenziato in rosso l'isolato di *S. apuliae* TP-SEL4.

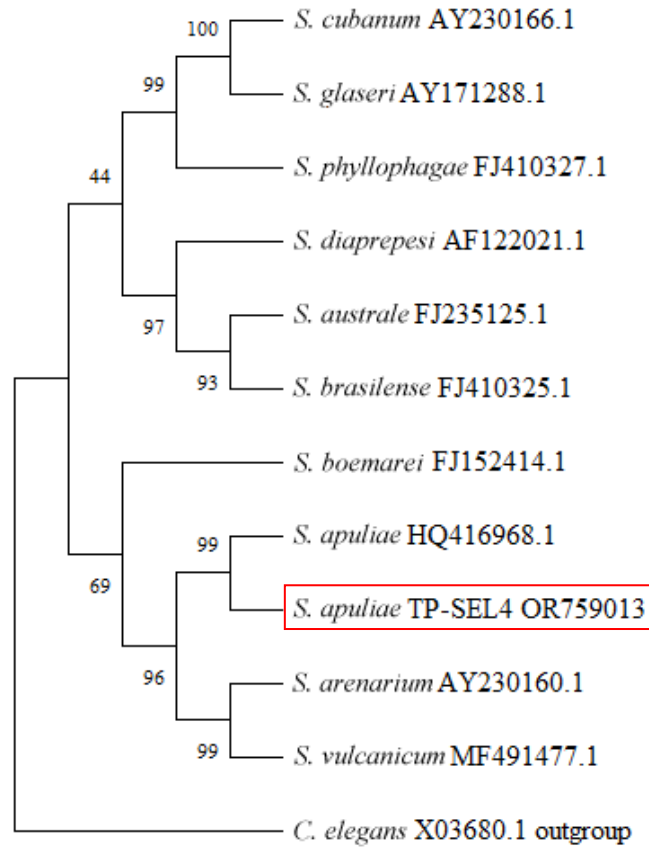


Figura 18. Ricostruzione filogenetica del *Glaseri* group basata su 12 OTU effettuata con il metodo *Neighbor-joining*. La percentuale di *bootstrap* (10000 repliche) è mostrata accanto ai rami. Evidenziato in rosso l'isolato di *S. apuliae* TP-SEL4.

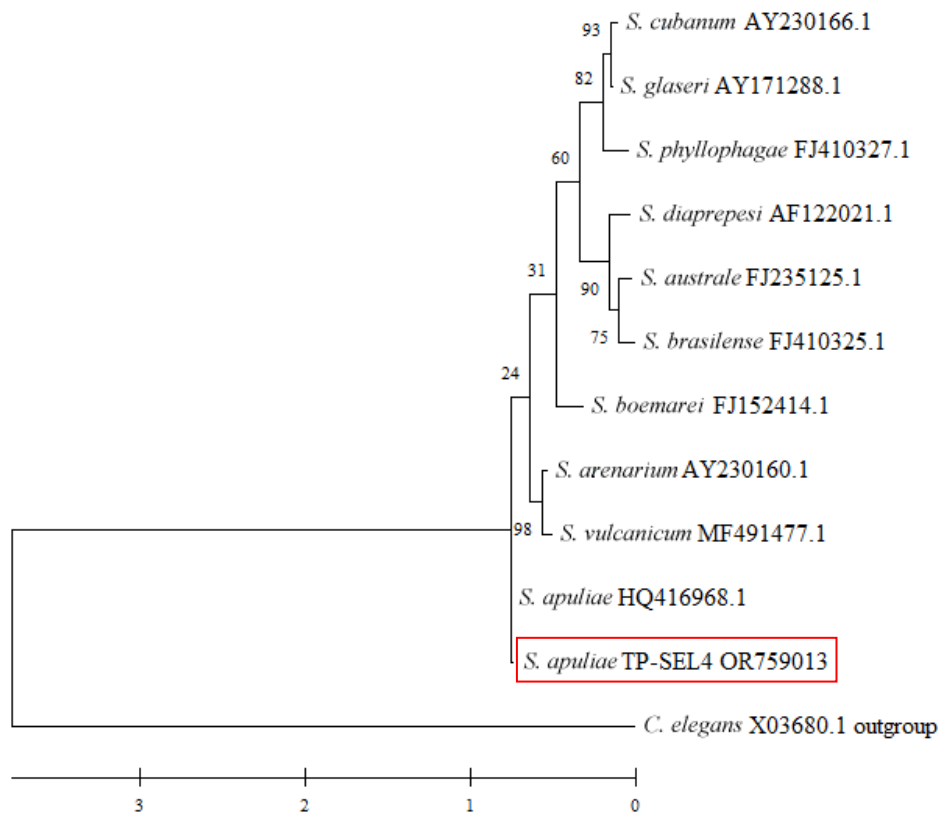


Figura 19. Relazioni filogenetiche all'interno del *Glaseri* group calcolate utilizzando il modello evolutivo *Maximum Likelihood* e il modello di sostituzione GTR+I+G. Evidenziato in rosso l'isolato di *S. apuliae* TP-SEL4. L'albero è disegnato in scala, con la lunghezza dei rami misurata in numero di sostituzioni per sito. *Bootstrap* 100 repliche.

3.7. Caratterizzazione biologica degli EPN e dei batteri simbiotici

3.7.1. Prove di patogenicità su *Galleria mellonella*

I test di patogenicità nei confronti del Lepidottero Piralide *Galleria mellonella* sono stati condotti su una selezione di otto isolati, scelti con criterio *random*, almeno uno per specie. *S. apuliae*, escluso da queste prove, è stato indagato separatamente per via di alcune peculiarità nel ciclo vitale.

Gli isolati oggetto delle prove sono stati: TP-BC9 (*S. feltiae*), CL-BG2 (*Steinernema* sp.), CT-EPL17 (*S. kraussei*), CT-FFG5H (*H. bacteriophora*), PA-FIC8 (*S. feltiae*), TP-LP10 (*S. feltiae*), TP-LP12H (*H. bacteriophora*) e TP-SEL6 (*Steinernema* sp.).

Come descritto in dettaglio in *Materiali e metodi*, le prove sono state condotte utilizzando il *Petri dish assay* su 10 larve di *G. mellonella* per piastra (Kaya & Stock, 1997). Ogni saggio di laboratorio si compone di tre repliche ed è stato condotto a due diverse temperature (25 °C e 10 °C) e ripetuto due volte per un totale di 480 larve di *G. mellonella* utilizzate come target.

In Tabella 33 vengono mostrati, per ogni isolato, il numero di larve morte per azione degli EPN nelle diverse repliche preparate nei due saggi e alle due diverse temperature, il numero totale di larve uccise e la percentuale di infestazione.

Tabella 33. Numero di larve di *G. mellonella* uccise dall'azione degli EPN nei due saggi a diversa temperatura, divisi per singola replica. Numero totale di larve uccise e percentuale di infestazione. In ogni replica sono state utilizzate 10 larve di *G. mellonella*.

	TP-BC9		CL-BG2		CT-EPL17		CT-FFG5H		PA-FIC8		TP-LP10		TP-LP12H		TP-SEL6	
	25 °C	10 °C	25 °C	10 °C	25 °C	10 °C	25 °C	10 °C	25 °C	10 °C	25 °C	10 °C	25 °C	10 °C	25 °C	10 °C
Saggio 1	9	10	8	9	6	10	10	0	6	3	9	10	10	0	9	10
	8	10	7	9	5	10	10	0	9	7	9	9	10	0	9	10
	6	10	9	10	4	10	10	0	8	8	9	10	10	0	9	10
Saggio 2	9	10	8	10	3	10	10	0	7	6	10	10	10	0	9	10
	7	10	10	10	4	10	10	0	6	9	10	9	10	0	10	10
	3	10	9	9	5	10	10	0	9	6	10	9	10	0	8	10
TOT	42	60	51	57	27	60	60	0	45	39	57	57	60	0	54	60
%	70	100	85	95	45	100	100	0	75	65	95	95	100	0	90	100

Esistono alcune variazioni significative (ANOVA e Tukey-Kramer HSD Test) delle capacità patogene negli isolati oggetto dei test rispetto alle due temperature mantenute durante le prove: da un lato, si assiste al crollo evidente, negli isolati di *H. bacteriophora* CT-FFG5H e TP-LP12H, tra la patogenicità mostrata a 25 °C (100% di larve uccise) rispetto a quella a 10 °C (nessuna larva morta per azione deli EPN); dall'altro, si registra l'incremento delle capacità

patogene dell'isolato di *S. feltiae* TP-BC9 e dell'isolato di *S. kraussei* CT-EPL17 alla temperatura di 10 °C ($p < 0,0001$).

L'analisi statistica permette di distinguere, nei saggi condotti a 25 °C, quattro livelli di patogenicità differenti (Fig. 20): il primo (a) è rappresentato da CT-EPL17 (*S. kraussei*) che presenta una minore capacità patogena rispetto a tutti gli altri isolati testati ($p < 0,05$; in Appendice il dettaglio dei diversi *p value*); il secondo (b) è costituito dagli isolati di *S. feltiae* TP-BC9 e PA-FIC8, con una percentuale di infestazione rispettivamente del 70% e 75%, che presentano una patogenicità minore rispetto a CT-FFG5H (*H. bacteriophora*) ($p < 0,005$), TP-LP10 (*S. feltiae*) ($p < 0,05$) e TP-LP12H (*H. bacteriophora*) ($p < 0,005$), i quali costituiscono il terzo gruppo (c); il quarto gruppo (bc) è rappresentato dai due isolati di *Steinernema* sp. CL-BG2 e TP-SEL6 che presentano differenze solo con la media di larve infestate da CT-EPL17 (*S. kraussei*) ($p < 0,0001$) ma non con quella degli altri gruppi, mostrando una patogenicità intermedia tra il secondo e il terzo gruppo.

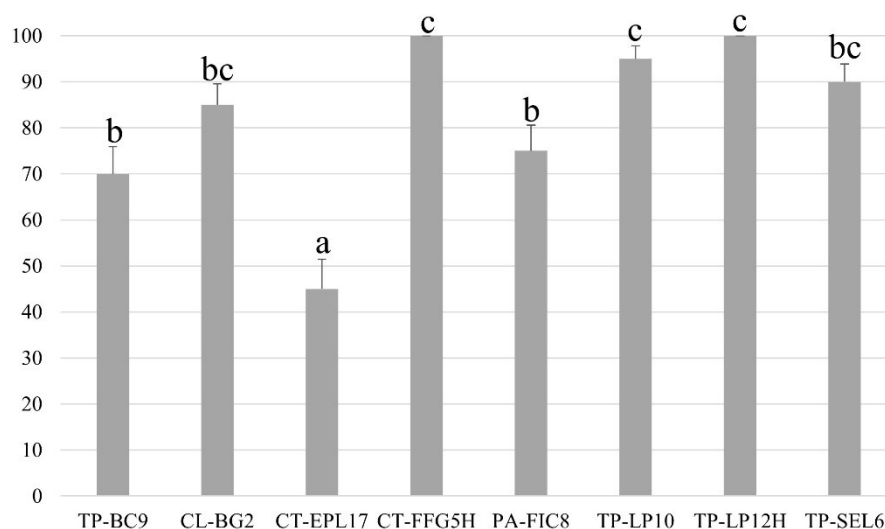


Figura 20. Percentuale di mortalità a 25 °C delle larve di *Galleria mellonella* per i diversi isolati. Le colonne contrassegnate con la stessa lettera non sono statisticamente differenti assumendo $p < 0,05$ (Tukey-Kramer HSD Test).

In maniera analoga, anche per i risultati delle prove condotte a 10 °C l'analisi statistica permette di distinguere tre gruppi (Fig. 21): il primo (a) è costituito dagli isolati di *H. bacteriophora*, che a questa temperatura non producono alcun effetto patogeno; il secondo (b) dal solo PA-FIC8 (*S. feltiae*) che presenta una patogenicità minore (65%) rispetto ai membri del terzo gruppo (c) TP-BC9 (*S. feltiae*), CL-BG2 (*Steinernema* sp.), CT-EPL17 (*S. kraussei*), TP-LP10 (*S. feltiae*) e TP-SEL6 (*Steinernema* sp.) ($p < 0,0001$).

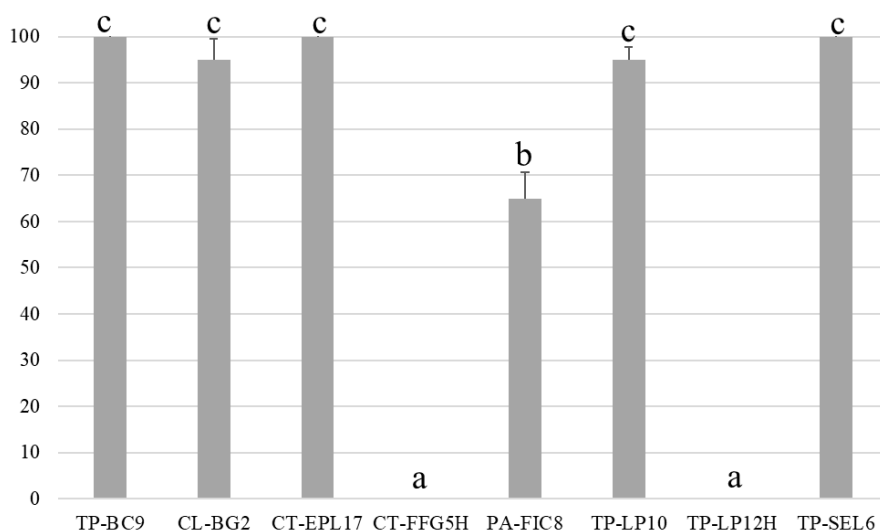


Figura 21. Percentuale di mortalità a 25 °C delle larve di *Galleria mellonella* per i diversi isolati. Le colonne contrassegnate con la stessa lettera non sono statisticamente differenti assumendo $p < 0,05$ (Tukey-Kramer HSD Test).

3.7.2. Studio del ciclo vitale di *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP

L'isolato di *S. apuliae* TP-SEL4, appartenente al *Glaseri group*, ha messo in evidenza, già durante il primo isolamento dal campione di suolo e poi nei successivi cicli di replicazione in laboratorio, alcune peculiarità nel ciclo vitale.

Allo scopo di chiarirne tempistiche e momenti chiave, sono state condotte una serie di prove la cui metodologia è dettagliata in *Materiali e metodi*. Come confronto è stato utilizzato un ceppo largamente indagato di *S. feltiae*, l'isolato EPP – Piano Porcheria, Etna GU599908 (Clausi *et al.*, 2014; Tarasco *et al.*, 2015) che presenta un ciclo vitale che si svolge secondo le classiche modalità descritte per gli EPN.

Il primo test effettuato è stato condotto *in vitro* (*Petri dish assay*) su larve di *G. mellonella*, per un totale di 100 larve in 10 repliche. La percentuale di larve di *G. mellonella* uccise da *S. apuliae* TP-SEL4 ha raggiunto complessivamente l'82% (dal 60 al 100% nelle singole repliche) mentre per *S. feltiae* EPP il 97 % (dall'80 al 100% nelle singole repliche) (Tab. 34). L'analisi statistica (ANOVA) conferma questa differenza ($p < 0,02$).

Tabella 34. Numero e percentuale complessiva di larve di *G. mellonella* uccise da *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP.

Petri dish assay		
Replica	TP-SEL4	EPP
I	6	9
II	8	8
III	7	10
IV	8	10
VI	6	10
VI	10	10
VII	9	10
VIII	10	10
IX	8	10
X	10	10
TOT %	82	97

Il ciclo biologico osservato per *S. apuliae* TP-SEL4 si è svolto nel modo seguente:

- entro 44-50 ore, le larve di *G. mellonella* venivano uccise dall'azione dei nematodi e dei loro batteri simbiotici;
- dopo 4-7 giorni dall'inizio dell'esperimento, si è osservata la fuoriuscita dal cadavere dell'insetto di larve IJ e altri stadi larvali oltre che adulti di entrambi i sessi;
- dopo 5-6 giorni dall'inizio dell'infestazione sono stati rinvenuti, nell'acqua delle *White traps*, numerosi nematodi a vari stadi ma molti di essi continuarono a rimanere sul cadavere dell'ospite e nelle sue vicinanze (Fig. 22, A);
- dopo 8 giorni dall'inizio dell'esperimento, le larve di *G. mellonella* si presentavano piuttosto consumate e sul loro corpo e nell'acqua erano ancora presenti nematodi di tutti gli stadi;
- dopo 9-12 giorni nell'acqua delle *White traps* erano presenti solo giovani di tutti gli stadi e femmine;
- dal 10° al 14° giorno, in acqua erano rimasti solo giovani, quasi tutti IJ, e femmine morte con stadi larvali all'interno (*endotokia matricida*). Sui corpi di *G. mellonella*, sempre più consumati, erano ancora presenti giovani di tutte le età e adulti, sia maschi che femmine;

- dopo circa 14 giorni gli adulti cominciarono a diminuire anche sui resti delle larve mentre nelle *White traps* si trovavano solo larve IJ;
- dopo 22-25 giorni, quando delle larve di *G. mellonella* rimanevano quasi solo il tubo digerente e la capsula cefalica, il ciclo era terminato e non erano presenti nematodi (Fig. 22, C).

Solo nel 2% dei casi il ciclo di *S. apuliae* TP-SEL4 si è svolto come nel modo più comune negli steinernematidi, cioè con le larve degli insetti infettate in 48-96 ore e la comparsa degli stadi IJ, dalle larve ospiti apparentemente inalterate, entro 8-10 giorni dall'inizio dell'esperimento.

Parallelamente, il ciclo di *S. feltiae* EPP si svolgeva regolarmente in circa 21 giorni. Dopo 48-96 ore le larve risultavano infettate. Dopo 7-14 giorni dall'infezione, le larve IJ emergevano dai cadaveri di *G. mellonella*, apparentemente inalterati e sono stati ritrovati, appena dopo la fuoriuscita, nell'acqua delle *White traps*. Al termine dell'infezione, le larve dell'insetto ospite, nonostante siano state utilizzate come *pabulum* da più generazioni di nematodi, appaiono ancora integre (Fig. 22, D).

3.7.3. Saggio di sopravvivenza degli stadi non-IJ di *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP

Per verificare se anche per gli adulti di *S. feltiae* EPP è possibile la sopravvivenza al di fuori dell'insetto ospite, alcune larve di *G. mellonella* infette sono state dissezionate per consentire ai nematodi all'interno, giovani e adulti, di fuoriuscire. Mentre gli IJ erano in grado di sopravvivere per tempi relativamente lunghi, gli adulti, pur completando il ciclo vitale, non sopravvivevano per più di sette giorni. La possibile sopravvivenza degli adulti di entrambe le specie è stata ulteriormente osservata ponendo 20 femmine per specie in una Capsula Petri (ø 5 cm) contenente una soluzione di Sodio cloruro 0,9%. Dopo sette giorni, erano presenti circa un migliaio di larve IJ e nessun adulto, segno inequivocabile del completamento del ciclo vitale.

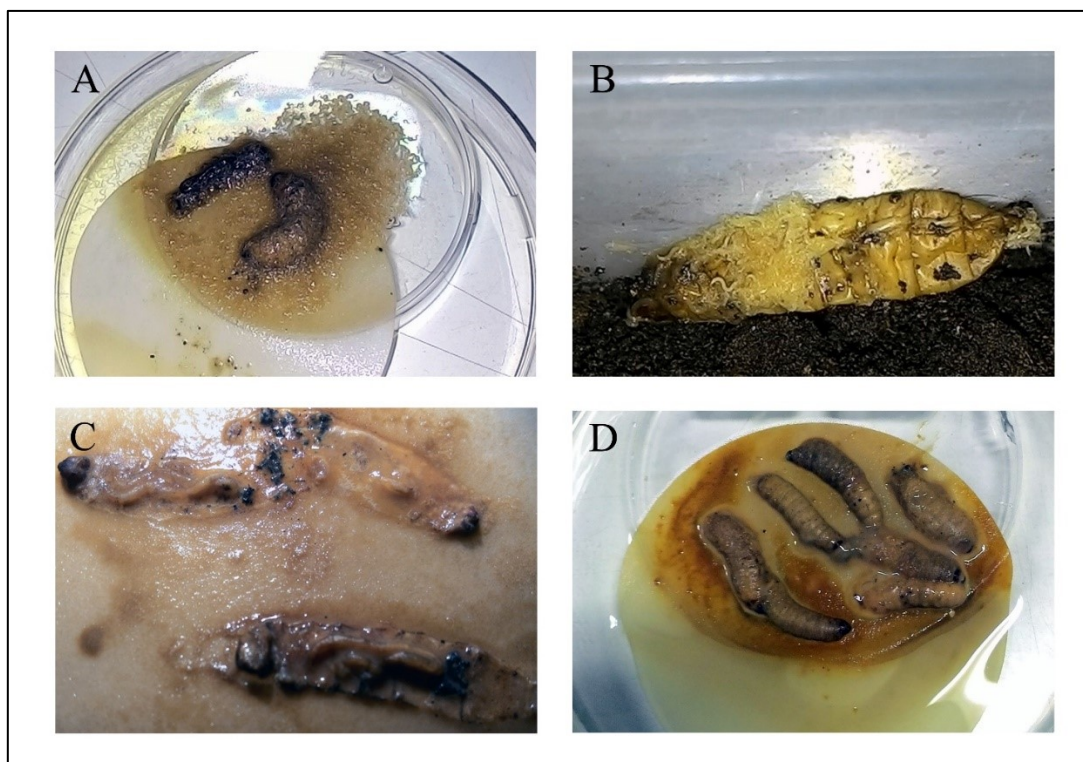


Figura 22. Momenti del ciclo vitale di *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP osservati nelle prove di laboratorio. **A.** Larve di *G. mellonella* ricoperte da giovani e adulti di *S. apuliae* TP-SEL4 all'interno di una White trap; **B.** Larva di *G. mellonella* ricoperta da giovani e adulti di *S. apuliae* TP-SEL4 nelle prove su suolo; **C.** Larve di *G. mellonella* consumate dall'attività di *S. apuliae* TP-SEL4, fine ciclo; **D.** Larve di *G. mellonella* infestate da *S. feltiae* EPP, fine ciclo.

3.7.4. Studio *in vitro* delle capacità di scavenging di *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP

Le capacità di *scavenging* sono state testate *in vitro*, come descritto in dettaglio in *Materiali e metodi*, su larve di due diversi insetti target, *G. mellonella* e *Tenebrio molitor*, preventivamente uccise tramite congelamento. In Tabella 35 vengono mostrati i risultati, divisi per isolato, insetto ospite e replica, del numero di larve attaccate in modalità *scavenging*. Per ogni replica sono state utilizzate 10 larve di entrambe le specie target.

Nel complesso, *S. apuliae* TP-SEL4 presenta una percentuale di larve attaccate dell'89% (dal 70 al 100% per replica) per *G. mellonella* e del'85% (70-100% per replica) per *T. molitor*. L'isolato *S. feltiae* EPP mostra percentuali complessive del 79% (60-100% per replica) per *G. mellonella* e del 75% (50-100% per replica) per *T. molitor* (Tab. 35). L'analisi statistica non rileva differenze significative tra le medie di larve attaccate né tra i due insetti ospiti né tra le due specie di nematodi. Nonostante ciò, i risultati mostrati da *S. apuliae* TP-SEL4 sembrano suggerire una migliore efficienza nell'attuare lo *scavenging* rispetto a *S. feltiae* EPP.

Tabella 35. Numero e percentuale complessiva di larve di *G. mellonella* e *T. molitor* attaccate in modalità *scavenging* da *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP. Per ogni replica sono state utilizzate 10 larve di entrambe le specie target.

Replica	Scavenging TP-SEL4		Scavenging EPP	
	<i>G. mellonella</i>	<i>T. molitor</i>	<i>G. mellonella</i>	<i>T. molitor</i>
I	8	7	6	5
II	7	8	7	7
III	10	7	8	5
IV	9	8	6	7
VI	8	10	8	5
VI	10	7	8	7
VII	10	10	6	10
VIII	7	10	10	10
IX	10	10	10	9
X	10	8	10	10
TOT %	89	85	79	75

3.7.5. Studio del ciclo vitale e delle capacità di *scavenging* di *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP in test di microcosmo

Lo studio del ciclo vitale e delle capacità di *scavenging*, condotte all'interno di contenitori contenuti 1000 cm³ di terreno franco sabbioso sterile e i cui dettagli sono descritti in *Materiali e metodi*, conferma largamente i risultati ottenuti nelle prove *in vitro* esposte nei paragrafi precedenti.

L'isolato di *S. apuliae* TP-SEL4 ha infestato e ucciso, entro 48 ore, il 100% delle larve di *G. mellonella* e *T. molitor* in tutte le prove. Dopo 96 ore tutte le larve di entrambi gli insetti ospiti erano ricoperte da nematodi in diversi stadi di sviluppo, giovani e adulti (Fig. 22, B; Fig. 23). L'attività di *scavenging* delle larve è proseguita con le stesse tempistiche e modalità osservate nelle prove *in vitro*. Non sono stati rinvenuti nematodi allo stadio adulto liberi nel terreno a distanza dalle larve infestate.

S. feltiae EPP ha infestato tutte le larve, di entrambi gli insetti target, entro 48 ore; anche in questo caso il ciclo ha intrapreso le stesse tempistiche e modalità osservate *in vitro* e, dopo circa 7 giorni dall'inizio dell'esperimento, dalle larve infette sono emersi solo gli stadi II.

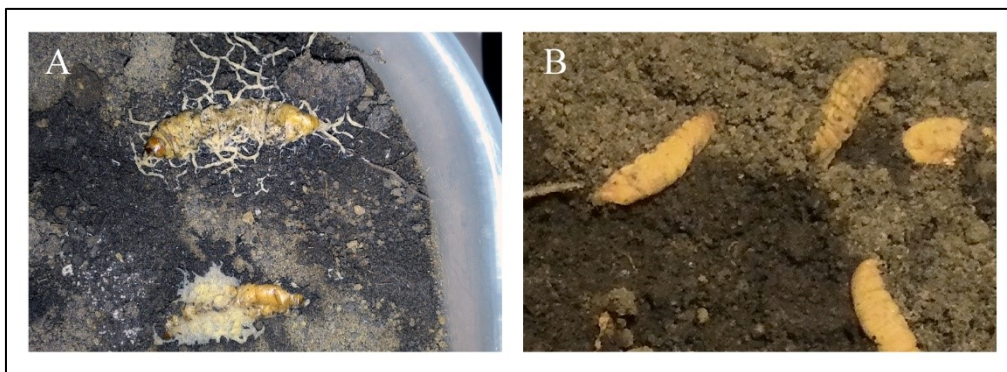


Figura 23. Osservazione del ciclo vitale e delle capacità di *scavenging* di *S. apuliae* TP-SEL4 in test di microcosmo. **A.** Larve di *G. mellonella* attaccate da *S. apuliae* TP-SEL4, sono evidenti gli ammassi di nematodi, principalmente adulti, all'esterno delle larve. **B.** Larve di *G. mellonella* infestate da *S. feltiae* EPP, non sono visibili nematodi sui cadaveri.

3.7.6. Batteri simbiotici

Per tutti gli EPN oggetto dello studio è stato possibile estrarre ed isolare il proprio simbionte: complessivamente sono stati isolati 34 ceppi appartenenti al genere *Xenorhabdus* e 11 al genere *Photorhabdus*.

I batteri estratti dalle larve IJ sono stati piastrati su NBTA e/o MacConkey Agar e isolati in base ad alcune caratteristiche fenotipiche delle colonie. In particolare, le colonie di *Xenorhabdus* sono state identificate per la colorazione blu scuro in NBTA (dovuto all'assorbimento del blu di bromotimolo) o rosso-bruno in MacConkey Agar (dovuto all'assorbimento del colorante *Neutral Red*) e per la forma convessa e umbonata delle colonie (Fig. 24, A, B). Solo le colonie che, oltre a queste caratteristiche, sono risultate negative al test per la catalasi sono state considerate appartenenti al genere *Xenorhabdus* (questo genere è l'unico, tra gli enterobatteri, negativo per questo enzima). Inoltre, il sequenziamento del gene per l'rRNA 16S, svolto solo su alcuni ceppi con lo scopo di confermare la correttezza della metodologia di identificazione fenotipica utilizzata, ha permesso di individuare i sei ceppi di *Xenorhabdus bovienii* riportati in Tabella 36. Le sequenze *consensus*, i dieci migliori risultati dell'analisi BLASTN e il miglior allineamento sono riportati in Appendice.

Tabella 36. Ceppi identificati come *Xenorhabdus bovienii* attraverso l'analisi delle sequenze del gene per rRNA 16S. Lunghezza e *Accession number* NCBI GenBank delle sequenze.

<u>Specie</u>	<u>Ceppo</u>	<u>Lunghezza (bp)</u>	<u>Accession number</u>
<i>X. bovienii</i>	CT-PR10	1441	OR881385
<i>X. bovienii</i>	PA-FIC7	1146	OR881386
<i>X. bovienii</i>	TP-LP10	1435	OR881387
<i>X. bovienii</i>	TP-SEL1	1436	OR881388
<i>X. bovienii</i>	CT-EPL3	1430	OR886358
<i>X. bovienii</i>	CT-EPL17	1459	OR886359

Le colonie di *Photorhabdus* sono state identificate per la colorazione verde scuro su NBTA e rosse su agar MacConkey (Fig. 24, A, C). Solo le colonie che presentavano bioluminescenza (*Photorhabdus* è l'unico genere di batterio terrestre che presente questa caratteristica) sono state considerate come appartenenti al genere e utilizzate nelle analisi successive.

Dalle caratteristiche presentate è evidente che tutti i ceppi sono stati isolati in fase variante I, il che conferma che questa è la fase del batterio che tipicamente si ritrova all'interno degli IJ.

Tutte le prove effettuate per indagare eventuali forme di resistenza all'antibiotico Tetraciclina, già dimostrata in un ceppo di *Xenorhabdus kozodoii* da Clausi *et al.*, 2021, hanno dato esito negativo per tutti i ceppi isolati.

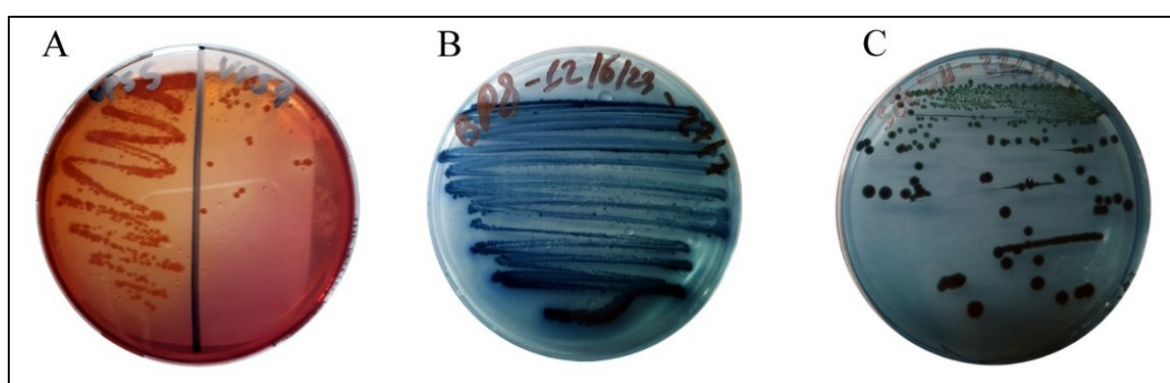


Figura 24. Piastre Petri utilizzate per l'isolamento dei batteri simbiotici. **A.** Colonie di *Photorhabdus* sp. (a sinistra) e *Xenorhabdus* sp. (a destra) su MacConkey Agar. **B.** Colonie di *Xenorhabdus* sp. su NBTA. **C.** Colonie di *Photorhabdus* sp. su NBTA.

Capitolo 4

DISCUSSIONI E CONCLUSIONI

Distribuzione e habitat degli EPN isolati

L'Italia è tra i paesi europei con la più elevata biodiversità di nematodi entomopatogeni e la regione mediterranea con il maggior numero di specie segnalate (Tarasco *et al.*, 2009; Tarasco *et al.*, 2015; De Luca *et al.*, 2015). Questo dato è influenzato fortemente dall'intensità con la quale un territorio viene studiato e, con certezza, l'Italia, almeno quella meridionale, è uno dei paesi europei meglio indagati negli ultimi 30 anni. La diversità degli EPN in Italia, con 12 specie segnalate (Tarasco *et al.*, 2015), è ragguardevole anche se confrontata con quella di altri paesi dove studi analoghi sono stati intensamente condotti, come ad esempio la Repubblica Ceca (12 specie segnalate da Půža & Nermuť, 2015), che vanta una importante e storica tradizione negli studi sugli EPN (la prima specie descritta per questo territorio risale al 1955 con *Steinernema carpocapsae*, Weiser). In questo contesto la Sicilia rappresenta un *hotspot* per la biodiversità di questi animali, con la presenza di sette delle dodici specie presenti in Italia. Dati di letteratura suggeriscono come, all'interno della Regione, l'area etnea sia quella con la maggiore diversità sia in termini di specie che di isolati, con oltre il 50% di tutte le segnalazioni proveniente dalle zone limitrofe al vulcano (Tarasco *et al.*, 2015; Clausi *et al.*, 2019). Probabilmente questo dato è frutto della grande diversità di habitat presenti nell'area: basti pensare che in poche decine di chilometri si susseguono cinque diverse Fasce bioclimatiche, da quella Termomediterranea caratterizzata da vegetazioni termofile e di ambienti xerici, alle Fasce Oro- e Crioromediterranee con cenosi di climi freddi e d'alta quota. Comunque, la quasi totalità degli studi riguardanti gli EPN in Sicilia sono stati condotti in queste aree, a parte poche campagne di campionamento nelle isole minori e in altre zone della Sicilia orientale (Clausi *et al.*, 2019, 2014, 2011; Tarasco *et al.*, 2015).

Lo studio esposto in queste pagine fornisce quindi per primo dati riguardanti la diversità e la distribuzione degli EPN nella Regione nel suo complesso, con 26 nuovi siti di campionamento rappresentati principalmente da aree mai indagate in precedenza (Fig. 5), oltre che da alcune zone etnee che si è voluto ulteriormente indagare per confermare o meno la presenza di talune specie.

Il primo dato interessante è la percentuale di campioni risultati positivi alla ricerca degli EPN (15,5%), notevolmente più elevato della media nazionale (6,5%) segnalata da Tarasco *et*

al. (2015). Inoltre, il territorio etneo si conferma particolarmente ricco, con il 24,3% di campioni positivi, anche se la provincia con il maggior numero di specie (14% di positività) è quella di Trapani (*S. feltiae*, *S. apuliae*, *Steinernema* sp. TP-SEL1/TP-SEL6 “*Feltiae group*”, *H. bacteriophora*).

Questi dati, insieme ai ritrovamenti nelle altre provincie (Tab. 3), suggeriscono un’ampia distribuzione degli EPN in Sicilia, sia in termini di specie che di isolati, maggiormente negli ambienti naturali rispetto a quelli antropizzati.

Quasi la metà degli isolati (44,4%) è stato rinvenuto nell’habitat *Boschi di caducifoglie*; nonostante questo dato possa far pensare ad una maggiore biodiversità di questi ambienti, nei campionamenti riportati in questo Elaborato sono state rinvenute solo due specie *S. feltiae* e *S. kraussei*, con quest’ultimo tipicamente di aree forestali, habitat condiviso con la specie autoctona etnea *S. vulcanicum* (Clausi *et al.*, 2011).

Al contrario, gli habitat con la maggiore biodiversità sono complessivamente i *Sistemi dunali costieri* (*S. apuliae*, *Steinernema* sp TP-SEL1/TP-SEL6 *Feltiae group*, *H. bacteriophora*) e le *Aree umide* (*Steinernema* sp. CL-BG2 *Feltiae group*, *S. feltiae*, *H. bacteriophora*), che insieme presentano quattro delle cinque specie rinvenute in questo studio. È presumibile che, come per molte specie, anche per gli EPN questi ecosistemi siano particolarmente ricchi in termini di biodiversità. Molti autori identificano la disponibilità di ospiti come il principale fattore biotico in grado di influenzare la distribuzione e la persistenza degli EPN (Mráček, Bečvář & Kindlmann, 1999; Mráček *et al.*, 2005; Mráček & Webster, 1993; Peters, 1996). È possibile ipotizzare un legame tra l’elevata biodiversità e abbondanza dell’artropodofauna in questi ambienti (Batzer & Wu, 2020), e in particolar modo in Sicilia (Leone *et al.*, 2023), e la presenza di EPN. Un altro fattore potrebbe essere la tessitura del suolo, che in queste aree è principalmente di tipo sabbioso o sabbioso argilloso. È dimostrata infatti la preferenza da parte degli EPN per i suoli con queste caratteristiche fisico-meccaniche (Julià *et al.*, 2023; Dzięgielewska & Skwiercz, 2018; Kapranas *et al.*, 2017; Canhilal *et al.*, 2017; Tarasco *et al.*, 2015; De Luca *et al.*, 2015; Valadas *et al.*, 2014; Hunt *et al.*, 2001; Stock *et al.*, 1999; Kung *et al.*, 1990a), probabilmente perché essi assicurano una buona aereazione e umidità e facilitano i movimenti dei nematodi (Hazir *et al.*, 2022).

Per quanto riguarda le singole specie rinvenute, *Steinernema feltiae* (con 17 isolati) è la specie maggiormente presente sull’isola, da sola rappresenta il 37,8% degli isolati, dato coincidente con quello riportato da Tarasco *et al.* (2015) per l’intero territorio italiano (38%).

S. feltiae è spesso segnalata come la specie di EPN dominante nei Paesi del Mediterraneo: 55% (Campos-Herrera *et al.* 2007) e 70% in Spagna (Garcia del Pino & Palomo, 1996), 75% in Portogallo (Valadas *et al.*, 2014), 71–85% in Turchia (Hazir *et al.*, 2003b; Yuksel & Canhilal, 2019; Gümüş Askar *et al.*, 2022) e 87% in Algeria (Tarasco *et al.* 2009b). In Sicilia si dimostra capace di colonizzare ambienti molto differenti tra loro (*Boschi di caducifoglie, Aree umide, Parchi suburbani, Praterie e steppe, Pinete, Aree fluviali e lacuali*), ad altitudini molto variabili (dal livello del mare fino a 1750 metri di altitudine dell'isolato CT-EPV12) e in tutte le tipologie di suolo campionate. La specie è, come altre, soprattutto legata a suoli sabbiosi (Tarasco *et al.*, 2015, De luca *et al.*, 2015, Campos-Herrera *et al.*, 2007, 2008) ma è stata isolata durante il presente studio anche in suoli argillosi (con 5 isolati), unica specie rinvenuta in questa tipologia di suolo. I suoli argillosi rappresentano un ambiente non ottimale alla presenza degli EPN, che invece preferiscono suoli con texture più grossolana. Molti autori hanno fornito prove evidenti del fatto che, nei terreni argillosi, il movimento degli IJ è ostacolato e la loro capacità di trovare un ospite per riprodursi è decisamente compromessa, mentre all'aumentare della percentuale di sabbia aumenta anche la loro fitness (Georgis & Poinar, 1983; Kung *et al.*, 1990a; Portillo-Aguilar *et al.*, 1999; Koppenhöfer & Fuzy 2006; Kaspi *et al.* 2010; El-Borai *et al.* 2012; Hazir *et al.*, 2003b; Hazir *et al.*, 2022; Stuart *et al.*, 2015). In questo studio viene confermata la preferenza di *S. feltiae* per suoli a granulometria media (sabbiosi, franco sabbiosi e sabbioso/argillosi) ma il ritrovamento nei suoli argillosi dimostra, anche in questo caso, la grande capacità degli isolati siciliani di *S. feltiae* di adattarsi a parametri ambientali molto differenti e, apparentemente, non ottimali. Per l'area etnea, gli isolati CT-EPV12 (Piano Vetore), CT-MSP16 e CT-MSP17 (Monte Spagnolo), CT-PR10 (Pineta Ragabo), rappresentano quattro nuove popolazioni mai segnalate in precedenza nonostante, come detto, il territorio sia stato già abbondantemente indagato. Tutti gli altri isolati, rinvenuti nelle aree che per la prima volta sono state indagate, costituiscono ovviamente nuove segnalazioni per la Sicilia.

Steinernema kraussei è la seconda specie di steinernematide per numero di isolati, anche se presente esclusivamente nei *Boschi di caducifoglie* (castagneto e faggeta) e nei terreni franco sabbiosi dell'Etna. La specie era già stata segnalata da Clausi *et al.* (2014), Tarasco *et al.* (2015), De Luca *et al.* (2015) in quattro stazioni, a quote comprese tra i 700 e i 1400 m slm, nei castagneti di Monte Monaco, Piano della Lepre, Piano Balilla e Monte Salto del cane. La presenza della specie viene confermata dai nuovi campionamenti a Piano della Lepre (isolati CT-EPL1, CT-EPL3, CT-EPL14 e CT-EPL17) e segnalata per la prima volta nella faggeta di

Monte Spagnolo (CT-MSP9). Questa nuova segnalazione ribadisce la predilezione di *S. kraussei* per le aree forestali di media-alta quota (Sturhan, 1999, Mráček *et al.*, 2005; Campos-Herrera *et al.*, 2007; Hominick., 2002; Torr, Heritage & Wilson, 2007; Stuart *et al.*, 2015; Tarasco *et al.*, 2015) e ne conferma l'ampia diffusione sul vulcano. Questa specie sembra trovare nei boschi etnei un ambiente particolarmente favorevole, condividendo questi habitat con *S. feltiae* e la specie endemica *S. vulcanicum*. L'Etna è l'unico sito in Italia in cui è accertata la presenza di *S. kraussei*, considerando che l'unica altra segnalazione riguarda un sito sulle Alpi (Ricci *et al.*, 2004) ma senza alcuna informazione relativa all'habitat di ritrovamento, nonostante esistano diversi dati in letteratura riguardanti la presenza di EPN in Italia in ambienti forestali (Tarasco & Triggiani 2005, 2007, 2010; Tarasco *et al.*, 2015, De Luca *et al.*, 2015).

Steinernema apuliae, segnalato solo per Puglia e Basilicata (Triggiani *et al.*, 2004; Tarasco *et al.*, 2015; De Luca *et al.*, 2015), è stato rinvenuto per la prima volta in Sicilia con l'isolato TP-SEL4 proveniente dalla Riserva Naturale Orientata Foce del Fiume Belice e dune limitrofe in provincia di Trapani. Si conferma, quindi, la presenza di questa specie in terreni sabbiosi e a quote prossime al livello del mare. Il ritrovamento di questa specie, mai segnalata prima per la Sicilia, accresce ulteriormente la biodiversità degli EPN sull'isola.

Nella stessa area sono stati trovati altri due steinernematidi, TP-SEL1 e TP-SEL6, per i quali non è stata possibile una sicura attribuzione specifica. Questi due isolati, insieme a CL-BG2 rinvenuto presso il Biviere di Gela (CL), appartengono al *Feltiae group* e sono apparentemente legati a suoli sabbiosi e argilloso/sabbiosi nel caso di CL-BG2.

Heterorhabditis bacteriophora (con 5 isolati) è stato rinvenuto nella maggior parte degli habitat (*Sistemi dunali costieri, Aree umide, Parchi suburbani, Pinete, Aree fluviali e lacuali*), in suoli sabbiosi, sabbioso argillosi e argilloso sabbiosi e sempre in aree con estrema vicinanza alla costa (altitudine massima 20 m slm). I dati confermano come questa specie sia legata agli ambienti costieri, dove tende ad essere più diffuso degli steinernematidi (Rosa *et al.*, 2000; Emelianoff *et al.*, 2008) anche se non di rado viene ritrovata in aree più interne (fino a quote collinari) dove può rappresentare la specie dominante (Julià *et al.*, 2023; Benseddik *et al.*, 2020; Tarasco *et al.*, 2015). Non è possibile confermare la presenza delle altre specie di heterorhabditidi segnalate da Tarasco *et al.* (2015), *H. megidis* e *H. downesi*. Allo scopo, è stata campionata l'area limitrofa alla Foce del fiume Gornalunga, sede dell'isolamento di *H. megidis*, senza alcun esito (è stato rinvenuto esclusivamente l'isolato di *H. bacteriophora* CT-FFG5H).

Nella maggior parte dei siti campionati coesistono più specie: Biviere di Gela - CL (*Steinernema* sp., *H. bacteriophora*), Boschetto della Plaia – CT (*S. feltiae*, *Heterorhabditis* sp.), Piano della Lepre – CT, Etna (*S. feltiae*, *S. kraussei*), Monte Spagnolo – CT, Etna (*S. feltiae*, *S. kraussei*), Villaggio Primosole II – CT (*S. feltiae*, *Heterorhabditis* sp.), R.N.O. Saline di Priolo – SR (*S. feltiae*, *H. bacteriophora*), R.N.I. Lago Preola e Gorghi Tondi – TP (*S. feltiae*, *H. bacteriophora*), R.N.O. Foce del Fiume Belice e dune limitrofe – TP (*S. apuliae*, *Steinernema* sp., *H. bacteriophora*). La coesistenza di più specie nel medesimo sito è un fatto ampiamente documentato in letteratura (Campos-Herrera *et al.*, 2011; Duncan *et al.*, 2003; Stuart *et al.*, 2015; Tarasco *et al.*, 2015). In aree con una grande diversità di habitat disponibili questo fatto non sorprende, anche in ragione della distribuzione frammentata che questi animali presentano (Cabanillas & Raulston, 1994; Campbell *et al.*, 1998; Garcia del Pino & Palomo, 1996; Glazer *et al.*, 1996; Koppenhöfer & Kaya, 1996; Stuart & Gaugler, 1994; Lawrance, Hoy & Grewal, 2006; Spiridonov, Moens & Wilson, 2007). Più raro è invece il rinvenimento di più specie nello stesso campione, come è avvenuto per gli isolati SR-SP7 (*S. feltiae*) / SR-SP7H (*H. bacteriophora*) e SR-SP8 (*S. feltiae*) / SR-SP8H (*Heterorhabditis* sp.). In questi campioni gli isolati hanno infettato le larve di *G. mellonella* in tempi successivi, con gli heterorhabditidi emersi con tempi più lunghi rispetto a *S. feltiae*. La possibile sovrapposizione delle nicchie ecologiche e la competizione tra specie di EPN vengono probabilmente evitate attraverso l'utilizzo di differenti strategie di foraggiamento, come la localizzazione a diverse profondità nel profilo del suolo (Millar & Barbercheck, 2001; Půža & Mráček, 2010) o le differenti strategie nella ricerca dell'ospite, con gli heterorhabditidi che operano una ricerca attiva dell'ospite mentre la maggior parte degli steinernematidi attendono sedentari negli strati più superficiali del suolo (Gaugler *et al.*, 1997; Lewis *et al.*, 2006).

Analisi molecolare degli isolati

L'analisi molecolare del *locus* ITS rDNA è stata condotta sia per giungere ad una identificazione specifica degli isolati, a conferma di alcune preliminari osservazioni morfologiche, sia per indagare le relazioni filogenetiche tra gli isolati siciliani e tra questi e gli isolati e le specie provenienti da altre regioni del mondo.

Per tutti gli isolati è stata possibile l'identificazione specifica confrontando le sequenze del *locus* ITS ottenute con sequenze omologhe presenti su database pubblici (NCBI GenBank),

ad eccezione di TP-SEL1, TP-SEL6 e CL-BG2 che presentano una posizione tassonomica incerta.

L'allineamento multiplo delle sequenze ITS ottenute dai 17 isolati di *S. feltiae* ha messo in evidenza una notevole identità di sequenza tra gli isolati siciliani di questa specie, con appena tre siti polimorfici (Tab. 7) con una Divergenza Evolutiva Media pari allo 0,001 in un *range* tra 0-0,003. Spiridonov *et al.* (2004) indentificano una variabilità interna alla specie fino ad un massimo del 2,4% tra gli isolati più distanti filogeneticamente. Appare evidente la bassissima variabilità presentata dagli isolati siciliani, nonostante essi provengano da aree dell'isola distanti tra loro e soprattutto da habitat molto differenti. Per indagare ulteriormente le relazioni filogenetiche con altri isolati conspecifici, le sequenze ITS degli isolati siciliani sono state allineate con altre 25 sequenze omologhe provenienti da altri paesi e disponibili su NCBI GenBank. Questo nuovo allineamento ha identificato distanze maggiori tra gli isolati siciliani e quelli esteri (Divergenza media pari a 0,012; *range* tra 0,006-0,029). Questo dato, da un lato evidenzia ancora di più la vicinanza evolutiva tra gli isolati rinvenuti in Sicilia, dall'altro li separa in modo abbastanza deciso dagli isolati esteri. Soltanto l'isolato svizzero San Bernardino AY171247.1 presenta un Numero di Sostituzioni per Sito, rispetto agli isolati siciliani, non particolarmente elevato (0,006 – 0,009). In entrambe le ricostruzioni filogenetiche effettuate, con i metodi *UPGMA* e *Neighbor-joining*, tutti gli isolati siciliani formano un clade unico con l'isolato svizzero come *sister group*, moderatamente supportato dai valori di bootstrap. La stessa relazione filogenetica tra isolati siciliani e svizzeri è stata identificata da Clausi *et al.*, 2020 a proposito dell'isolato etneo PTC MT830907. Gli autori si interrogano se questi isolati rappresentino un aplotipo esclusivo di aree montuose o se sia maggiormente distribuito lungo la penisola.

Una risposta a questa domanda può essere fornita esaminando la sola regione ITS1, quella che presenta la maggiore variabilità, degli isolati siciliani oggetto dello studio. Questa è stata confrontata con le sequenze di altri isolati provenienti da varie aree della penisola, di cui nove sono siciliani, oltre alle sequenze estere già in esame. La maggior parte degli isolati mostrano una sequenza ITS1 del tipo “senza delezioni” nelle posizioni che Spiridonov *et al.* (2004) identificano come sede di specifici *indels*. Soltanto gli isolati siciliani, gli italiani e l'isolato svizzero presentano due sinapomorfie che li distinguono dagli altri con la stessa tipologia di ITS1. Inoltre, nelle posizioni adiacenti le sinapomorfie, alcune sostituzioni permettono di distinguere tre diversi aplotipi esclusivi degli isolati siciliani/italiani e dell'isolato svizzero.

Appare evidente come questi isolati non rappresentino aplotipi minoritari ed esclusivi di aree montuose, come i dati parziali analizzati da Clausi *et al.* (2020) potevano far ipotizzare, ma al contrario diffusi largamente in tutta la penisola, dove, del resto, non può essere esclusa ovviamente la presenza di aplotipi minoritari, che solo campionamenti estensivi, sul modello di quelli effettuati in Sicilia, potrebbero far emergere.

L'analisi molecolare riguardante i cinque isolati di *S. kraussei* evidenzia, anche in questo caso, una Distanza Evolutiva Media (0,002; range 0-0,006) relativamente bassa. Spiridonov *et al.* (2004) hanno riscontrato differenze nelle sequenze di 13 isolati di *S. kraussei* comprese tra 1 e 11 bp (fino all'1%) ma che ha raggiunto le 21 bp (2,8%) tra gli isolati più distanti. Negli isolati siciliani sono presenti dodici siti variabili, per lo più *mismatch* e solo due *indel*, con l'isolato CT-EPL14 che si differenzia dagli altri mostrando sei autapomorfie. I polimorfismi mostrati da questo isolato denotano una certa divergenza genetica dagli altri, nonostante il fatto che tutti gli isolati di *S. kraussei* siano stati rinvenuti sull'Etna e che quattro di questi, compreso CT-EPL14, rappresentino popolazioni simpatriche di Piano della Lepre. Una possibile spiegazione di tale distanza, escludendo quindi l'isolamento geografico, potrebbe essere la presenza di una diversa specificità d'ospite di cui però non ci sono evidenze. La diminuzione del flusso genico tra popolazioni di EPN può infatti dipendere da uno dei due modelli di selezione naturale proposti da Adams *et al.* (2007) per gli EPN, la "Selezione fra ospiti", che vede, appunto, nell'insetto ospite una delle pressioni evolutive maggiori a cui gli EPN sono soggetti. La ricerca in queste aree di insetti ospiti parassitati e dei relativi EPN potrebbe confermare o meno questa ipotesi. Il confronto con le sequenze di isolati esteri, come effettuato per *S. feltiae*, rivela la presenza di una lunga *indel* tra le posizioni 517 e 542 dell'allineamento, che configura tre diversi aplotipi. Tutti gli isolati etnei presentano una delezione di 21 nucleotidi, situazione condivisa con diversi altri isolati studiati, mentre apparentemente minoritario sembra essere l'aplotipo con la delezione di 22 nucleotidi presente solo in due isolati. Le ricostruzioni filogenetiche sembrano confermare la distanza di CT-EPL14 dagli altri isolati etnei che invece formano, in entrambi gli alberi, un clade distinto supportato, almeno nei rami terminali, da valori medi di *bootstrap*.

Gli isolati di *H. bacteriophora* presentano 12 siti polimorfici con quattro autapomorfie: una a carico dell'isolato CL-BG9H e tre per TP-SEL9H. Nell'allineamento multiplo, con le sequenze omologhe provenienti da altri paesi, le 25 OTU analizzate mostrano un'elevata identità di sequenza, considerando anche le diverse origini geografiche che potrebbero far

pensare ad un maggiore differenziamento. Questo dato è confermato dalle Divergenze Evolutive Medie all'interno del gruppo formato dagli isolati siciliani (0,0036; *range* 0,001-0,007), all'interno del gruppo degli isolati esteri (0,0034; *range* 0-0,016) e tra i due gruppi (0,0039). La vicinanza di queste medie, che non presentano differenze significative nel confronto statistico, e quindi la poca variabilità presente tra tutti gli isolati in esame, impedisce la formazione di cladi distinti in entrambe le ricostruzioni filogenetiche. I bassi valori di *bootstrap* e la topologia degli alberi riflettono il basso grado di differenziamento del *locus* in esame all'interno del genere. Solo alcuni rami terminali presentano valori di *bootstrap* sufficientemente alti, in particolare appare ben supportato (84-92%) il clade che accomuna gli isolati TP-LP12H e SR-SP7. L'analisi filogenetica effettuata è in accordo con le osservazioni di Jagdale *et al.* (2006) che evidenziano come la divergenza genetica tra popolazioni di *H. bacteriophora* sia relativamente indipendente dalla distanza geografica degli isolati. Il genere *Heterorhabditis* è evolutivamente più giovane rispetto a *Steinernema* (Adams *et al.*, 2007) e quindi presenta una variabilità molecolare intraspecifica inferiore (Moraes *et al.*, 2017). Tuttavia, Maneesakorn *et al.* (2011) hanno osservato variabilità intraspecifica nella sequenza ITS in *H. bacteriophora* e *H. megidis*. Sarà necessario, quindi, analizzare più popolazioni di *H. bacteriophora* e di altre specie di questo genere, per verificarne la variazione intraspecifica del *locus* ITS tra popolazioni della stessa specie geograficamente separate.

Per gli isolati CL-BG2, TP-SEL1 e TP-SEL6 l'analisi BLASTN non è riuscita a fornire una identificazione specifica certa. I tre isolati mostrano, infatti, una percentuale di identità tra il 96 e il 97% con *S. feltiae* JF920964.1, con *S. litorale* OP415628.1 e con *S. ichnusae* EU421129.1 (anche se con quest'ultimo con una *Query cover* relativamente bassa dovuta alla lunghezza limitata dell'unica sequenza ITS presente su NCBI GenBank per questa specie). Nguyen (2007) pone il limite tra le specie di steinernematidi al 95% di similarità del *locus* ITS, al di sotto di questa soglia due isolati appartengono a specie differenti. Fin dalla loro prima descrizione, *S. litorale* (Yoshida, 2004) e *S. ichnusae* (Tarasco *et al.*, 2008) appaiono strettamente correlati tra loro (Özdemir *et al.*, 2020) e con la specie *S. feltiae*, e si pongono al di sopra di questo limite (circa il 3% di differenza). Secondo Tarasco *et al.* (2008), *S. ichnusae* e *S. feltiae* differiscono nel *locus* ITS per 29 bp, *S. litorale* e *S. feltiae* per 50 bp mentre tra *S. ichnusae* e *S. litorale* la differenza è di 49 bp. L'allineamento delle sequenze dei tre isolati siciliani permette, innanzitutto, di evidenziare la presenza di un solo *mismatch* tra TP-SEL1 e TP-SEL6, che di fatto rappresentano la stessa popolazione di *Steinernema* sp. isolata in due

diversi campioni raccolti nella Riserva Naturale Orientata Foce del Fiume Belice e dune limitrofe in provincia di Trapani. Le differenze con CL-BG2 (Biviere di Gela, CL) sembrano più nette, seppur limitate a 11 sostituzioni, un *gap* e due inserzioni, di un singolo nucleotide e di una coppia di nucleotidi (Tab. 28). I tre isolati di *Steinernema* sp. appartengono al *Feltiae group* e formano, nella ricostruzione filogenetica che utilizza le 81 sequenze di steinernematidi utilizzate da Spiridonov & Subbotin (2016), un *sister group* di *S. ichnusae*, fatto che potrebbe far ipotizzare la loro attribuzione ad una specie distinta e nuova per la scienza, anche considerando che le ricostruzioni dei rapporti filogenetici in questi rami terminali dell'albero sono supportati da alti valori di *bootstrap* (82-100%). Ulteriori conferme della distanza dei tre isolati siciliani di *Steinernema* sp. da *S. feltiae* e della loro corretta posizione nel *Feltiae group*, sono rappresentate dalle otto autapomorfie mostrate dai tre isolati e da alcune sinapomorfie condivise con le tre specie del *Feltiae group* più vicine (*S. ichnusae*, *S. litorale* e *S. weiseri*), emerse dall'allineamento multiplo con i 17 isolati di *S. feltiae* siciliani descritti in questo studio, con i 25 isolati di *S. feltiae* utilizzati nelle analisi esposte nel paragrafo 3.2.1. e con le sequenze di *S. ichnusae* EU421129.1, *S. litorale* OP415628.1 e *S. weiseri* LR745522.1. La stima della Divergenza Evolutiva Media chiarisce ulteriormente: gli isolati di *Steinernema* sp. presentano come specie filogeneticamente più vicina *S. ichnusae*, si distanziano in egual modo da *S. feltiae* e *S. weiseri*, mentre si collocano più lontano da *S. litorale*. Gli alberi filogenetici che ne derivano presentano valori di *bootstrap* decisamente alti in entrambe le ricostruzioni (90-100%) a supporto del clade formato da *S. ichnusae* con i tre isolati di *Steinernema* sp. siciliani. Si rimanda a studi futuri l'approfondimento dello status tassonomico degli isolati di cui si è trattato, non essendo stato possibile nel corso degli studi di Dottorato intraprendere ulteriori indagini sull'argomento.

L'isolato TP-SEL4 è stato identificato molecularmente come *S. apuliae* in virtù dell'identità del 98% della sua sequenza ITS con quella dell'unico isolato di questa specie disponibile su NCBI GenBank (*S. apuliae* CS3 HQ416968.1; Tarasco *et al.*, 2015). La definitiva conferma del suo *status* specifico proviene dall'allineamento multiplo e dalla stima delle Divergenze Evolutive Medie con le sequenze omologhe delle dieci specie appartenenti al *Glaseri group*. Il Numero di Sostituzioni Medie per Sito con *S. apuliae* CS3 è di 0,009 rispetto ad un valore medio con le altre specie di 0,355. Tutte le ricostruzioni filogenetiche effettuate (UPGMA, NJ, ML) concordano nell'individuare la vicinanza con questa specie, trovando supporto in valori di *bootstrap* ottimali (100-99-98%) nelle tre ricostruzioni.

Biologia degli EPN: prove di patogenicità

Le prove di patogenicità sono state condotte su otto isolati scelti con criterio *random*, almeno uno per specie. *S. apuliae*, escluso da queste prove, è stato indagato separatamente per via di alcune peculiarità nel ciclo vitale (i risultati saranno discussi più avanti).

Gli isolati di *H. bacteriophora* CT-FFG5H e TP-LP12H hanno mostrato una patogenicità nettamente differente alle due temperature mantenute per le prove: a 25 °C infestano il 100% delle larve di *G. mellonella* mentre a 10 °C nessuna larva è risultata attaccata. Questo risultato è in accordo con l'osservazione che *H. bacteriophora* è una specie che presenta un *optimum* di temperatura, che si traduce in una migliore patogenicità e fitness riproduttiva, tra i 25 e i 30 °C (Lortkipanidze *et al.*, 2019; Aryal *et al.*, 2022) e che non è, al contrario, in grado di infettare a 10 °C (El Khoury *et al.*, 2018). Alcuni heterorhabditidi mostrano spesso risposte adattative specifiche in risposta alle temperature ambientali a cui sono esposti, adattandosi bene alle alte temperature con la produzione di particolari proteine correlate allo stress termico (*heat-shock proteins*) (Glazer, 2002; Koppenhöffer & Fuzy, 2003; Ramalingam *et al.*, 2011; Stuart *et al.*, 2015; Hazir *et al.*, 2022). Nonostante ciò, l'isolato è stato rinvenuto in un campione con una temperatura del suolo al momento del prelievo di 10,4 °C, dimostrandosi comunque in grado di persistere nel terreno a temperature ben inferiori a quelle che ne favoriscono l'azione patogena. Gli isolati di *S. feltiae* non mostrano percentuali di infestazione differenti per le due temperature, ad eccezione di TP-BC9 che subisce un incremento delle capacità patogene (da 70 a 100%) alla temperatura di 10 °C (la temperatura del suolo dal quale è stato isolato era di 13,4 °C al momento del campionamento). *S. feltiae* è una specie con una notevole plasticità ecologica, mostra un ampio *range* di tolleranza alle temperature (Grewal *et al.*, 1994; Brown & Gaugler, 1997; Hazir *et al.*, 2001; Stuart *et al.*, 2015) ed è stato isolato in questo studio in campioni di suolo con una temperatura, al momento del prelievo, variabile tra 10,2 e 22,6 °C. Questa specie è in grado di produrre molecole a funzione crioprotettiva, come il glicerolo e il trealosio, in risposta alle basse temperature (Ali & Wharton, 2015), mantenendo le capacità patogene anche al di sotto dei 10 °C (Grewal *et al.*, 1994; Hazir *et al.*, 2001). Anche l'isolato di *S. kraussei* CT-EPL17 mostra migliori capacità patogene a 10 °C (100%). Questa specie è infatti considerata tra gli EPN maggiormente virulenti alle basse temperature, anche al di sotto dei 10 °C (Long *et al.*, 2000), in accordo sia con il suo rinvenimento in ambienti forestali d'alta quota (la temperatura del suolo al momento del prelievo era di 12,7 °C), sia con la sua strategia di foraggiamento da “*incursore*”

particolarmente adatta per la ricerca di insetti sedentari sotterranei svernanti (Long *et al.*, 2000; Willmott *et al.*, 2002; Torr *et al.*, 2007). I due isolati di *Steinernema* sp. CL-BG2 e TP-SEL6 non mostrano differenze significative nella percentuale di larve attaccate alle due temperature. El Khoury *et al.* (2018) riportano per *S. ichnusae*, la specie filogeneticamente più vicina ai nostri isolati, differenti risposte patogene alle temperature di 10 e 25 °C. In questo aspetto CL-BG2 e TP-SEL6 differiscono rispetto a *S. ichnusae*, mostrando una costanza delle capacità patogene paragonabile a quella di *S. feltiae*, altra specie prossima filogeneticamente ai due isolati siciliani.

Le prove di patogenicità effettuate dimostrano come gli isolati siciliani oggetto dello studio presentino elevate capacità patogene, almeno su *G. mellonella*, e potrebbero far ipotizzare ad un loro utilizzo in programmi di lotta biologica. L'utilizzo di ceppi autoctoni presenta il vantaggio di immettere nell'ambiente animali già adattati alle condizioni climatiche e ambientali locali (Sun *et al.*, 2021; Torrini *et al.*, 2020; Noujeim *et al.*, 2015; Piedra-Buena *et al.*, 2015), il che dovrebbe favorire la loro persistenza nel terreno e l'efficacia dei trattamenti. Altro aspetto dell'utilizzo di ceppi autoctoni è quello di minimizzare l'impatto sulla biodiversità locale: da un lato, l'immissione di specie e ceppi già presenti nel territorio riduce decisamente i possibili effetti negativi su insetti non target, essendo già inserite nelle dinamiche delle biocenosi locali; dall'altro elimina la possibilità d'inquinamento del *pool* genico di ceppi e specie di EPN locali.

Biologia degli EPN: ciclo vitale di S. apuliae TP-SEL4

L'isolato di *S. apuliae* TP-SEL4 ha mostrato alcune peculiarità nel ciclo vitale rispetto alla consueta successione di fasi ed eventi che contraddistinguono l'infezione dell'insetto ospite e la riproduzione del nematode al suo interno. Il suo ciclo si svolge solo in parte all'interno della larva parassitata, vari stadi giovanili e adulti continuano la loro vita esternamente, mutando tra stadi larvali e adulti e riproducendosi all'esterno della larva. Sono inoltre in grado di sfruttare la disponibilità di nutrimento costituita dal corpo dell'insetto fino a consumarlo completamente. Lo stesso non si può dire per *S. feltiae* EPP, ceppo largamente indagato (Clausi *et al.*, 2014, Tarasco *et al.*, 2015) che presenta un ciclo vitale che si svolge secondo le classiche modalità descritte per gli EPN, il quale però dimostra la capacità, seppur limitata, di sopravvivere e di raggiungere lo stadio IJ al di fuori dell'ospite se da esso estratto artificialmente.

Vari autori hanno indagato la filogenesi degli steinernematidi basandosi su tratti diversi del DNA e dell'RNA e sui caratteri morfologici a disposizione (Reid, 1994; Liu & Berry, 1996; Reid *et al.* 1997; Liu *et al.* 1997; Szalanski, 2000; Nguyen *et al.*, 2001; Stock *et al.*, 2001; Spiridonov *et al.*, 2004; Spiridonov & Subbotin, 2016), evidenziando sempre una differenza tra i nematodi appartenenti al clade *Glaseri* e gli altri steinernematidi, dalla distinzione tra “*steinernematids with long juveniles*” e “*steinernematids with short juveniles*” (Reid, 1994; Reid *et al.*, 1997) ai 5 cladi di Spiridonov *et al.* (2004) con l'individuazione di un ben definito clade “*glaseri-karii-longicaudum*”. Spiridonov & Subbotin (2016) analizzando le sequenze ITS di rRNA di 85 specie di *Steinernema* e le sequenze D2-D3 di rRNA 28S di 56 specie di *Steinernema*, hanno ulteriormente suddiviso gli steinernematidi in 12 cladi multi-specie, incluso il clade *Glaseri*, e tre cladi monospecifici. Secondo questi autori pochi caratteri morfologici e morfometrici supportano la suddivisione molecolare in cladi e tra questi solo due caratteri meno labili possono essere presi in considerazione per l'analisi filogenetica: la struttura degli spermatozoi e l'organizzazione della vescicola che ospita i batteri. Spiridonov *et al.* (1999), Yushin *et al.* (2007) e Spiridonov & Subbotin (2016) riportano due tipi di spermatozoi negli steinernematidi: quelli *forming chain-like* nei cladi *Affine* e *Feltiae*, simili a quelli di *Caenorhabditis elegans*, che si presume rappresentino uno stato ancestrale, e quelli dei cladi *Glaseri*, *Karii*, *Longicaudum*, *Carpocapsae* e *Bicornutum*, in cui sono state descritte formazioni di spermatozeugmi (Yushin *et al.*, 2007). Questi ultimi, condizione certamente più evoluta, potrebbero non aver avuto un'origine monofiletica nei vari cladi ma sono stati il risultato di un'evoluzione parallela.

Per quanto riguarda la parete della vescicola batterica, secondo Spiridonov *et al.* (2004) e Spiridonov & Subbotin (2016), questa struttura, ben definita nelle specie della maggior parte dei cladi, non è affatto descritta o non è chiara nelle specie del clade *Glaseri*. Ulteriori studi sono necessari per definire l'andamento evolutivo della vescicola nelle varie specie, poiché questo carattere potrebbe aiutare a comprendere la filogenesi degli steinernematidi. Il peculiare ciclo vitale qui descritto può essere considerato un ulteriore tratto distintivo del clade *Glaseri*.

Il presente studio ha dimostrato che *S. feltiae* EPP è in grado di sopravvivere e di svolgere il suo ciclo vitale al di fuori dell'ospite ma che normalmente ciò non accade, poiché il suo ciclo vitale termina tipicamente con l'emergenza delle larve IJ dal cadavere dell'ospite. *S. apuliae* TP-SEL4, invece, pur potendo completare il ciclo vitale all'interno dell'ospite, nella maggior parte dei casi fuoriesce poco dopo l'infezione e svolge il ciclo all'esterno.

Apparentemente il comportamento di *S. apuliae*, portando al completo consumo dei corpi ospiti, si traduce in una maggiore produzione di larve II. Inoltre, la maggiore produttività delle specie del clade *Glaseri* e la loro capacità di parassitare le larve morte (*scavenging*) potrebbero essere correlate alla loro maggiore capacità di interagire con l'ambiente esterno.

In molte specie del clade *Glaseri*, è stato descritto un ciclo vitale più rapido e/o con comportamenti atipici. Tuttavia, in nessuna delle descrizioni di altre specie appartenenti agli altri cladi del superclade *Glaseri-Karii-Loncicaudatum-Khoisanae* (*sensu* Spiridonov & Subbotin, 2016) si fa menzione di peculiarità del ciclo vitale. Ciò porta a ritenere che il comportamento qui descritto si sia sviluppato solo all'interno del clade *Glaseri* e, presupponendone un'origine monofiletica, che tale comportamento fosse presente nelle specie antenate del clade poiché è stato descritto in specie con diverse distribuzioni geografiche.

Occorrono ulteriori conferme dallo studio delle specie del clade o del superclade, dei cui cicli vitali non si sa nulla, per tracciare un quadro più accurato di questo modello comportamentale.

Batteri simbiotici

Le osservazioni preliminari sui batteri simbiotici permettono innanzitutto di affermare che le metodologie utilizzate sono state adeguate allo scopo prefissato. Hanno permesso l'isolamento, per tutti gli isolati, dei loro rispettivi simbiotici, *Xenorhabdus* sp. per gli steinernematidi e *Photorhabdus* sp. per gli heterorhabditidi. Studi recenti hanno rivelato la presenza di una complessa comunità batterica sia in *Steinernema* che in *Heterorhabditis*, che si accompagna ai loro classici simbiotici (Ogier *et al.*, 2020; 2023). Alcune di queste specie sono batteri con capacità entomopatogene (Hamze *et al.*, 2023; Ruiu *et al.*, 2017, 2022) che presumibilmente giocano anch'esse un ruolo nella colonizzazione e uccisione dell'ospite (Ogier *et al.*, 2023). Ruiu *et al.* (2022) hanno isolato, ad esempio, direttamente e più volte *Pseudomonas protegens* da nematodi della specie *S. feltiae* e da larve di insetti infettati da questa specie. L'ipotesi è che questo batterio abbia intrapreso un'associazione opportunistica con il nematode, permettendogli di acquisire un vantaggio competitivo rispetto ad altri patogeni ambientali.

È probabile che la relazione nematode-batterio e tra questi e l'insetto ospite, possa essere più complessa da come classicamente descritta, con un ruolo, non ancora completamente chiarito, dell'intero microbiota del nematode (Ogier *et al.*, 2023). Anche l'acquisizione di forme

di resistenza ad alcuni antibiotici potrebbe rivelare importanti informazioni riguardanti le relazioni tra i batteri simbiotici degli EPN e altri microrganismi, che potrebbero essere fonte di trasferimento di geni di resistenza. Ad esempio, è dimostrata la resistenza all'antibiotico Tetraciclina in ceppi di *Xenorhabdus poinarii* (Hatab *et al.* 1998) e *Xenorhabdus kozodoii* (Clausi *et al.*, 2021). Le prove per verificare l'eventuale resistenza a questo antibiotico nei ceppi di *Xenorhabdus* sp. e *Photorhabdus* sp. estratti dagli EPN oggetto dello studio hanno dato tutto esito negativo.

Considerazioni conclusive

Lo studio effettuato concorre a delineare un quadro complessivo della distribuzione degli EPN in Sicilia, confermando l'ampia diffusione di alcune specie a carattere cosmopolita, come *S. feltiae*, mentre mette in luce la preferenza di specifici habitat per altre, come *S. kraussei*. La biodiversità dell'isola, con le segnalazioni di *S. apuliae* e della probabile specie nuova, pone la Sicilia tra le aree di maggior interesse scientifico nello studio dei nematodi entomopatogeni. In particolar modo, la caratterizzazione molecolare, oltre a confermarsi uno strumento utile nel chiarire i rapporti filogenetici tra specie e isolati, ha messo in evidenza, come nel caso degli isolati di *S. feltiae*, l'occorrenza di fenomeni di microevoluzione in grado di determinare aplotipi peculiari. Anche lo studio della biologia di questi animali, come testimonia il ciclo vitale anomalo mostrato da *S. apuliae* TP-SEL4, pone interessanti interrogativi sui processi evolutivi riguardanti la complessa simbiosi nematode-batterio-insetto. La conferma ottenuta della presenza dei batteri simbiotici in tutti gli isolati rafforza il discusso legame tra questi e i nematodi ospiti e la loro azione sinergica come entomopatogeni. Questo patrimonio merita un'attenzione anche di tipo conservazionistico, che riguarda in maniera molto più ampia anche gli habitat e gli insetti ospiti. In questo quadro, le buone capacità patogene mostrate da alcuni isolati ne promuovono il possibile utilizzo come agenti di controllo biologico autoctoni in programmi di lotta biologica e integrata, in sostituzione dei formulati a base di EPN commerciali.

L'ampia area geografica esaminata, la varietà di habitat campionati e le caratterizzazioni molecolari e biologiche effettuate non esauriscono le ricerche sulla biodiversità degli EPN in Sicilia, ma aggiungono nuovi dati, a quelli già presenti in letteratura, per successive indagini sull'argomento.

BIBLIOGRAFIA

- Abebe, E., Jumba, M., Bonner, K., Gray, V., Morris, K., & Thomas, W. K. (2010). An entomopathogenic *Caenorhabditis briggsae*. *Journal of Experimental Biology*, 213(18), 3223-3229.
- Adams, B. J., Burnell, A. M., & Powers, T. O. (1998). A phylogenetic analysis of *Heterorhabditis* (Nemata: Rhabditidae) based on internal transcribed spacer 1 DNA sequence data. *Journal of Nematology*, 30(1), 22.
- Adams, B. J., Fodor, A., Koppenhöfer, H. S., Stackebrandt, E., Stock, S. P., & Klein, M. G. (2006). Reprint of "Biodiversity and systematics of nematode–bacterium entomopathogens" [Biol. Control 37 (2006) 32–49]. *Biological control*, 38(1), 4-21.
- Adams, B. J., Peat, S. M., Dillman, A. R., Nguyen, K. B., & Hunt, D. J. (2007). Entomopathogenic nematodes: Systematics, phylogeny, and bacterial symbionts. *Nematology monographs and perspectives*.
- Adamson M.L., 1986 – Modes of transmission and evolution of life histories in zooparasitic nematodes. - *Can. J. Zool.*, 64: 1375-1384.
- Ali, F., & Wharton, D. A. (2015). Infective juveniles of the entomopathogenic nematode, *Steinernema feltiae* produce cryoprotectants in response to freezing and cold acclimation. *PLoS One*, 10(10), e0141810.
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of molecular biology*, 215(3), 403-410.
- Akhurst, R. J. (1980). Morphological and functional dimorphism in *Xenorhabdus* spp., bacteria symbiotically associated with the insect pathogenic nematodes *Neoaplectana* and *Heterorhabditis*. *Microbiology*, 121(2), 303-309.
- Akhurst, R. J. (1982). Antibiotic activity of *Xenorhabdus* spp., bacteria symbiotically associated with insect pathogenic nematodes of the families Heterorhabditidae and Steinernematidae. *Microbiology*, 128(12), 3061-3065.
- Akhurst, R. J. (1983). Taxonomic study of *Xenorhabdus*, a genus of bacteria symbiotically associated with insect pathogenic nematodes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 33(1), 38-45.
- Akhurst, R. J. (1986). *Xenorhabdus nematophilus* subsp. *beddingii* (Enterobacteriaceae): a new subspecies of bacteria mutualistically associated with entomopathogenic nematodes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 36(3), 454-457.

- Akhurst, R. J., & Boemare, N. E. (1988). A numerical taxonomic study of the genus *Xenorhabdus* (Enterobacteriaceae) and proposed elevation of the subspecies of *X. nematophilus* to species. *Microbiology*, 134(7), 1835-1845.
- Arenas, M. (2015). Trends in substitution models of molecular evolution. *Frontiers in genetics*, 6, 319.
- Aryal, S., Nielsen, U. N., Sumaya, N. H., Wilson, C., & Riegler, M. (2022). Effect of temperature on survival of Australian entomopathogenic nematodes and their virulence against the Queensland fruit fly, *Bactrocera tryoni*. *BioControl*, 67(6), 617-628.
- Batzer, D. P., & Wu, H. (2020). Ecology of terrestrial arthropods in freshwater wetlands. *Annual Review of Entomology*, 65, 101-119.
- Baur, M. E., Kaya, H. K., & Strong, D. R. (1998). Foraging ants as scavengers on entomopathogenic nematode-killed insects. *Biological Control*, 12(3), 231-236.
- Bedding, R. A., & Akhurst, R. J. (1975). A simple technique for the detection of insect parasitic rhabditid nematodes in soil. *Nematologica*, 21(1), 109-110.
- Bedding, R. A., & Molyneux, A. S. (1982). Penetration of insect cuticle by infective juveniles of *Heterorhabditis* spp. (Heterorhabditidae: Nematoda). *Nematologica*, 28(3), 354-359.
- Benseddik, Y., Boutaleb Joutei, A., Blenzar, A., Ezrari, S., Molina, C. M., Radouane, N., ... & Dababat, A. A. (2020). Occurrence and distribution of entomopathogenic nematodes (Steinernematidae and Heterorhabditidae) in Morocco. *Biocontrol Science and Technology*, 30(10), 1060-1072.
- Bhat, A. H., Chaubey, A. K., & Askary, T. H. (2020). Global distribution of entomopathogenic nematodes, *Steinernema* and *Heterorhabditis*. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 30(1), 1-15.
- Bird, A. F., & Akhurst, R. J. (1983). The nature of the intestinal vesicle in nematodes of the family Steinernematidae. *International Journal for Parasitology*, 13(6), 599-606.
- Bird, A., and Bird, J. (1986). Observations on the use of insect parasitic nematodes as a means of biological control of root-knot nematodes. *Int. J. Parasitol.* 10, 511-516.
- Blaxter M.L., De Ley P., Garey J.R., Liu L.X., Scheldeman P., Vierstraete A., Vanfleteren J.R., Mackey L.Y., Dorris M., Frisse L.M., Vida J.T. & Thomas W.K., 1998 – A molecular evolutionary framework for the phylum Nematoda. - *Nature*, 392: 71-75.
- Blanco-Pérez, R., Bueno-Pallero, F. Á., Vicente-Díez, I., Marco-Mancebón, V. S., Pérez-Moreno, I., & Campos-Herrera, R. (2019). Scavenging behavior and interspecific competition decrease offspring fitness of the entomopathogenic nematode *Steinernema feltiae*. *Journal of Invertebrate Pathology*, 164, 5-15.

- Boemare, N. (2002). Biology, taxonomy and systematics of *Photorhabdus* and *Xenorhabdus*. In *Entomopathogenic nematology* (pp. 35-56). Wallingford UK: CABI publishing.
- Boemare, N. E., & Akhurst, R. J. (1988). Biochemical and physiological characterization of colony form variants in *Xenorhabdus* spp.(Enterobacteriaceae). *Microbiology*, 134(3), 751-761.
- Boemare, N., Givaudan, A., Brehélin, M., & Laumond, C. (1997). Review article Symbiosis and Pathogenicity of Nematode-Bacterium Complexes. *Symbiosis*.
- Boemare, N., & Tailliez, P. (2009). Molecular approaches and techniques for the study of entomopathogenic bacteria. In *Insect pathogens: Molecular approaches and techniques* (pp. 32-49). Wallingford UK: CABI.
- Bondi, M., Messi, P., Sabia, C., Contri, M. B., & Manicardi, G. (1999). Antimicrobial properties and morphological characteristics of two *Photorhabdus luminescens* strains. *Microbiologica-Quarterly Journal of Microbiological Sciences*, 22(2), 117-128.
- Bovien, P. (1937). Some types of association between nematodes and insects. *Videnskabelige Meddelelser fra Dansk Naturhistorisk Forening*, 101, 1-114.
- Brivio, M. F., Pagani, M., & Restelli, S. (2002). Immune suppression of *Galleria mellonella* (Insecta, Lepidoptera) humoral defenses induced by *Steinernema feltiae* (Nematoda, Rhabditida): involvement of the parasite cuticle. *Experimental Parasitology*, 101(2-3), 149-156.
- Brown, I. M., & Gaugler, R. (1997). Temperature and humidity influence emergence and survival of entomopathogenic nematodes. *Nematologica*, 43(5), 363-376.
- Brunel, B., Givaudan, A., Lanois, A., Akhurst, R. J., & Boemare, N. (1997). Fast and accurate identification of *Xenorhabdus* and *Photorhabdus* species by restriction analysis of PCR-amplified 16S rRNA genes. *Applied and environmental microbiology*, 63(2), 574-580.
- Cabanillas, H. E., & Raulston, J. R. (1994). Evaluation of the spatial pattern of *Steinernema riobravis* in corn plots. *Journal of Nematology*, 26(1), 25.
- Campbell, J. F., Orza, G., Yoder, F., Lewis, E., & Gaugler, R. (1998). Spatial and temporal distribution of endemic and released entomopathogenic nematode populations in turfgrass. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 86(1), 1-11.
- Campos-Herrera, R., Barbercheck, M., Hoy, C. W., & Stock, S. P. (2012). Entomopathogenic nematodes as a model system for advancing the frontiers of ecology. *Journal of Nematology*, 44(2), 162.
- Campos-Herrera, R., El-Borai, F. E., Stuart, R. J., Graham, J. H., & Duncan, L. W. (2011). Entomopathogenic nematodes, phoretic *Paenibacillus* spp., and the use of real time quantitative PCR to explore soil food webs in Florida citrus groves. *Journal of Invertebrate Pathology*, 108(1), 30-39.

- Campos-Herrera, R., Escuer, M., Labrador, S., Robertson, L., Barrios, L., & Gutiérrez, C. (2007). Distribution of the entomopathogenic nematodes from La Rioja (Northern Spain). *Journal of invertebrate pathology*, 95(2), 125-139.
- Campos-Herrera, R., Gomez-Ros, J. M., Escuer, M., Cuadra, L., Barrios, L., & Gutiérrez, C. (2008). Diversity, occurrence, and life characteristics of natural entomopathogenic nematode populations from La Rioja (Northern Spain) under different agricultural management and their relationships with soil factors. *Soil Biology and Biochemistry*, 40(6), 1474-1484.
- Campos-Herrera, R., & Gutiérrez, C. (2008). Comparative study of entomopathogenic nematode isolation using *Galleria mellonella* (Pyralidae) and *Spodoptera littoralis* (Noctuidae) as baits. *Biocontrol Science and Technology*, 18(6), 621-626.
- Canhilal, R., Waeyenberge, L., Yüksel, E., Koca, A. S., Deniz, Y., & İmren, M. (2017). Assessment of the natural presence of entomopathogenic nematodes in Kayseri soils, Turkey. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 27(2).
- Cerenius, L., & Söderhäll, K. (2004). The prophenoloxidase-activating system in invertebrates. *Immunological reviews*, 198(1), 116-126.
- Chaston, J. M., Suen, G., Tucker, S. L., Andersen, A. W., Bhasin, A., Bode, E., ... & Goodrich-Blair, H. (2011). The entomopathogenic bacterial endosymbionts *Xenorhabdus* and *Photorhabdus*: convergent lifestyles from divergent genomes. *PLoS one*, 6(11), e27909.
- Chytrý, M., Tichý, L., Hennekens, S. M., Knollová, I., Janssen, J. A., Rodwell, J. S., ... & Schaminée, J. H. (2020). EUNIS Habitat Classification: Expert system, characteristic species combinations and distribution maps of European habitats. *Applied Vegetation Science*, 23(4), 648-675.
- Cytryńska, M., Mak, P., Zdybicka-Barabas, A., Suder, P., & Jakubowicz, T. (2007). Purification and characterization of eight peptides from *Galleria mellonella* immune hemolymph. *Peptides*, 28(3), 533-546.
- Cliche, T. A., Darby, C., Ehlers, R. U., Forst, S., & Goodrich-Blair, H. (2006). Dangerous liaisons: the symbiosis of entomopathogenic nematodes and bacteria. *Biological Control*, 38(1), 22-46.
- Cimen H (2013). Identification of a novel entomopathogenic nematode strain and its mutualistic bacteria isolated from Turkey. *MSc, Adnan Menderes University*.
- Clausi M, Leone D. (2020). Field Persistence of Some Entomopathogenic Nematodes. *Journal of Ecology & Natural Resources*, 3: 1-5.

- Clausi, M., Leone, D., Raccuia, S. A., Spiridonov, S. E., & Vinciguerra, M. T. (2017). Molecular characterisation of the new strain of *Steinernema vulcanicum* Clausi, Longo, Rappazzo, Tarasco & Vinciguerra, 2011. *Russian Journal of Nematology*, 25(1), 71-76.
- Clausi M., Leone D., Rappazzo G., Spiridonov S. E., Torrisi M., Vinciguerra M.T. (2019). La biodiversità dei nematodi entomopatogeni nel territorio etneo. *Catania 2-4 ottobre 2019, vol. abstract p.22, CATANIA: SIN*.
- Clausi, M., Leone, D., Strano, A., Lizio, A., Rappazzo, G., Mulder, C., & Conti, E. (2021). Effects of tetracycline on entomopathogenic nematodes and their bacterial symbionts. *Ecotoxicology*, 30, 705-710.
- Clausi, M., Leone, D., Vinciguerra, M. T., Rappazzo, G., & Tarasco, E. (2014). Laboratory tests on the biocontrol of chestnut insect pests on Etna (Sicily, Italy) by means of entomopathogenic nematodes. *Redia*, 97, 133-136.
- Clausi M., Longo A., Rappazzo G., Leone D., Tarasco E., Triggiani O., Vinciguerra M.T. (2010a). Biodiversità dei nematodi entomopatogeni dell'Italia meridionale. In: *atti congresso. Portici, Ercolano, 28-30 ottobre*, vol. abstract, p. 12-13, PORTICI (NA): SIN
- Clausi, M., Longo, A., Rappazzo, G., Tarasco, E. & Vinciguerra, M.T., (2011). *Steinernema vulcanicum* n. sp. (Rhabditida: Steinernematidae), a new entomopathogenic nematode species from Sicily (Italy). *Nematology* 13, 409-423.
- Clausi M., Rappazzo G., Longo A., Leone D., Vinciguerra M.T. (2010b). Biodiversità dei Nematodi Entomopatogeni in Sicilia. In: *Atti del congresso. Palermo, 20-23 settembre*, vol. Abstract, p. 99-100, PALERMO: UZI
- Clausi M., Vinciguerra M.T (2005). I nematodi entomopatogeni in un progetto per lo sviluppo sostenibile dei castagneti. *Nematologia Mediterranea*, vol. 33; p. 91-94, ISSN: 0391-9749
- Constant, P., Marchay, L., Fischer-Le-Saux, M., Briand-Panoma, S., & Mauleon, H. (1998). Natural occurrence of entomopathogenic nematodes (Rhabditida: Steinernematidae and Heterorhabditidae) in Guadeloupe islands. *Fundamental and Applied Nematology*, 21(6), 667-672.
- Couche, G. A., Lehrbach, P. R., Forage, R. G., Cooney, G. C., Smith, D. R., & Gregson, R. P. (1987). Occurrence of intracellular inclusions and plasmids in *Xenorhabdus* spp. *Microbiology*, 133(4), 967-973.
- Davies, C. E., Moss, D., & Hill, M. O. (2004). EUNIS habitat classification revised 2004. *Report to: European environment agency-European topic centre on nature protection and biodiversity*, 127-143.
- De Ley, P. (2006). A quick tour of nematode diversity and the backbone of nematode phylogeny. *WormBook: The Online Review of C. elegans Biology [Internet]*.

- De Luca, F., Clausi, M., Troccoli, A., Curto, G., Rappazzo, G., & Tarasco, E. (2015). Entomopathogenic nematodes in Italy: occurrence and use in microbial control strategies. *Nematode Pathogenesis of Insects and Other Pests: Ecology and Applied Technologies for Sustainable Plant and Crop Protection*, 431-449.
- Del Pino, F. G., & Palomo, A. (1996). Natural occurrence of entomopathogenic nematodes (Rhabditida: Steinernematidae and Heterorhabditidae) in Spanish soils. *Journal of Invertebrate Pathology*, 68(1), 84-90.
- Del Valle E. E., Lax P., Rondán Dueñas J., and Doucet M. E. (2013). Effects of insect cadavers infected by *Heterorhabditis bacteriophora* and *Steinernema diaprepesi* on *Meloidogyne incognita* parasitism in pepper and summer squash plants. *Cien. Inv. Agr.* 40(1):109-118.
- Denno, R. F., Gruner, D. S., & Kaplan, I. (2008). Potential for entomopathogenic nematodes in biological control: a meta-analytical synthesis and insights from trophic cascade theory. *Journal of nematology*, 40(2), 61.
- Dhakal, M., Nguyen, K. B., Hunt, D. J., Ehlers, R. U., Spiridonov, S. E., & Subbotin, S. A. (2020). Molecular identification, phylogeny and phylogeography of the entomopathogenic nematodes of the genus *Heterorhabditis* Poinar, 1976: a multigene approach. *Nematology*, 23(4), 451-466.
- Dillman, A. R., Chaston, J. M., Adams, B. J., Ciche, T. A., Goodrich-Blair, H., Stock, S. P., & Sternberg, P. W. (2012). An entomopathogenic nematode by any other name. *PLoS Pathogens*, 8(3), e1002527.
- Dowds, B. C., & Peters, A. R. N. E. (2002). Virulence mechanisms. In *Entomopathogenic nematology* (pp. 79-98). Wallingford UK: CABI publishing.
- Duncan, L. W., Dunn, D. C., Bague, G., & Nguyen, K. (2003). Competition between entomopathogenic and free-living bacterivorous nematodes in larvae of the weevil *Diaprepes abbreviatus*. *Journal of Nematology*, 35(2), 187.
- Duncan, L. W., Graham, J. H., Zellers, J., Bright, D., Dunn, D. C., El-Borai, F. E., & Porazinska, D. (2007). Food web responses to augmenting the entomopathogenic nematodes in bare and animal manure-mulched soil. *Journal of Nematology*, 39(2), 176.
- Dutky, S. R. (1959). Insect microbiology. In *Advances in Applied Microbiology* (Vol. 1, pp. 175-200). Academic Press.
- Dzięgielewska, M., & Skwiercz, A. (2018). The influence of selected abiotic factors on the occurrence of entomopathogenic nematodes (Steinernematidae, Heterorhabditidae) in soil. *Polish Journal of Soil Science*, 51(1), 11.

- Eckstein, S., Dominelli, N., Brachmann, A., & Heermann, R. (2019). Phenotypic heterogeneity of the insect pathogen *Photorhabdus luminescens*: insights into the fate of secondary cells. *Appl Environ Microbiol* 85(22):e01910-e01919.
- Edgington, S., Buddie, A. G., Tymo, L., Hunt, D. J., Nguyen, K. B., France, A. I., ... & Moore, D. (2009). *Steinernema australe* n. sp. (Panagrolaimomorpha: Steinernematidae), a new entomopathogenic nematode from Isla Magdalena, Chile. *Nematology*, 11(5), 699-717.
- Ehlers, R. U., & Shapiro-Ilan, D. I. (2005). Mass production. In *Nematodes as biocontrol agents* (pp. 65-78). Wallingford UK: CABI Publishing.
- El-Borai, F. E., Duncan, L. W., & Preston, J. (2005). Bionomics of a phoretic association between *Paenibacillus* sp. and the entomopathogenic nematode *Steinernema diaprepesi*. *Journal of Nematology*, 37(1), 18.
- El-Borai, F. E., Stuart, R. J., Campos-Herrera, R., Pathak, E., & Duncan, L. W. (2012). Entomopathogenic nematodes, root weevil larvae, and dynamic interactions among soil texture, plant growth, herbivory, and predation. *Journal of Invertebrate Pathology*, 109(1), 134-142.
- Eleftherianos, I., Joyce, S., French-Constant, R. H., Clarke, D. J., & Reynolds, S. E. (2010). Probing the tri-trophic interaction between insects, nematodes and *Photorhabdus*. *Parasitology*, 137(11), 1695-1706.
- Emelianoff, V., Le Brun, N., Pages, S., Stock, S. P., Tailliez, P., Moulia, C., & Sicard, M. (2008). Isolation and identification of entomopathogenic nematodes and their symbiotic bacteria from Hérault and Gard (Southern France). *Journal of invertebrate pathology*, 98(2), 211-217.
- Enright, M. R., & Griffin, C. T. (2005). Effects of *Paenibacillus nematophilus* on the entomopathogenic nematode *Heterorhabditis megidis*. *Journal of Invertebrate Pathology*, 88(1), 40-48.
- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *evolution*, 39(4), 783-791.
- Filipjev, I. N. (1934). Miscellanea Nematologica 1. Eine neue Art der Gattung *Neaplectana* Steiner nebst Bemerkungen über die systematische Stellung der letzteren. *Parasitologicheskii Sbornik Zoologicheskogo Instituta Akademii Nauk SSSR*, 4, 229-240.
- Flores-Lara, Y., Rennecker, D., Forst, S., Goodrich-Blair, H., & Stock, P. (2007). Influence of nematode age and culture conditions on morphological and physiological parameters in the bacterial vesicle of *Steinernema carpocapsae* (Nematoda: Steinernematidae). *Journal of invertebrate pathology*, 95(2), 110-118.

- Foltan, P., & Půža, V. (2009). To complete their life cycle, pathogenic nematode–bacteria complexes deter scavengers from feeding on their host cadaver. *Behavioural Processes*, 80(1), 76-79.
- Forst, S. & Clarke, D. (2002). Bacteria-nematode symbiosis. In *Entomopathogenic nematology* (pp. 57-77). Wallingford UK: CABI Publishing.
- Forst, S., Dowds, B., Boemare, N., & Stackebrandt, E. (1997). *Xenorhabdus* and *Photorhabdus* spp.: bugs that kill bugs. *Annual review of microbiology*, 51(1), 47-72.
- Garcia Del Pino, F., & Palomo, A. (1996). Natural occurrence of entomopathogenic nematodes (Rhabditida: Steinernematidae and Heterorhabditidae) in Spanish soils. *Journal of Invertebrate Pathology*, 68(1), 84-90.
- Gasser, R. B., & Newton, S. E. (2000). Genomic and genetic research on bursate nematodes: significance, implications and prospects. *International journal for parasitology*, 30(4), 509-534.
- Gaugler R., & Kaya H. K. (1990). *Entomopathogenic nematode in biological control*. Boca Raton, FL: CRC.
- Gaugler, R., Lewis, E., & Stuart, R. J. (1997). Ecology in the service of biological control: the case of entomopathogenic nematodes. *Oecologia*, 109, 483-489.
- Georgis, R. (1990). Formulation and application technology. *Entomopathogenic nematodes in biological control*, 173-191.
- Georgis, R., & Poinar Jr, G. O. (1983). Effect of soil texture on the distribution and infectivity of *Neoplectana carpocapsae* (Nematoda: Steinernematidae). *Journal of Nematology*, 15(2), 308.
- Georgis, R., Koppenhöfer, A. M., Lacey, L. A., Bélair, G., Duncan, L. W., Grewal, P. S., ... & Van Tol, R. W. H. M. (2006). Successes and failures in the use of parasitic nematodes for pest control. *Biological Control*, 38(1), 103-123.
- Glare, T. R., Jurat-Fuentes, J. L., & O'callaghan, M. (2017). Basic and applied research: entomopathogenic bacteria. In *Microbial control of insect and mite pests* (pp. 47-67). Academic press.
- Glazer, I. (2002). Survival biology. In *Entomopathogenic nematology* (pp. 169-187). Wallingford UK: CABI publishing.
- Glazer, I., Kozodoi, E., Salame, L., & Nestel, D. (1996). Spatial and Temporal Occurrence of Natural Populations of *Heterorhabditis* spp.(Nematoda: Rhabditida) in a Semiarid Region. *Biological Control*, 6(1), 130-136.
- Glazer, I., & Lewis, E. E. (2000). Bioassays for entomopathogenic nematodes. In *Bioassays of entomopathogenic microbes and nematodes* (pp. 229-247). Wallingford UK: CABI.

- Glazer, I., Liran, N., & Steinberger, Y. (1991). A survey of entomopathogenic nematodes (Rhabditida) in the Negev desert. *Phytoparasitica*, 19, 291-300.
- Goodrich-Blair, H., & Clarke, D. J. (2007). Mutualism and pathogenesis in *Xenorhabdus* and *Photorhabdus*: two roads to the same destination. *Molecular microbiology*, 64(2), 260-268.
- Götz, P. (1985). Insect immunity. *Comprehensive Insect Physiology, Biochemistry and Pharmacology*, 3, 453-485.
- Götz, P. (1986). Encapsulation in arthropods. In *Immunity in invertebrates: cells, molecules, and defense reactions* (pp. 153-170). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Gradinarov, D., Petrova, E., Waeyenberge, L., & Karadjova, O. (2011). First report of the entomopathogenic nematode *Steinernema arenarium* (Steinernematidae: Rhabditida) in Bulgaria. *Nematologia Mediterranea*, 39(1).
- Grant, J. A., & Villani, M. G. (2003). Soil moisture effects on entomopathogenic nematodes. *Environmental entomology*, 32(1), 80-87.
- Greenwood, C. M., Barbercheck, M. E., & Brownie, C. (2011). Short term response of soil microinvertebrates to application of entomopathogenic nematode-infected insects in two tillage systems. *Pedobiologia*, 54(3), 177-186.
- Grewal, P. S., Ehlers, R. U., & Shapiro-Ilan, D. I. (Eds.). (2005). *Nematodes as biocontrol agents*. Cabi publishing.
- Griffin C.T., Boemare N.E., Lewis E.E. (2005). Biology and Behaviour. In: Grewal P.s., Ehlers R.U. and Shapiro-Ilan D.I. (ed). *Nematodes as Biocontrol Agents*. CAB International, pp. 47-64.
- Griffin, C. T., Chaerani, R., Fallon, D., Reid, A. P., & Downes, M. J. (2000). Occurrence and distribution of the entomopathogenic nematodes *Steinernema* spp. and *Heterorhabditis indica* in Indonesia. *Journal of Helminthology*, 74(2), 143-150.
- Grewal, P. S., Converse, V., & Georgis, R. (1999). Influence of production and bioassay methods on infectivity of two ambush foragers (Nematoda: Steinernematidae). *Journal of Invertebrate Pathology*, 73(1), 40-44.
- Grewal, P. S., Ehlers, R. U., & Shapiro-Ilan, D. I. (Eds.). (2005). *Nematodes as biocontrol agents*. Cabi publishing.
- Grewal P S, Selvan S., Gaugler R. 1994. Thermal adaptation of entomopathogenic nematodes: Niche breadth for infection, establishment, and reproduction. *Journal of Thermal Biology* 19, 245–253.

- Griffin, C. T., Moore, J. F., & Downes, M. J. (1991). Occurrence of insect-parasitic nematodes (Steinernematidae, Heterorhabditidae) in the Republic of Ireland. *Nematologica*, 37(1-4), 92-100.
- Griffin, C. T., O'CALLAGHAN, K. M., & Dix, I. (2001). A self-fertile species of *Steinernema* from Indonesia: further evidence of convergent evolution amongst entomopathogenic nematodes?. *Parasitology*, 122(2), 181-186.
- Gulcu, B., Hazir, S., & Kaya, H. K. (2012). Scavenger deterrent factor (SDF) from symbiotic bacteria of entomopathogenic nematodes. *Journal of invertebrate pathology*, 110(3), 326-333.
- Gümüş Askar, A., Yüksel, E., Öcal, A., Özer, G., Kütük, H., Dababat, A., & İmren, M. (2022). Identification and control potential of entomopathogenic nematodes against the black cutworm, *Agrotis ipsilon* (Fabricius) (Lepidoptera: Noctuidae), in potato-growing areas of Turkey. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 129(4), 911-922.
- Gupta, A.P. (1991). *Immunology of Insect and Other Arthropods*. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Hall, T. A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. In *Nucleic acids symposium series* (Vol. 41, No. 41, pp. 95-98).
- Hallem, E. A., Rengarajan, M., Ciche, T. A., & Sternberg, P. W. (2007). Nematodes, bacteria, and flies: a tripartite model for nematode parasitism. *Current Biology*, 17(10), 898-904.
- Hamze, R., Foxi, C., Ledda, S., Satta, G., & Ruiu, L. (2023). *Pseudomonas protegens* Affects Mosquito Survival and Development. *Current Microbiology*, 80(5), 172.
- Han, R., & Ehlers, R. U. (2001). Effect of *Photorhabdus luminescens* phase variants on the in vivo and in vitro development and reproduction of the entomopathogenic nematodes *Heterorhabditis bacteriophora* and *Steinernema carpocapsae*. *FEMS microbiology ecology*, 35(3), 239-247.
- Hatab, M. A., Stuart, R. J., & Gaugler, R. (1998). Antibiotic resistance and protease production by *Photorhabdus luminescens* and *Xenorhabdus poinarii* bacteria symbiotic with entomopathogenic nematodes: variation among species and strains. *Soil Biology and Biochemistry*, 30(14), 1955-1961.
- Hazir, S., KAYA, H., Touray, M., Cimen, H., & ILAN, D. S. (2022). Basic laboratory and field manual for conducting research with the entomopathogenic nematodes, *Steinernema* and *Heterorhabditis*, and their bacterial symbionts. *Turkish Journal of Zoology*, 46(4), 305-350.

- Hazir, S., Kaya, H. K., Stock, S. P., & Keskin, N. (2003a). Entomopathogenic nematodes (Steinernematidae and Heterorhabditidae) for biological control of soil pests. *Turkish journal of Biology*, 27(4), 181-202.
- Hazir, S., Keskin, N., Stock, S. P., Kaya, H. K., & Özcan, S. (2003b). Diversity and distribution of entomopathogenic nematodes (Rhabditida: Steinernematidae and Heterorhabditidae) in Turkey. *Biodiversity & Conservation*, 12, 375-386.
- Hazir, S., Stock, S. P., Kaya, H. K., Koppenhöfer, A. M., & Keskin, N. (2001). Developmental temperature effects on five geographic isolates of the entomopathogenic nematode *Steinernema feltiae* (Nematoda: Steinernematidae). *Journal of Invertebrate Pathology*, 77(4), 243-250.
- Herbert, E. E., & Goodrich-Blair, H. (2007). Friend and foe: the two faces of *Xenorhabdus nematophila*. *Nature Reviews Microbiology*, 5(8), 634-646.
- Hoffmann, J. A. (2003). The immune response of *Drosophila*. *Nature*, 426(6962), 33-38.
- Hoffmann, J. A., Reichhart, J. M., & Hetru, C. (1996). Innate immunity in higher insects. *Current opinion in immunology*, 8(1), 8-13.
- Holterman, M., van der Wurff, A., van den Elsen, S., van Megen, H., Bongers, T., Holovachov, O., ... & Helder, J. (2006). Phylum-wide analysis of SSU rDNA reveals deep phylogenetic relationships among nematodes and accelerated evolution toward crown clades. *Molecular biology and evolution*, 23(9), 1792-1800.
- Hominick, W. M. (2002). Biogeography. In *Entomopathogenic nematology* (pp. 115-143). Wallingford UK: CABI publishing.
- Hominick, W. M., Reid, A. P., Bohan, D. A., & Briscoe, B. R. (1996). Entomopathogenic nematodes: biodiversity, geographical distribution and the convention on biological diversity. *Biocontrol Science and Technology*, 6(3), 317-332.
- Hunt, D. J., & Nguyen, K. B. (2016). *Advances in entomopathogenic nematode taxonomy and phylogeny* (Vol. 12). Brill.
- Hunt DJ, Subbotin SA (2016) Taxonomy and systematics. In: Hunt DJ, Nguyen KB (eds) *Advances in entomopathogenic nematode taxonomy and phylogeny, Nematology monographs and perspectives*, vol 12. Brill, The Netherlands, pp 13–58.
- Hunt, H. W., Wall, D. H., DeCraepo, N., & Brenner, J. S. (2001). A model for nematode locomotion in soil. *Nematology*, 3(7), 705-716.
- Husník, F., Chrudimský, T., & Hypša, V. (2011). Multiple origins of endosymbiosis within the Enterobacteriaceae (γ -Proteobacteria): convergence of complex phylogenetic approaches. *BMC biology*, 9(1), 1-18.

- Imhoff, J. F. (2005). Enterobacteriales. In *Bergey's manual® of systematic bacteriology* (pp. 587-850). Springer, Boston, MA.
- Ishibashi, N., and Kondo, E. (1986). *Steinernema feltiae* (DD-136) and *S. glaseri*: Persistence in soil and bark compost and their influence on native nematodes. *J. Nematol.* 18, 310–316.
- Jagdale, G. B., Saeb, A. T., Somasekhar, N., & Grewal, P. S. (2006). Genetic variation and relationships between isolates and species of the entomopathogenic nematode genus *Heterorhabditis* deciphered through isozyme profiles. *Journal of Parasitology*, 92(3), 509-516.
- Janeway, C.A. Jr. and Medzhitov, R. (2002). Innate immunerecognition. *Annual Review of Immunology*, 20, 197–216.
- Jessen, P., Strauch, O., Wyss, U., Luttmann, R., & Ehlers, R. U. (2000). Carbon dioxide triggers recovery from dauer juvenile stage in entomopathogenic nematodes (*Heterorhabditis* spp.). *Nematology*, 2(3), 319-324.
- Julià, I., Morton, A., & Garcia-del-Pino, F. (2023). Natural occurrence of entomopathogenic nematodes (*Steinernema* and *Heterorhabditis*) and *Pristionchus* nematodes in black truffle soils from Spain. *Journal of Helminthology*, 97, e76.
- Kapranas, A., Maher, A. M., & Griffin, C. T. (2017). The influence of organic matter content and media compaction on the dispersal of entomopathogenic nematodes with different foraging strategies. *Parasitology*, 144(14), 1956-1963.
- Kaspi, R., Ross, A., Hodson, A. K., Stevens, G. N., Kaya, H. K., & Lewis, E. E. (2010). Foraging efficacy of the entomopathogenic nematode *Steinernema riobrave* in different soil types from California citrus groves. *Applied Soil Ecology*, 45(3), 243-253.
- Kaya, H. K. (2002). Natural enemies and other antagonists. In *Entomopathogenic nematology* (pp. 189-203). Wallingford UK: CABI publishing.
- Kaya, H. K., & Gaugler, R. (1993). Entomopathogenic nematodes. *Annual review of entomology*, 38(1), 181-206.
- Kaya, H. K., & Stock, S. P. (1997). Techniques in insect nematology. In *Manual of techniques in insect pathology* (pp. 281-324). Academic Press.
- Kazimierczak, W., Lis, M., Skrzypek, T., & Kreft, A. (2018). Comparison of the methods applicable for the pathogenicity assessment of entomopathogenic nematodes. *Biocontrol*, 63, 289-298.
- Khan, Y., & Javed, N. (2018). Entomopathogenic nematodes survey, persistence in soil, reproductive potential and their effects on *Meloidogyne incognita*. *Egyptian Journal of Agronomatology*, 17(2), 109-120.

- Khathwayo, Z., Ramakuwela, T., Hatting, J., Shapiro-Ilan, D. I., & Cochrane, N. (2021). Quantification of pH tolerance levels among entomopathogenic nematodes. *Journal of Nematology*, 53(1), 1-12.
- Koltai, H., Glazer, I., & Segal, D. (1995). Reproduction of the entomopathogenic nematode *Heterorhabditis bacteriophora* Poinar, 1976: hermaphroditism vs amphimixis. *Fundamental and applied Nematology*, 18(1), 55-62.
- Koppenhöfer, H. S. (2007). Bacterial symbionts of *Steinernema* and *Heterorhabditis*. In *Entomopathogenic nematodes: systematics, phylogeny and bacterial symbionts* (pp. 735-808). Brill.
- Koppenhöfer, A. M., & Fuzy, E. M. (2003). Ecological characterization of *Steinernema scarabaei*, a scarab-adapted entomopathogenic nematode from New Jersey. *Journal of Invertebrate Pathology*, 83(2), 139-148.
- Koppenhöfer, A. M., & Fuzy, E. M. (2006). Effect of soil type on infectivity and persistence of the entomopathogenic nematodes *Steinernema scarabaei*, *Steinernema glaseri*, *Heterorhabditis zealandica*, and *Heterorhabditis bacteriophora*. *Journal of invertebrate Pathology*, 92(1), 11-22.
- Koppenhöfer, H. S., & Gaugler, R. (2009). Entomopathogenic nematode and bacteria mutualism. *Defensive mutualism in microbial symbiosis*, 26, 99-116.
- Koppenhöfer, A. M., Shapiro-Ilan, D. I., & Hiltbold, I. (2020). Entomopathogenic nematodes in sustainable food production. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 4, 125.
- Koppenhöfer, A. M., & Kaya, H. K. (1996). Coexistence of two steinernematid nematode species (Rhabditida: Steinernematidae) in the presence of two host species. *Applied Soil Ecology*, 4(3), 221-230.
- Kotchofa, R., & Baimey, H. (2019). production of entomopathogenic nematodes using: costs and effect of diets on nematode pathogenicity. *Journal of Nematology*, 51(1), 1-15.
- Krause A. 1917. Forstentomologische Exkursionen ins Eggegebirge zum Studium der Massenvermehrung der *Cephalcia abietis* L. *Archiv für Naturgeschichte. Abteilung A*, 6. Heft, pp. 46-49.
- Kung, S. P., Gaugler, R., & Kaya, H. K. (1990a). Soil type and entomopathogenic nematode persistence. *Journal of Invertebrate Pathology*, 55(3), 401-406.
- Kung, S. P., Gaugler, R., & Kaya, H. K. (1990b). Influence of Soil pH and Oxygen on Persistence of *Steinernema* spp. *Journal of Nematology*, 22(4), 440.
- Lacey, L. A., & Georgis, R. (2012). Entomopathogenic nematodes for control of insect pests above and below ground with comments on commercial production. *Journal of nematology*, 44(2), 218.

- Lavine, M. D., & Strand, M. R. (2002). Insect hemocytes and their role in immunity. *Insect biochemistry and molecular biology*, 32(10), 1295-1309.
- Lawrence, J. L., Hoy, C. W., & Grewal, P. S. (2006). Spatial and temporal distribution of endemic entomopathogenic nematodes in a heterogeneous vegetable production landscape. *Biological Control*, 37(3), 247-255.
- Lee, M. M., Sicard, M., Skeie, M., & Stock, S. P. (2009). *Steinernema boemarei* n. sp. (Nematoda: Steinernematidae), a new entomopathogenic nematode from southern France. *Systematic parasitology*, 72(2), 127.
- Leone D. *Analisi della variabilità di ceppi siciliani di Steinernema kraussei (Steiner, 1923) Travassos 1927*. Tesi di Laurea Magistrale in Biodiversità e Qualità dell'Ambiente. Università di Catania. A.A. 2011-2012.
- Leone D., Clausi M., Vinciguerra M.T., Tarasco E. (2014). Prove di controllo biologico dei parassiti delle castagne per mezzo di nematodi entomopatogeni. *Orosei, 9-14 giugno 2014*, vol. abstract, p.160-161: *CNIE*.
- Leone D., Clausi M., Rappazzo G., Vinciguerra M.T. (2011). Biodiversità di Nematodi Entomopatogeni autoctoni siciliani e loro utilizzo nel controllo biologico di insetti fitoparassiti. *Rirab Catania, 7-8 novembre*, vol. abstract, 47.
- Leone, D., Mirabile, M., Altieri, G. M., Zimone, A., Torrisi, B., Tarasco, E., & Clausi, M. (2023). Assessment of soil quality in wetlands in Eastern Sicily. *Ecological Indicators*, 153, 110428.
- Lengyel, K., Lang, E., Fodor, A., Szállás, E., Schumann, P., & Stackebrandt, E. (2005). Description of four novel species of *Xenorhabdus*, family Enterobacteriaceae: *Xenorhabdus budapestensis* sp. nov., *Xenorhabdus ehlersii* sp. nov., *Xenorhabdus innexi* sp. nov., and *Xenorhabdus szentirmaii* sp. nov. *Systematic and applied microbiology*, 28(2), 115-122.
- Lewis, E. E., Campbell, J., Griffin, C., Kaya, H., & Peters, A. (2006). Behavioral ecology of entomopathogenic nematodes. *Biological control*, 38(1), 66-79.
- Lewis, E. E., & Gaugler, R. (1994). Entomopathogenic nematode (Rhabdita: Steinernematidae) sex ratio relates to foraging strategy. *Journal of Invertebrate Pathology*, 64(3), 238-242.
- Lewis, E.E., Grewal, P.S., Sardanelli, (2001). Interactions between the *Steinernema feltiae*–*Xenorhabdus bovienii* insect pathogen complex and the root-knot nematode *Meloidogyne incognita*. *Biol. Control* 21, 56–62.
- Liu, J., & Berry, R. E. (1996). Phylogenetic analysis of the genus *Steinernema* by morphological characters and randomly amplified polymorphic DNA fragments. *Fundamental and Applied Nematology*, 19(5), 463-470.

- Liu, J., Berry, R., Poinar, G., & Moldenke, A. (1997). Phylogeny of *Photorhabdus* and *Xenorhabdus* species and strains as determined by comparison of partial 16S rRNA gene sequences. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 47(4), 948-951.
- Loker, E. S. (1994). On being a parasite in an invertebrate host: a short survival course. *The Journal of parasitology*, 728-747.
- Lortkipanidze, M., Hwseynov, K., Kokhia, M., Gorgadze, O., & Kuchava, M. (2019). Effect of temperature on the virulence of entomopathogenic nematodes. *Advances in Ecological and Environmental Research*, 32-38.
- Machado, R. A., Bhat, A. H., Abolafia, J., Muller, A., Bruno, P., Fallet, P., ... & Toepfer, S. (2021). Multi-locus phylogenetic analyses uncover species boundaries and reveal the occurrence of two new entomopathogenic nematode species, n. sp. and n. sp. *Journal of Nematology*, 53(1), 1-42.
- Malan, A. P., Knoetze, R., & Tiedt, L. (2014). *Heterorhabditis noenieputensis* n. sp. (Rhabditida: Heterorhabditidae), a new entomopathogenic nematode from South Africa. *Journal of Helminthology*, 88(2), 139-151.
- Manachini, B., Schillaci, D., & Arizza, V. (2013). Biological responses of *Rhynchophorus ferrugineus* (coleoptera: Curculionidae) to *Steinernema carpocapsae* (nematoda: Steinernematidae). *Journal of economic entomology*, 106(4), 1582-1589.
- Maneesakorn, P., An, R., Daneshvar, H., Taylor, K., Bai, X., Adams, B. J., ... & Chandrapatya, A. (2011). Phylogenetic and cophylogenetic relationships of entomopathogenic nematodes (*Heterorhabditis*: Rhabditida) and their symbiotic bacteria (*Photorhabdus*: Enterobacteriaceae). *Molecular phylogenetics and evolution*, 59(2), 271-280.
- Mastore, M., Arizza, V., Manachini, B., & Brivio, M. F. (2015). Modulation of immune responses of *Rhynchophorus ferrugineus* (Insecta: Coleoptera) induced by the entomopathogenic nematode *Steinernema carpocapsae* (Nematoda: Rhabditida). *Insect science*, 22(6), 748-760.
- Millar, L. C., & Barbercheck, M. E. (2001). Interaction between endemic and introduced entomopathogenic nematodes in conventional-till and no-till corn. *Biological Control*, 22(3), 235-245.
- Miranda, V. A., Navarro, P. D., Davidowitz, G., Bronstein, J., & Stock, S. P. (2013). Effect of insect host age and diet on the fitness of the entomopathogenic nematode-bacteria mutualism. *Symbiosis*, 61, 145-153.
- Morales, N., Morales-Montero, P., Puza, V., & San-Blas, E. (2017). First Report of *Heterorhabditis amazonensis* from Venezuela and Characterization of Three Populations. *Journal of Nematology*, 48(3), 139-147.

- Mráček, Z., Bečvář, S., & Kindlmann, P. (1999). Survey of entomopathogenic nematodes from the families Steinernematidae and Heterorhabditidae (Nematoda: Rhabditida) in the Czech Republic. *Folia parasitologica*, 46(4), 145-148.
- Mráček, Z., Bečvář, S., Kindlmann, P., & Jersáková, J. (2005). Habitat preference for entomopathogenic nematodes, their insect hosts and new faunistic records for the Czech Republic. *Biological Control*, 34(1), 27-37.
- Mráček, Z., & Webster, J. M. (1993). Survey of heterorhabditidae and steinernematidae (Rhabditida, Nematoda) in Western Canada. *Journal of Nematology*, 25(4), 710.
- Navarro, P. D., McMullen II, J. G., & Stock, S. P. (2014). Interactions between the entomopathogenic nematode *Heterorhabditis sonorensis* (Nematoda: Heterorhabditidae) and the saprobic fungus *Fusarium oxysporum* (Ascomycota: Hypocreales). *Journal of invertebrate pathology*, 115, 41-47.
- Nei, M., & Kumar, S. (2000). *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford University Press, USA.
- Nguyen, K. B. (2007). Methodology, morphology and identification. In *Entomopathogenic nematodes: systematics, phylogeny and bacterial symbionts* (pp. 59-119). Brill.
- Nguyen, K. B., Maruniak, J., & Adams, B. J. (2001). Diagnostic and phylogenetic utility of the rDNA internal transcribed spacer sequences of *Steinernema*. *Journal of Nematology*, 33(2-3), 73.
- Nguyen, K., Shapiro-Ilan, D., & Mbata, G. (2008). *Heterorhabditis georgiana* n. sp. (Rhabditida: Heterorhabditidae) from Georgia, USA. *Nematology*, 10(3), 433-448.
- Nickle, W. R. (1984). *Plant and insect nematodes*. New York: Marcel Decker.
- Noujeim, E., Rehayem, M., & Nemer, N. (2015). Comparison of indigenous and exotic entomopathogenic nematode strains for control of the cedar web-spinning sawfly, *Cephalcia tannourinensis* in vitro. *Biocontrol Science and Technology*, 25(7), 843-851.
- Ogier, J. C., Akhurst, R., Boemare, N., & Gaudriault, S. (2023). The endosymbiont and the second bacterial circle of entomopathogenic nematodes. *Trends in Microbiology*.
- Ogier, J. C., Pagès, S., Frayssinet, M., & Gaudriault, S. (2020). Entomopathogenic nematode-associated microbiota: from monoxenic paradigm to pathobiome. *Microbiome*, 8, 1-17.
- Özdemir, E., Bayram, Ş., & Susurluk, I. A. (2020). First Record of the entomopathogenic nematode *Steinernema litorale* (Filipjev)(Rhabditida: Steinernematidae) and its symbiotic bacterium from Turkey, and its efficacy capability. *Insects*, 11(3), 144.

- Park, Y., Herbert, E. E., Cowles, C. E., Cowles, K. N., Menard, M. L., Orchard, S. S., & Goodrich-Blair, H. (2007). Clonal variation in *Xenorhabdus nematophila* virulence and suppression of *Manduca sexta* immunity. *Cellular microbiology*, 9(3), 645-656.
- Pathak, E., El-Borai, F. E., Campos-Herrera, R., Johnson, E. G., Stuart, R. J., Graham, J. H., & Duncan, L. W. (2012). Use of real-time PCR to discriminate parasitic and saprophagous behaviour by nematophagous fungi. *Fungal biology*, 116(5), 563-573.
- Peat, S. M., & Adams, B. J. (2008). Natural selection on the luxA gene of bioluminescent bacteria. *Symbiosis* 46(2):101-108.
- Peat, S. M., Waterfield, N. R., Marokházi, J., Fodor, A., & Adams, B. J. (2010). A robust phylogenetic framework for the bacterial genus *Photorhabdus* and its use in studying the evolution and maintenance of bioluminescence: a case for 16S, gyrB, and glnA. *Molecular phylogenetics and evolution*, 57(2), 728-740.
- Pérez E.E., and E.E. Lewis. (2004). Suppression of *Meloidogyne incognita* and *Meloidogyne hapla* with entomopathogenic nematodes on greenhouse peanuts and tomatoes. *Biological Control* 30:336-341.
- Peters, A. (1996). The natural host range of *Steinernema* and *Heterorhabditis* spp. and their impact on insect populations. *Biocontrol science and technology*, 6(3), 389-402.
- Peters, A., & Ehlers, R. U. (1994). Susceptibility of leatherjackets (*Tipula paludosa* and *Tipula oleracea*; Tipulidae; Nematocera) to the entomopathogenic nematode *Steinernema feltiae*. *Journal of Invertebrate Pathology*, 63(2), 163-171.
- Piedra-Buena, A., López-Cepero, J., & Campos-Herrera, R. (2015). Entomopathogenic nematode production and application: regulation, ecological impact and non-target effects. In *Nematode Pathogenesis of Insects and Other Pests: Ecology and Applied Technologies for Sustainable Plant and Crop Protection* (pp. 255-282). Cham: Springer International Publishing.
- Poinar Jr, G. O. (1975). Description and biology of a new insect parasitic Rhabditoid, *Heterorhabditis bacteriophora* N. Gen., N. Sp. (Rhabditida; Heterorhabditidae N. Fam.). *Nematologica.*, 21(4), 463-470.
- Poinar GO., Jr. (1981). The natural history of nematodes. Englewood Cliffs, NJ, USA, Prentice Hall.
- Poinar Jr, G. O. (1990). Taxonomy and biology of Steinernematidae and Heterorhabditidae. *Entomopathogenic nematodes in biological control*, 54.
- Poinar Jr, G. O., & Kozodoi, E. M. (1988). *Neoplectana glaseri* and *N. anomali*: sibling species or parallelism. *Revue de nématologie*, 11(1), 13-19.
- Poinar G.O. Jr., 1993 – Origins and phylogenetic relationships of the entomophilic rhabditids, *Heterorhabditis* and *Steinernema*. - *Fund. Appl. Nematol.*, 16: 332-338.

- Poinar, G. O. (2011). *The evolutionary history of nematodes: as revealed in stone, amber and mummies* (Vol. 9). Brill.
- Portillo-Aguilar, C., Villani, M. G., Tauber, M. J., Tauber, C. A., & Nyrop, J. P. (1999). Entomopathogenic nematode (Rhabditida: Heterorhabditidae and Steinernematidae) response to soil texture and bulk density. *Environmental Entomology*, 28(6), 1021-1035.
- Powers, T. O., Neher, D. A., Mullin, P., Esquivel, A., Giblin-Davis, R. M., Kanzaki, N., ... & Uribe-Lorio, L. (2009). Tropical nematode diversity: vertical stratification of nematode communities in a Costa Rican humid lowland rainforest. *Molecular ecology*, 18(5), 985-996.
- Powers, T. O., Todd, T. C., Burnell, A. M., Murray, P. C. B., Fleming, C. C., Szalanski, A. L., ... & Harris, T. (1997). The rDNA internal transcribed spacer region as a taxonomic marker for nematodes. *Journal of Nematology*, 29(4), 441.
- Půža, V., & Mráček, Z. (2010). Mechanisms of coexistence of two sympatric entomopathogenic nematodes, *Steinernema affine* and *S. kraussei* (Nematoda: Steinernematidae), in a central European oak woodland soil. *Applied Soil Ecology*, 45(2), 65-70.
- Půža, V., & Mráček, Z. (2010b). Does scavenging extend the host range of entomopathogenic nematodes (Nematoda: Steinernematidae)?. *Journal of invertebrate pathology*, 104(1), 1-3.
- Půža, V., & Nermut, J. (2015). Entomopathogenic nematodes in the Czech Republic: Diversity, occurrence and habitat preferences. In *Nematode Pathogenesis of Insects and Other Pests: Ecology and Applied Technologies for Sustainable Plant and Crop Protection* (pp. 421-429). Cham: Springer International Publishing.
- Qui, L., & Bedding, R. (1999). The relationship between energy metabolism and survival of the infective juveniles of *Steinernema carpocapsae* under unstressed aerobic and anaerobic conditions. *Survival Strategies of Entomopathogenic Nematodes.* "EVR EN report, 18855, 149-156.
- Reid, A.P. (1994). Molecular taxonomy of *Steinernema*. pp. 49-58 in: Burnell, A.M., Ehlers, R.-U. & Masson, J.-P. (Eds), COST 812 Biotechnology: *Genetics of entomopathogenic nematodes-bacterium complexes*. Proceedings of symposium and workshop. St. Patrick's College, Maynooth, Kildare County, Ireland. Luxembourg, European Commission, DG XII.
- Reid, A. P., Hominick, W. M., & Briscoe, B. R. (1997). Molecular taxonomy and phylogeny of entomopathogenic nematode species (Rhabditida: Steinernematidae) by RFLP analysis of the ITS region of the ribosomal DNA repeat unit. *Systematic Parasitology*, 37(3), 187-193.

- Ramalingam, R. K., Sivaramakrishnan, S., & Hazir, S. (2011). Ecological characterisation of *Steinernema siamkayai* (Rhabditida: Steinernematidae), a warm-adapted entomopathogenic nematode isolate from India. *BioControl*, 56, 789-798.
- Ribeiro, C., & Brehélin, M. (2006). Insect haemocytes: what type of cell is that? *Journal of insect physiology*, 52(5), 417-429.
- Ribeiro, C., Duvic, B., Oliveira, P., Givaudan, A., Palha, F., Simoes, N., & Brehélin, M. (1999). Insect immunity—effects of factors produced by a nematobacterial complex on immunocompetent cells. *Journal of Insect Physiology*, 45(7), 677-685.
- Ricci, M., Fifi, A. P., De Bernardis, M., Colli, M., Barcarotti, R., & Ragni, A. (2004). Development of a bio-insecticide based on a cold-active entomopathogenic nematode. *S. Michele all'Adige, Italy*, 27(8), 139.
- Román, J., & Figueroa, W. (1994). *Steinernema puertoricensis* n. sp. (Rhabditida: Steinernematidae), a new entomopathogenic nematode from Puerto Rico. *Journal of Agriculture of the University of Puerto Rico*, 78(3/4), 167-175.
- Rosa, J. S., Bonifassi, E., Amaral, J., Lacey, L. A., Simoes, N., & Laumond, C. (2000). Natural occurrence of entomopathogenic nematodes (Rhabditida: Steinernema, Heterorhabditis) in the Azores. *Journal of Nematology*, 32(2), 215.
- Ruiu, L., Marche, M. G., Mura, M. E., & Tarasco, E. (2022). Involvement of a novel *Pseudomonas protegens* strain associated with entomopathogenic nematode infective juveniles in insect pathogenesis. *Pest Management Science*, 78(12), 5437-5443.
- Ruiu, L., Viridis, B., Mura, M. E., Floris, I., Satta, A., & Tarasco, E. (2017). Oral insecticidal activity of new bacterial isolates against insects in two orders. *Biocontrol Science and Technology*, 27(7), 886-902.
- Saitou, N., & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution*, 4(4), 406-425.
- Sajnaga, E., & Kazimierczak, W. (2020). Evolution and taxonomy of nematode-associated entomopathogenic bacteria of the genera *Xenorhabdus* and *Photorhabdus*: An overview. *Symbiosis*, 80(1), 1-13.
- San-Blas, E., & Gowen, S. R. (2008). Facultative scavenging as a survival strategy of entomopathogenic nematodes. *International Journal for Parasitology*, 38(1), 85-91.
- San-Blas, E., Gowen, S. R., & Pembroke, B. (2008). Scavenging or infection? Possible host choosing by entomopathogenic nematodes. *Nematology*, 10(2), 251-259.
- San-Blas, E., Pembroke, B., & Gowen, S. R. (2012). Scavenging and infection of different hosts by *Steinernema carpocapsae*. *Nematopica*, 123-130.

- Sangeetha, B. G., Jayaprakas, C. A., Siji, J. V., Rajitha, M., Shyni, B., & Mohandas, C. (2016). Molecular characterization and amplified ribosomal DNA restriction analysis of entomopathogenic bacteria associated with Rhabditis (*Oscheius*) spp. *3 Biotech*, *6*, 1-13.
- Shapiro-Ilan, D. I., & Gaugler, R. (2002). Production technology for entomopathogenic nematodes and their bacterial symbionts. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, *28*(3), 137-146.
- Shapiro-Ilan, D. I., Gouge, D. H., & Koppenhöfer, A. M. (2002). Factors affecting commercial success: case studies in cotton, turf and citrus. In *Entomopathogenic nematology* (pp. 333-355). Wallingford UK: CABI publishing.
- Shapiro-Ilan, D. I., Han, R., & Dolinski, C. (2012). Entomopathogenic nematode production and application technology. *Journal of Nematology*, *44*, 206–217.
- Shapiro-Ilan, D., Hazir, S., & Glazer, I. (2017). Basic and applied research: entomopathogenic nematodes. In *Microbial control of insect and mite pests* (pp. 91-105). Academic Press.
- Shapiro-Ilan, D. I., Hiltbold, I., Lewis, E. E., & Hajek, A. E. (2018). Ecology of invertebrate diseases. *Hoboken, New Jersey*.
- Shoemaker, J. S., & Fitch, W. M. (1989). Evidence from nuclear sequences that invariable sites should be considered when sequence divergence is calculated. *Molecular Biology and Evolution*, *6*(3), 270-289.
- Silva, C. P., Waterfield, N. R., Daborn, P. J., Dean, P., Chilver, T., Au, C. P., ... & Ffrench-Constant, R. H. (2002). Bacterial infection of a model insect: *Photorhabdus luminescens* and *Manduca sexta*. *Cellular microbiology*, *4*(6), 329-339.
- Sneath, P. H. A., & Sokal, R. R. (1973). Numerical taxonomy WH freeman and co. *San Francisco*, 1-573.
- Snyder, H., Stock, S. P., Kim, S. K., Flores-Lara, Y., & Forst, S. (2007). New insights into the colonization and release processes of *Xenorhabdus nematophila* and the morphology and ultrastructure of the bacterial receptacle of its nematode host, *Steinernema carpocapsae*. *Applied and environmental microbiology*, *73*(16), 5338-5346.
- Sokal, R. R. (1995). The principles and practice of statistics in biological research. *Biometry*, 451-554.
- Somvanshi, V. S., Lang, E., Ganguly, S., Swiderski, J., Saxena, A. K., & Stackebrandt, E. (2006). A novel species of *Xenorhabdus*, family Enterobacteriaceae: *Xenorhabdus indica* sp. nov., symbiotically associated with entomopathogenic nematode *Steinernema thermophilum* Ganguly and Singh, 2000. *Systematic and applied microbiology*, *29*(7), 519-525.

- Spiridonov, S. E., Moens, M., & Wilson, M. J. (2007). Fine scale spatial distributions of two entomopathogenic nematodes in a grassland soil. *Applied Soil Ecology*, 37(3), 192-201.
- Spiridonov, S.E., Reid, A., Podrucka, K., Subbotin, S. & Moens, M. (2004). Phylogenetic relationships within the genus *Steinernema* (Nematoda: Rhabditida) as inferred from analyses of sequences of the ITS1-5.8 S-ITS2 region of rDNA and morphological features. *Nematology*, 6(4), 547-566.
- Spiridonov, S. E., & Subbotin, S. A. (2016). Phylogeny and phylogeography of *Heterorhabditis* and *Steinernema*. In *Advances in Entomopathogenic Nematode Taxonomy and Phylogeny* (pp. 413-427). Brill.
- Steiner, G. (1923). *Aplectana kraussëi* n. sp., eine in der blattwespe *lyda* sp. parasitierende nematodenform, nebst bemerkungen über das seitenorgan der parasitischen nematoden. G. Fischer.
- Steiner, G. (1929). *Neoplectana glaseri*, ng, n. sp.(Oxyuridae), a new nemtic parasite of the Japanese beetle (*Popillia japonica* Newm.). *Journal of the Washington Academy of Sciences*, 19(19), 436-440.
- Stock, S. P. (2015). Diversity, biology and evolutionary relationships. In *Nematode pathogenesis of insects and other pests: Ecology and applied technologies for sustainable plant and crop protection* (pp. 3-27). Cham: Springer International Publishing.
- Stock, PS., Campbell, J. F., & Nadler, S. A. (2001). Phylogeny of *Steinernema* Travassos, 1927 (Cephalobina: Steinernematidae) inferred from ribosomal DNA sequences and morphological characters. *Journal of Parasitology*, 87(4), 877-889.
- Stock, S. P., Griffin, C. T., & Chaerani, R. (2004). Morphological and molecular characterisation of *Steinernema hermaphroditum* n. sp. (Nematoda: Steinernematidae), an entomopathogenic nematode from Indonesia, and its phylogenetic relationships with other members of the genus. *Nematology*, 6(3), 401-412.
- Stock, S. P., & Blair, H. G. (2008). Entomopathogenic nematodes and their bacterial symbionts: the inside out of a mutualistic association. *Symbiosis* 46(2):65-75.
- Stock, S. P., Pryor, B. M., & Kaya, H. K. (1999). Distribution of entomopathogenic nematodes (Steinernematidae and Heterorhabditidae) in natural habitats in California, USA. *Biodiversity & Conservation*, 8, 535-549.
- Stock, S. P., Strong, D., & Gardner, S. L. (1996). Identification of *Heterorhabditis* (Nematoda, Heterorhabditidae) from California with a New Species Isolated from the Larvae of the Ghost Moth *Hepialis-Californicus* (Lepidoptera, Hepialidae) from the Bodega Bay Natural Reserve. *Fundamental and Applied Nematology*, 19(6).

- Strong, D. R. (2002). 11 Populations of Entomopathogenic Nematodes in Foodwebs. *Entomopathogenic nematology*, 225.
- Strong, D. R. (2007). Spacial ecology of food webs with entomopathogenic nematodes. In *Phytopathology* (Vol. 97, No. 7, pp. S143-S143). 3340 PILOT KNOB ROAD, ST PAUL, MN 55121 USA: AMER PHYTOPATHOLOGICAL SOC.
- Stuart, R. J., & Gaugler, R. (1994). Patchiness in populations of entomopathogenic nematodes. *Journal of Invertebrate Pathology*, 64(1), 39-45.
- Stuart, R. J., Lewis, E. E., & Gaugler, R. (1996). Selection alters the pattern of emergence from the host cadaver in the entomopathogenic nematode, *Steinernema glaseri*. *Parasitology*, 113(2), 183-189.
- Stuart, R. J., Barbercheck, M. E., & Grewal, P. S. (2015). Entomopathogenic nematodes in the soil environment: distributions, interactions and the influence of biotic and abiotic factors. *Nematode Pathogenesis of Insects and Other Pests: Ecology and Applied Technologies for Sustainable Plant and Crop Protection*, 97-137.
- Sturhan, D. (1999). Prevalence and habitat specificity of entomopathogenic nematodes in Germany. In *COST* (Vol. 819, pp. 123-132).
- Sudhaus W., 1993 – Die mittels symbiontischer Bakterien entomopathogenen Nematodengattungen *Heterorhabditis* und *Steinernema* sind keine Schwestertaxa. - *Ver. Deut. Zool. Gesell.*, 86: 146.
- Sun, B., Zhang, X., Song, L., Zheng, L., Wei, X., Gu, X., ... & Ruan, W. (2021). Evaluation of indigenous entomopathogenic nematodes in Southwest China as potential biocontrol agents against (Lepidoptera: Noctuidae). *Journal of Nematology*, 53(1), 1-17.
- Szalanski, A. L., Taylor, D. B., & Mullin, P. G. (2000). Assessing nuclear and mitochondrial DNA sequence variation within *Steinernema* (Rhabditida: Steinernematidae). *Journal of Nematology*, 32(2), 229.
- Tailliez, P., Laroui, C., Ginibre, N., Paule, A., Pagès, S., & Boemare, N. (2010). Phylogeny of *Photorhabdus* and *Xenorhabdus* based on universally conserved protein-coding sequences and implications for the taxonomy of these two genera. Proposal of new taxa: *X. vietnamensis* sp. nov., *P. luminescens* subsp. *caribbeanensis* subsp. nov., *P. luminescens* subsp. *hainanensis* subsp. nov., *P. temperata* subsp. *khanii* subsp. nov., *P. temperata* subsp. *tasmaniensis* subsp. nov., and the reclassification of *P. luminescens* subsp. *thracensis* as *P. temperata* subsp. *thracensis* comb. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 60(8), 1921-1937.
- Tamura, K., Nei, M., & Kumar, S. (2004). Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(30), 11030-11035.

- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027.
- Tan, L., & Grewal, P. S. (2001). Pathogenicity of *Moraxella osloensis*, a bacterium associated with the nematode *Phasmarhabditis hermaphrodita*, to the slug *Deroceras reticulatum*. *Applied and environmental microbiology*, 67(11), 5010-5016.
- Tarasco E., Clausi M., Panzavolta T., Curto G., Rappazzo G., Vernile P., Longo A., Leone D., Vinciguerra M.T., Tiberi R., Triggiani O. (2010). An outlook on Italian EPN biodiversity. In: *abstract. Trabzon, 11-15 luglio 2010*, vol. abstract, p. 89.
- Tarasco, E., Clausi, M., Rappazzo, G., Panzavolta, T., Curto, G., Sorino, R., ... & Triggiani, O. (2015). Biodiversity of entomopathogenic nematodes in Italy. *Journal of Helminthology*, 89(3), 359-366.
- Tarasco, E., Clausi, M., Rappazzo, G., Vinciguerra, M., Longo, A., & Triggiani, O. (2009). Could Italy be considered a favorite place in Europe for EPN biodiversity. *IOBC-WPRS Bulletin*, 45, 387-389.
- Tarasco, E., Mráček, Z., Nguyen, K. B., & Triggiani, O. (2008). *Steinernema ichnusae* sp. n. (Nematoda: Steinernematidae) a new entomopathogenic nematode from Sardinia Island (Italy). *Journal of Invertebrate Pathology*, 99(2), 173-185.
- Tarasco, E., & Triggiani, O. (1997). Survey of *Steinernema* and *Heterorhabditis* (Rhabditida: Nematoda) in Southern Italian soils. *Entomologica*, 31, 117-123.
- Tarasco, E., & Triggiani, O. (2007). Entomopathogenic nematodes and forest insects in Italy. *IOBC WPRS BULLETIN*, 30(1), 63.
- Tarasco, E., & Triggiani, O. (2010). Occurrence of entomopathogenic nematodes and fungi in oak wood soils from southern Italy. *Occurrence of entomopathogenic nematodes and fungi in oak wood soils from southern Italy.*, 57, 85-86.
- Tarasco, E., Triggiani, O., Lieutier, F., & Ghaioule, D. (2005). Entomopathogenic nematodes of forest habitats in Southern Italy and their pathogenicity for overwintering larvae of *Thaumetopoea pityocampa* (Den. et Schiff.) (Lepidoptera, Thaumetopoeidae). *Entomological Research in Mediterranean Forest Ecosystems. Institut national de la recherche agronomique (INRA, Paris, France), Editions Quae*, 257-263.
- Tarasco, E., Triggiani, O., Sai, K., & Zamoum, M. (2009b). Survey of entomopathogenic nematodes in Algerian soils and their activity at different temperatures. *Frustula Entomologica*, 32, 31-42.
- Tavaré, S. (1986). Some probabilistic and statistical problems on the analysis of DNA sequence. *Lecture of Mathematics for Life Science*, 17, 57.

- Therese, M. O., & Bashey, F. (2012). Natal-host environmental effects on juvenile size, transmission success, and operational sex ratio in the entomopathogenic nematode *Steinernema carpocapsae*. *The Journal of parasitology*, 98(6), 1095-1100.
- Thomas, G. M., & Poinar JR, G. O. (1979). *Xenorhabdus* gen. nov., a genus of entomopathogenic, nematophilic bacteria of the family Enterobacteriaceae. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 29(4), 352-360.
- Thomas, G. M., & Poinar JR, G. O. (1983). Amended description of the genus *Xenorhabdus* Thomas and Poinar. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 33(4), 878-879.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic acids research*, 22(22), 4673-4680.
- Tojo, S., Naganuma, F., Arakawa, K., & Yokoo, S. (2000). Involvement of both granular cells and plasmatocytes in phagocytic reactions in the greater wax moth, *Galleria mellonella*. *Journal of Insect Physiology*, 46(7), 1129-1135.
- Torr, P., Heritage, S., & Wilson, M. J. (2007). *Steinernema kraussei*, an indigenous nematode found in coniferous forests: efficacy and field persistence against *Hylobius abietis*. *Agricultural and Forest Entomology*, 9(3), 181-188.
- Torrini, G., Paoli, F., Mazza, G., Simoncini, S., Benvenuti, C., Strangi, A., ... & Marianelli, L. (2020). Evaluation of indigenous entomopathogenic nematodes as potential biocontrol agents against *Popillia japonica* (Coleoptera: Scarabaeidae) in Northern Italy. *Insects*, 11(11), 804.
- Touray, M., Gulcu, B., Ulug, D., Gulsen, S. H., Cimen, H., Kaya, H. K., ... & Hazir, S. (2020). Evaluation of different sponge types on the survival and infectivity of stored entomopathogenic nematodes. *Journal of invertebrate pathology*, 171, 107332.
- Travassos, L. (1927a). Sobre o genero *Oxysomatium*. *Boletim Biologico, Sao Paulo* 5, 20-21.
- Travassos L. (1927b). Uma nova capillaria parasita de peixes be agua doce: *Capillaria sentinosa* n. sp. *Boletim Biologico, Sao Paulo* 10, 215-217.
- Travassos, L. (1932). Uma nova especie do genero *Neoaplectana* Steiner, 1929 (Nematoda). *Boletín Biológico*, 19, 150-154.
- Triggiani, O., Mráček, Z. D. E. N. E. K., & Reid, A. (2004). *Steinernema apuliae* sp. n. (Rhabditida: Steinernematidae): a new entomopathogenic nematode from southern Italy. *Zootaxa*, 460(1), 1-12.

- Valadas, V., Laranjo, M., Mota, M., & Oliveira, S. (2014). A survey of entomopathogenic nematode species in continental Portugal. *Journal of Helminthology*, 88(3), 327-341.
- van Megen, H., van den Elsen, S., Holterman, M., Karssen, G., Mooyman, P., Bongers, T., Holovachov, Bakker J. & Helder, J. (2009). A phylogenetic tree of nematodes based on about 1200 full-length small subunit ribosomal DNA sequences. *Nematology*, 11(6), 927-950.
- Vinciguerra, M. T., & Clausi, M. (2006). Biological control of chestnut insect pests by means of entomopathogenic nematodes. *Advances in Horticultural Science*, 40-44.
- Vrain, T. C., Wakarchuk, D. A., Levesque, A. C., & Hamilton, R. I. (1992). Intraspecific rDNA restriction fragment length polymorphism in the *Xiphinema americanum* group. *Fundamental and applied Nematology*, 15(6), 563-573.
- Wang, Y., & Jiang, H. (2004). Prophenoloxidase (proPO) activation in *Manduca sexta*: an analysis of molecular interactions among proPO, proPO-activating proteinase-3, and a cofactor. *Insect biochemistry and molecular biology*, 34(8), 731-742.
- Webster, J. M., Chen GenHui, C. G., Hu KaiJi, H. K., & Li JianXiong, L. J. (2002). Bacterial metabolites. In *Entomopathogenic nematology* (pp. 99-114). Wallingford UK: CABI publishing.
- Weiser, J. (1955). *Neoaplectana carpocapsae* n. sp. (Anguillulata, Steinernematinae), nový cizopasník housenek obalece jablecného, *Carpocapsa pomonella* L. *Vestník Československe Spolecnosti Zoologicke*, 19(1), 44-52.
- Willmott, D. M., Hart, A. J., Long, S. J., Edmondson, R. N., & Richardson, P. N. (2002). Use of a cold-active entomopathogenic nematode *Steinernema kraussei* to control overwintering larvae of the black vine weevil *Otiorhynchus sulcatus* (Coleoptera: Curculionidae) in outdoor strawberry plants. *Nematology*, 4(8), 925-932.
- Wilson, M. J., Glen, D. M., George, S. K., & Pearce, J. D. (1995). Selection of a bacterium for the mass production of *Phasmarhabditis hermaphrodita* (Nematoda: Rhabditidae) as a biocontrol agent for slugs. *Fundamental and Applied Nematology*, 18(5), 419-426.
- Woodring, J. L., & Kaya, H. K. (1988). Steinernematid and heterorhabditid nematodes: a handbook of biology and techniques. *Southern cooperative series bulletin (USA)*.
- Wouts, W. M., Mráček, Z., Gerdin, S., & Bedding, R. A. (1982). *Neoaplectana* STEINER, 1929 a junior synonym of *Steinernema* TRAVASSOS, 1927 (Nematoda; Rhabditida). *Systematic Parasitology*, 4(2), 147-154.
- XUE, C. B., LUO, W. C., CHEN, Q. X., Wang, Q. I. N., & KE, L. N. (2006). Enzymatic properties of phenoloxidase from *Pieris rapae* (Lepidoptera) larvae. *Insect Science*, 13(4), 251-256.

- Yang, Z. (1994). Maximum likelihood phylogenetic estimation from DNA sequences with variable rates over sites: approximate methods. *Journal of Molecular evolution*, 39, 306-314.
- Ye, W., Torres-Barragan, A., & Cardoza, Y. J. (2010). *Oscheius carolinensis* n. sp. (Nematoda: Rhabditidae), a potential entomopathogenic nematode from vermicompost. *Nematology*, 12(1), 121-135.
- Yoshida, M. (2004). *Steinernema litorale* n. sp. (Rhabditida: Steinernematidae), a new entomopathogenic nematode from Japan. *Nematology*, 6(6), 819-838.
- Yuksel, E., & Canhilal, R. (2019). Isolation, identification, and pathogenicity of entomopathogenic nematodes occurring in Cappadocia Region, Central Turkey. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 29(1), 1-7.
- Yushin, V. V., Yoshida, M., & Spiridonov, S. E. (2007). Riders on the sperm: sperm dimorphism and spermatzeugmata in nematodes from the genus *Steinernema* (Rhabditida: Steinernematidae). *Nematology*, 9(1), 61-75.
- Zaiontz, C. (2013). Real Statistics resource pack. Available: www.real-statistics.com/free-download/real-statistics-resource-pack/. (September 2016).
- Zeini, G. H., AboKaf, N., Al-Body, M., & Mofleh, M. (2019). Molecular characterization of several isolates of entomopathogenic nematode *Heterorhabditis bacteriophora* Poinar (Rhabditida, Heterorhabditidae) from soil of citrus orchards in Lattakia, Syria. *SSRG Int J Agric Environ Sci*, 7, 70-74.
- Zhang, K. Y., Liu, X. H., Tan, J., Wang, Y., Qiao, L., Yedid, G., ... & Gao, G. F. (2012). *Heterorhabditidoides rugaoensis* n. sp. (Rhabditida: Rhabditidae), a novel highly pathogenic entomopathogenic nematode member of Rhabditidae. *Journal of nematology*, 44(4), 348.
- Zhang, C., Liu, J., Xu, M., Sun, J., Yang, S., An, X., ... & Zhang, K. (2008). *Heterorhabditidoides chongmingensis* gen. nov., sp. nov. (Rhabditida: Rhabditidae), a novel member of the entomopathogenic nematodes. *Journal of invertebrate pathology*, 98(2), 153-168.
- Zhang, C. X., Yang, S. Y., Xu, M. X., Sun, J., Liu, H., Liu, J. R., ... & Zhang, K. Y. (2009). *Serratia nematodiphila* sp. nov., associated symbiotically with the entomopathogenic nematode *Heterorhabditidoides chongmingensis* (Rhabditida: Rhabditidae). *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 59(7), 1603-1608.
- Zhou, X., Kaya, H. K., Heungens, K., & Goodrich-Blair, H. (2002). Response of ants to a deterrent factor (s) produced by the symbiotic bacteria of entomopathogenic nematodes. *Applied and Environmental Microbiology*, 68(12), 6202-6209.

APPENDICE

SCHEDE DI CAMPIONAMENTO

N.B. In giallo i campioni risultati positivi per gli Steinernematidi, in rosso quelli per gli Heterorhabditidi. Le righe con ambedue le colorazioni indicano il rinvenimento di entrambi. Le schede sono riportate in ordine alfabetico delle province.

Parco dei Monti Sicani (AG) – N. 10 campioni

Data : 10/03/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
AG-MS1	Monti Sicani - AG	N.: 37,606485	T. est.: 13,1	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,328991	T. terr.: 10,3			
AG-MS2	Monti Sicani - AG	N.: 37,606611	T. est.: 13,1	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,329149	T. terr.: 10,3			
AG-MS3	Monti Sicani - AG	N.: 37,606956	T. est.: 13,1	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,329539	T. terr.: 10,3			
AG-MS4	Monti Sicani - AG	N.: 37,606767	T. est.: 12,8	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,329232	T. terr.: 10,3			
AG-MS5	Monti Sicani - AG	N.: 37,606780	T. est.: 12,8	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,329382	T. terr.: 10,3			
AG-MS6	Monti Sicani - AG	N.: 37,607026	T. est.: 13,0	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,329589	T. terr.: 10,3			
AG-MS7	Monti Sicani - AG	N.: 37,606953	T. est.: 12,8	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,329687	T. terr.: 10,3			
AG-MS8	Monti Sicani - AG	N.: 37,607076	T. est.: 13,0	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,329743	T. terr.: 10,3			
AG-MS9	Monti Sicani - AG	N.: 37,607022	T. est.: 13,1	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,329756	T. terr.: 10,3			
AG-MS10	Monti Sicani - AG	N.: 37,607126	T. est.: 13,0	Argilloso	Querceta + roveto	
		E.: 13,330025	T. terr.: 10,3			

Riserva Naturale Biviere di Gela (CL) – N. 10 campioni

Data : 24/03/2022

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CL-BG1	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,025311 E.: 14,595136	T. est.: 20,9 T. terr.: 11,9	Argilloso/sabbioso	Tamerici	
CL-BG2	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,025619 E.: 14,341114	T. est.: 19,7 T. terr.: 14,3	Argilloso/sabbioso	Tamerici/Canne	
CL-BG3	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,024858 E.: 14,341313	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,6	Argilloso/sabbioso	Tamerici	
CL-BG4	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,024771 E.: 14,340835	T. est.: 19,6 T. terr.: 15,3	Argilloso/sabbioso	Tamerici	
CL-BG5	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,024882 E.: 14,340583	T. est.: 19,8 T. terr.: 13,5	Argilloso/sabbioso	Tamerici/Acanto	
CL-BG6	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,024668 E.: 14,346465	T. est.: 19,5 T. terr.: 14,4	Argilloso/sabbioso	Ulivi	Area attrezzata
CL-BG7	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,024670 E.: 14,346465	T. est.: 19,5 T. terr.: 14,4	Argilloso/sabbioso	Ulivi	Area attrezzata
CL-BG8	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,024673 E.: 14,346466	T. est.: 19,5 T. terr.: 14,3	Argilloso/sabbioso	Ulivi	Area attrezzata
CL-BG9	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,024880 E.: 14,346852	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,0	Argilloso/sabbioso	Geraniaceae	Area attrezzata
CL-BG10	Biviere di Gela (CL)	N.: 37,024883 E.: 14,346831	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,0	Argilloso/sabbioso	Geraniaceae/Tamerici	Area attrezzata

Ponte cinque rchi (CL) – N. 10 campioni

Data : 25/05/2022

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CL-PCA1	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,603056	T. est.: 25,6	Argilloso	Incolto - Frumento	
		E.: 14,124900	T. terr.: 28,8			
CL-PCA2	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,603059	T. est.: 25,6	Argilloso	Incolto - Ferula	
		E.: 14,129893	T. terr.: 28,8			
CL-PCA3	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,603052	T. est.: 25,6	Argilloso	Incolto - Avena	
		E.: 14,129896	T. terr.: 28,8			
CL-PCA4	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,60600425	T. est.: 24,2	Argilloso	Coltivo - Avena	
		E.: 14,129174	T. terr.: 32,2			
CL-PCA5	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,600426	T. est.: 24,2	Argilloso	Coltivo - Avena	
		E.: 14,129176	T. terr.: 32,2			
CL-PCA6	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,600438	T. est.: 24,2	Argilloso	Coltivo - Avena	
		E.: 14,129165	T. terr.: 32,2			
CL-PCA7	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,600150	T. est.: 23,5	Argilloso	Incolto - Frumento	
		E.: 14,128912	T. terr.: 32,0			
CL-PCA8	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,600161	T. est.: 23,5	Argilloso	Incolto - Frumento	
		E.: 14,128912	T. terr.: 32,0			
CL-PCA9	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,600126	T. est.: 23,5	Argilloso	Incolto - Frumento	
		E.: 14,128919	T. terr.: 32,0			
CL-PCA10	Ponte cinque archi (CL)	N.: 37,600167	T. est.: 23,5	Argilloso	Incolto - Frumento	
		E.: 14,128922	T. est.: 32,0			

Piano della Lepre (Etna, CT) – N. 20 campioni

Data : 19/11/2019

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CT-EPL1	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691389	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032819	T. terr.: 12,7			
CT-EPL2	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691398	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032808	T. terr.: 12,7			
CT-EPL3	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691399	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032786	T. terr.: 12,7			
CT-EPL4	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691403	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032771	T. terr.: 12,7			
CT-EPL5	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691402	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032744	T. terr.: 12,7			
CT-EPL6	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691440	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032774	T. terr.: 12,7			
CT-EPL7	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691441	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032695	T. terr.: 12,7			
CT-EPL8	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691410	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032584	T. terr.: 12,7			
CT-EPL9	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691520	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032549	T. terr.: 12,7			
CT-EPL10	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691544	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,032559	T. terr.: 12,7			

CT-EPL11	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691243	T. est.: 20,2	Franco sabbioso	Ginestra	
		E.: 15,033207	T. terr.: 13,7			
CT-EPL12	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691239	T. est.: 20,2	Franco sabbioso	Ginestra	
		E.: 15,033254	T. terr.: 13,7			
CT-EPL13	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691485	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,033717	T. terr.: 12,7			
CT-EPL14	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691495	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,033740	T. terr.: 12,7			
CT-EPL15	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691497	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,033708	T. terr.: 12,7			
CT-EPL16	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691527	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,033715	T. terr.: 12,7			
CT-EPL17	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691508	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,033744	T. terr.: 12,7			
CT-EPL18	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,691482	T. est.: 19,7	Franco sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,033690	T. terr.: 12,7			
CT-EPL19	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,690305	T. est.: 18,8	Franco sabbioso	Prateria	
		E.: 15,035950	T. terr.: 12,4			
CT-EPL20	Piano della Lepre (Etna, CT)	N.: 37,690322	T. est.: 18,8	Franco sabbioso	Prateria	
		E.: 15,035005	T. terr.: 12,4			

Piano Vetore (Etna, CT) – N. 20 campioni

Data : 29/04/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CT-EPV1	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV2	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV3	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV4	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV5	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV6	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV7	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV8	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV9	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			
CT-EPV10	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685	T. est.: 19,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 14,981358	T. terr.: 12,7			

CT-EPV11	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 20,2 T. terr.: 13,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV12	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 20,2 T. terr.: 13,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV13	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 19,7 T. terr.: 12,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV14	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 19,7 T. terr.: 12,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV15	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 19,7 T. terr.: 12,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV16	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 19,7 T. terr.: 12,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV17	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 19,7 T. terr.: 12,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV18	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 19,7 T. terr.: 12,7	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV19	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 18,8 T. terr.: 12,4	Sabbioso	Prateria/steppa	
CT-EPV20	Piano Vetore, Etna (CT)	N.: 37,693685 E.: 14,981358	T. est.: 18,8 T. terr.: 12,4	Sabbioso	Prateria/steppa	

Monte Spagnolo (Etna, CT) – N. 20 campioni

Data : 22/11/2019

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CT-MSP1	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP2	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP3	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP4	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP5	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP6	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP7	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP8	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP9	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
CT-MSP10	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557 E.: 14,952864	T. est.: 19,5 T. terr.: 12,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	

CT-MSP11	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP12	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP13	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP14	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP15	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP16	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP17	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP18	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP19	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			
CT-MSP20	Monte Spagnolo (Etna, CT)	N.: 37,825557	T. est.: 19,5	Sabbioso/argilloso	Faggeta	
		E.: 14,952864	T. terr.: 12,5			

Bosco Ragabo (Etna, CT) – N. 10 campioni

Data : 26/04/2022

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CT-PR1	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,810858	T. est.: 14,7	Franco sabbioso	Querce/Pineta	
		E.: 15,073596	T. terr.: 13,2			
CT-PR2	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,8118826	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta	
		E.: 15,0725596	T. terr.: 8,7			
CT-PR3	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,812048	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta/Castagni	
		E.: 17,072105	T. terr.: 9,5			
CT-PR4	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,812271	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta/Faggi	
		E.: 15,071001	T. terr.: 9,6			
CT-PR5	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,812322	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta/Faggi	
		E.: 15,070915	T. terr.: 8,1			
CT-PR6	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,812337	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta/Faggi	
		E.: 15,071326	T. terr.: 8,3			
CT-PR7	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,812207	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta/Castagni	
		E.: 15,070084	T. terr.: 10,4			
CT-PR8	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,812083	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta/Castagni	
		E.: 15,070099	T. terr.: 10,1			
CT-PR9	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,810356	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta/Querce	
		E.: 14,074188	T. terr.: 12,3			
CT-PR10	Pineta Ragabo (Linguaglossa, Etna, CT)	N.: 37,810396	T. est.: 15,8	Franco sabbioso	Pineta	
		E.: 15,074011	T. terr.: 10,2			

Boschetto della Plaia (CT) – N. 10 campioni

Data : 30/12/2020

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CT-BP1	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,47747278	T.est.: 10,1	Sabbioso/argilloso	Tamerici, rovetto	Alle spalle del laghetto
		E.: 15,08118756	T. terr.: 10,5			
CT-BP2	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,47747278	T.est.: 10,1	Sabbioso/argilloso	Tamerici, rovetto	Alle spalle del laghetto
		E.: 15,08118756	T. terr.: 10,5			
CT-BP3	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,47747278	T.est.: 10,1	Sabbioso/argilloso	Tamerici, rovetto	Alle spalle del laghetto
		E.: 15,08118756	T. terr.: 10,5			
CT-BP4	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,47743699	T.est.: 10,1	Sabbioso/argilloso	Tamerici, rovetto	Alle spalle del laghetto
		E.: 15,08130935	T. terr.: 9,4			
CT-BP5	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,47743699	T.est.: 10,1	Sabbioso/argilloso	Tamerici, rovetto	Alle spalle del laghetto
		E.: 15,08130935	T. terr.: 9,4			
CT-BP6	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,47743699	T.est.: 10,1	Sabbioso/argilloso	Tamerici, rovetto	Alle spalle del laghetto
		E.: 15,08130935	T. terr.: 9,4			
CT-BP7	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,4780453	T. est.: 10	Sabbioso/argilloso	Prateria	Vicino costruzione
		E.: 15,08173523	T. terr.: 10,4			
CT-BP8	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,4779736	T. est.: 10	Sabbioso/argilloso	Acacia	Vicino panchine, molta lettiera
		E.: 15,0818898	T. terr.: 14,1			
CT-BP9	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,478143	T. est.: 10	Sabbioso/argilloso	Prateria	Verso l'ingresso
		E.: 15,08171193	T. terr.: 9,2			
CT-BP10	Boschetto della Plaia (Catania)	N.: 37,4781782	T. est.: 10	Sabbioso/argilloso	Prateria	Verso l'ingresso
		E.: 15,08177589	T. terr.: 9,2			

Foce del fiume Gornalunga – N. 10 campioni

Data : 30/12/2020

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CT-FFG1	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,3859688	T. est.: 17,9	Sabbioso	Canneto	Sponda Nord del lago
		E.: 15,089883567	T. terr.: 10,4			
CT-FFG2	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,38606394	T. est.: 17,9	Sabbioso	Canneto	Sponda Nord del lago
		E.: 15,08975093	T. terr.: 11			
CT-FFG3	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,3860253	T. est.: 16	Sabbioso	Vegetazione alofila e psammofila	Sponda Nord del lago
		E.: 15,08985302	T. terr.: 9			
CT-FFG4	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,3858333	T. est.: 16,1	Sabbioso	Canneto	Sponda Nord del lago
		E.: 15,0897222	T. terr.: 10,4			
CT-FFG5	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,3858333	T. est.: 16,1	Sabbioso	Canneto	Sponda Nord del lago
		E.: 15,0897222	T. terr.: 10,4			
CT-FFG6	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,3858333	T. est.: 16,1	Sabbioso	Canneto	Sponda Nord del lago
		E.: 15,0897222	T. terr.: 10,3			
CT-FFG7	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,38883604	T. est.: 17,2	Sabbioso/argilloso	Pini, tamerici, acacia	Zone retrodunali verso Villaggio Primosole II
		E.: 15,08974163	T. terr.: 12,9			
CT-FFG8	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,38885649	T. est.: 17,2	Sabbioso	Pini, tamerici, acacia	Zone retrodunali verso Villaggio Primosole II
		E.: 15,08971958	T. terr.: 13,3			
CT-FFG9	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,3890756	T. est.: 17,2	Sabbioso	Tamerici, acacia	Zone retrodunali verso Villaggio Primosole II
		E.: 15,08987373	T. terr.: 12,4			
CT-FFG10	Foce Fiume Gornalunga	N.: 37,38913201	T. est.: 17,2	Sabbioso	Tamerici, acacia	Zone retrodunali verso Villaggio Primosole II
		E.: 15,08991413	T. terr.: 12,4			

Villaggio Primosole II – N. 10 campioni

Data : 30/12/2020

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CT-VPS1	Villaggio Primosole II	N.: 37,39092486	T. est.: 18,5	Sabbioso	Acacia	
		E.: 15,08919957	T. terr.: 11,8			
CT-VPS2	Villaggio Primosole II	N.: 37,39103572	T. est.: 18,5	Sabbioso/argilloso	Acacia	
		E.: 15,08933603	T. terr.: 13			
CT-VPS3	Villaggio Primosole II	N.: 37,39095537	T. est.: 18,5	Sabbioso/argilloso	Acacia	
		E.: 15,08932387	T. terr.: 14,1			
CT-VPS4	Villaggio Primosole II	N.: 37,39109157	T. est.: 18,2	Sabbioso	Pineta	
		E.: 15,08909672	T. terr.: 13,9			
CT-VPS5	Villaggio Primosole II	N.: 37,39119626	T. est.: 18,2	Sabbioso	Pineta	
		E.: 15,08904895	T. terr.: 14,4			
CT-VPS6	Villaggio Primosole II	N.: 37,39118763	T. est.: 18,2	Sabbioso	Pineta	
		E.: 15,08898944	T. terr.: 13,4			
CT-VPS7	Villaggio Primosole II	N.: 37.390894	T. est.: 18	Sabbioso/argilloso		
		E.: 15.089121	T. terr.: 11,5			
CT-VPS8	Villaggio Primosole II	N.: 37.390894	T. est.: 18	Sabbioso/argilloso		
		E.: 15.089121	T. terr.: 11,3			
CT-VPS9	Villaggio Primosole II	N.: 37.390894	T. est.: 18	Sabbioso/argilloso		
		E.: 15.089121	T. terr.: 11,3			
CT-VPS10	Villaggio Primosole II	N.: 37.390998	T. est.: 18	Sabbioso/argilloso		
		E.: 15.088934	T. terr.: 11,3			
CT-VPS11	Villaggio Primosole II	N.: 37.390998	T. est.: 18	Sabbioso/argilloso		
		E.: 15.088934	T. terr.: 11,2			
CT-VPS12	Villaggio Primosole II	N.: 37.390998	T. est.: 18	Sabbioso/argilloso		
		E.: 15.088934	T. terr.: 11,6			

R.N.O. Bosco di Santo Pietro (CT) – N. 10 campioni

Data : 24/03/2022

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
CT-BSP1	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,159404	T. est.: 14,5	Argilloso/sabbioso	Eucalpto/Palma nana	
		E.: 14,544708	T. terr.: 14,9			
CT-BSP2	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,159396	T. est.: 14,5	Argilloso/sabbioso	Eucalpto/Palma nana	
		E.: 14,544628	T. terr.: 14,9			
CT-BSP3	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,158404	T. est.: 14,5	Argilloso/sabbioso	Eucalpto/Sughera/Lentisco	
		E.: 14,544204	T. terr.: 13,0			
CT-BSP4	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,158339	T. est.: 14,5	Argilloso/sabbioso	Mandorlo	
		E.: 14,544171	T. terr.: 13,0			
CT-BSP5	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,157480	T. est.: 14,5	Sabbioso/argilloso	Sughera	
		E.: 14,543226	T. terr.: 11,2			
CT-BSP6	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,156918	T. est.: 14,5	Sabbioso/argilloso	Cistaceae	
		E.: 14,542609	T. terr.: 11,3			
CT-BSP7	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,156908	T. est.: 14,5	Sabbioso/argilloso	Cistaceae/Lentisco	
		E.: 14,542613	T. terr.: 11,2			
CT-BSP8	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,156290	T. est.: 14,5	Sabbioso/argilloso	Sughera/Thymilaceae	
		E.: 14,543291	T. terr.: 11,0			
CT-BSP9	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,156303	T. est.: 14,3	Sabbioso/argilloso	Oleaceae	
		E.: 14,543322	T. terr.: 11,1			
CT-BSP10	RNO Bosco di Santo Pietro (Caltagirone, CT)	N.: 37,156282	T. est.: 14,3	Sabbioso/argilloso	Pino d'Aleppo	
		E.: 14,543297	T. terr.: 11,0			

Parco fluviale dell'Alcantara (ME, CT) – N. 10 campioni

Data : 28/04/2022

Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37,863936	T. est.: 24,3	Sabbioso	Pioppo	
	E.: 15,200363	T. terr.: 17,5			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37,863865	T. est.: 24,3	Sabbioso	Terebinto	
	E.: 15,199961	T. terr.: 17,1			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37,863865	T. est.: 24,3	Sabbioso	Nessuna	Sponda del fiume
	E.: 15,199961	T. terr.: 19,8			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37, 864058	T. est.: 24,3	Sabbioso	Pioppo	Alla base dell'albero
	E.: 15,200371	T. terr.: 15,2			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37, 864058	T. est.: 24,3	Sabbioso	Pioppo	Più in alto
	E.: 15,200371	T. terr.: 15,2			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37,864089	T. est.: 24,3	Sabbioso	Ginestra	<i>Genista tinctoria</i>
	E.: 15,200178	T. terr.: 15,1			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37,851400	T. est.: 24,4	Sabbioso	Vegetazione ripariale	
	E.: 15,219152	T. terr.: 20,4			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37,851475	T. est.: 24,4	Sabbioso	Canneto	
	E.: 15,219184	T. terr.: 18,0			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37,851576	T. est.: 24,4	Sabbioso	Equiseto	
	E.: 15,219142	T. terr.: 21,1			
Parco Fluviale dell'Alcantara (ME)	N.: 37,851682	T. est.: 24,4	Sabbioso	Canneto/roveto	
	E.: 15,219029	T. terr.: 17,6			

R.N.O. Bosco di Malabotta (ME) – N. 10 campioni

Data :29/07/2020

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
ME-MAL1	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,3	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 17,5			
ME-MAL2	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,3	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 17,1			
ME-MAL3	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,3	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 19,8			
ME-MAL4	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,3	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 15,2			
ME-MAL5	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,3	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 15,2			
ME-MAL6	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,3	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 15,1			
ME-MAL7	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,4	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 20,4			
ME-MAL8	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,4	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 18,0			
ME-MAL9	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,4	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 21,1			
ME-MAL10	RNO Bosco di Malabotta (ME)	N.: 37,955316	T. est.: 24,4	Argilloso/sabbioso	Querceta	
		E.: 14,047948	T. terr.: 17,6			

Rocche dell'Argimusco (ME) – N. 10 campioni

Data : 29/07/2020

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
ME-ARG1	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 15,040472	T. terr.: 23,5			
ME-ARG2	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 15,040472	T. terr.: 23,5			
ME-ARG3	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 15,040472	T. terr.: 23,5			
ME-ARG4	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Prateria/steppa	
		E.: 15,040472	T. terr.: 23,5			
ME-ARG5	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,040472	T. terr.: 21,8			
ME-ARG6	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,040472	T. terr.: 21,8			
ME-ARG7	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,040472	T. terr.: 21,8			
ME-ARG8	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,040472	T. terr.: 21,8			
ME-ARG9	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,040472	T. terr.: 21,8			
ME-ARG10	Rocche dell'Argimusco (ME)	N.: 37,987752	T. est.: 27,2	Argilloso/sabbioso	Castagneto	
		E.: 15,040472	T. terr.: 21,8			

R.N.O. Bosco della Ficuzza (PA) – N. 10 campioni

Data : 08/03/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
PA-FIC1	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882178	T. est.: 16,1	Argilloso	Pascolo	
		E.: 13,398750	T. terr.: 13,5			
PA-FIC2	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882152	T. est.: 16,1	Argilloso	Pascolo	
		E.: 13,368720	T. terr.: 13,5			
PA-FIC3	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882216	T. est.: 16,1	Argilloso	Pascolo	
		E.: 13,368723	T. terr.: 13,5			
PA-FIC4	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882232	T. est.: 16,1	Argilloso	Pascolo	
		E.: 13,368679	T. terr.: 13,5			
PA-FIC5	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882474	T. est.: 16,1	Argilloso	Arbustiva spinosa	<i>Cytus spinosus</i>
		E.: 13,368762	T. terr.: 13,5			
PA-FIC6	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882459	T. est.: 16,1	Argilloso	Arbustiva spinosa	<i>Cytus spinosus</i>
		E.: 13,368777	T. terr.: 13,5			
PA-FIC7	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882531	T. est.: 16,1	Argilloso	Arbustiva spinosa	<i>Cytus spinosus</i>
		E.: 13,368745	T. terr.: 13,5			
PA-FIC8	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882570	T. est.: 16,1	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,368723	T. terr.: 13,5			
PA-FIC9	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882722	T. est.: 16,1	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,368752	T. terr.: 13,5			
PA-FIC10	Bosco di Ficuzza - Palermo	N.: 37,882583	T. est.: 16,1	Argilloso	Querceta	
		E.: 13,368749	T. terr.: 13,5			

R.N.O. Monte Pellegrino (PA) – N. 10 campioni

Data : 24/05/2022

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
PA-MP1	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,170822	T. est.: 24,4	Sabbioso/argilloso	Pineta/acanto	
		E.: 13,339066	T. terr.: 19,7			
PA-MP2	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,170857	T. est.: 24,4	Sabbioso/argilloso	Pineta/acanto	
		E.: 13,339116	T. terr.: 19,7			
PA-MP3	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,172487	T. est.: 24,4	Sabbioso/argilloso	Ailanto/lentisco	
		E.: 13,338852	T. terr.: 20,5			
PA-MP4	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,172452	T. est.: 35,5	Sabbioso/argilloso	Opuntia	
		E.: 13,339286	T. terr.: 37,2			
PA-MP5	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,172574	T. est.: 21,5	Sabbioso/argilloso	Eucalipto/lentisco	
		E.: 13,339315	T. terr.: 20,4			
PA-MP6	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,174335	T. est.: 24,7	Sabbioso/argilloso	Prateria	
		E.: 13,337220	T. terr.: 37,3			
PA-MP7	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,174397	T. est.: 24,7	Sabbioso/argilloso	Steppa	
		E.: 13,337400	T. terr.: 27,5			
PA-MP8	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,174397	T. est.: 24,7	Sabbioso/argilloso	Albero di Giuda	
		E.: 13,337188	T. terr.: 26,5			
PA-MP9	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,174286	T. est.: 24,7	Sabbioso/argilloso	Cipresso	
		E.: 13,338241	T. terr.: 20,1			
PA-MP10	Monte Pellegrino (PA)	N.: 38,174143	T. est.: 24,7	Sabbioso/argilloso	Eryngium	
		E.: 13,337385	T. terr.: 36,4			

Parco delle Madonie (PA) – N. 10 campioni

Data : 11/03/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
PA-PM1	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850673	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso
		E.: 13,919777	T. terr.: 21,9			
PA-PM2	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850736	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso
		E.: 13,919688	T. terr.: 21,9			
PA-PM3	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850824	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso
		E.: 13,919717	T. terr.: 21,9			
PA-PM4	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850698	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso
		E.: 13,919837	T. terr.: 21,9			
PA-PM5	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850759	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso, vicino ampelodesma
		E.: 13,919639	T. terr.: 21,9			
PA-PM6	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850985	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso, vicino fico
		E.: 13,919457	T. terr.: 21,9			
PA-PM7	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850851	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso
		E.: 13,919486	T. terr.: 21,9			
PA-PM8	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850745	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso
		E.: 13,919535	T. terr.: 21,9			
PA-PM9	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850652	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso, vicino asfodelo
		E.: 13,919548	T. terr.: 21,9			
PA-PM10	Parco delle Madonie (Scillato, PA)	N.: 37,850606	T. est.: 17,5	Argilloso	Uliveto incolto	Pietroso, vicino ferula
		E.: 13,919507	T. terr.: 21,9			

Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio – N. 10 campioni

Data : 24/03/2022

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
RG-FFI1	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,773231	T. est.: 18,0	Sabbioso	Macchia/lentisco	Area retrodunale
		E.: 14,595272	T. terr.: 21,2			
RG-FFI2	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,773212	T. est.: 18,0	Sabbioso	Macchia/lentisco	Area retrodunale
		E.: 14,595289	T. terr.: 21,2			
RG-FFI3	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,774438	T. est.: 23,2	Sabbioso	Fabacee, Graminacee	Radura
		E.: 14,595576	T. terr.: 18,0			
RG-FFI4	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,774446	T. est.: 18,2	Sabbioso	Canneto	Radura
		E.: 14,595574	T. terr.: 18,0			
RG-FFI5	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,774145	T. est.: 19,3	Sabbioso	Agave	Area retrodunale
		E.: 14,594677	T. terr.: 20,2			
RG-FFI6	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,774162	T. est.: 19,3	Sabbioso	Lentisco	Area retrodunale
		E.: 14,594908	T. terr.: 13,6			
RG-FFI7	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,774105	T. est.: 19,3	Sabbioso	Macchia/lentisco ,acanto, efedra	Area retrodunale
		E.: 14,594931	T. terr.: 13,7			
RG-FFI8	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,775812	T. est.: 20,4	Sabbioso	Canneto, Oxalis	
		E.: 14,595619	T. terr.: 14,0			
RG-FFI9	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,777505	T. est.: 19,8	Sabbioso	Ulivo/Canneto	Macchia forestale
		E.: 14,595243	T. terr.: 14,3			
RG-FFI10	Riserva Naturale Macchia Foresta del Fiume Irminio (Marina di Ragusa, RG)	N.: 36,777655	T. est.: 19,8	Sabbioso	Ulivo/Lentisco	Macchia forestale
		E.: 14,595156	T. terr.: 20,7			

Parco Forestale Canalazzo (RG) – N. 10 campioni

Data : 24/03/2022

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
RG-PFC1	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,100264	T. est.: 10,8	Argilloso/sabbioso con sassi	Incolto	Lungo la SP99
		E.: 14,748997	T. terr.: 12,6			
RG-PFC2	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,100262	T. est.: 10,8	Argilloso/sabbioso con sassi	Incolto	Lungo la SP99
		E.: 14,748992	T. terr.: 12,6			
RG-PFC3	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,098537	T. est.: 10,2	Argilloso/sabbioso con sassi	Querceta	Lungo la SP99
		E.: 14,738219	T. terr.: 11,3			
RG-PFC4	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,098559	T. est.: 9,2	Argilloso/sabbioso con sassi	Querceta	Lungo la SP99
		E.: 14,738210	T. terr.: 8,3			
RG-PFC5	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,098635	T. est.: 9,0	Argilloso/sabbioso con sassi	Querceta	Lungo la SP99
		E.: 14,731335	T. terr.: 8,0			
RG-PFC6	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,098635	T. est.: 8,5	Argilloso/sabbioso con sassi	Pineta	All'interno della Riserva
		E.: 14,731335	T. terr.: 7,8			
RG-PFC7	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,098635	T. est.: 8,1	Argilloso/sabbioso con sassi	Euforbia	All'interno della Riserva
		E.: 14,731335	T. terr.: 7,3			
RG-PFC8	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,098635	T. est.: 7,8	Argilloso/sabbioso con sassi	Nocciolo	All'interno della Riserva
		E.: 14,731335	T. terr.: 6,8			
RG-PFC9	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,098635	T. est.: 7,5	Argilloso/sabbioso con sassi	Assente	Terra di riporto lungo il sentiero
		E.: 14,731335	T. terr.: 6,5			
RG-PFC10	Parco forestale Canalazzo (Monterosso Almo, RG)	N.: 37,098635	T. est.: 7,1	Argilloso/sabbioso con sassi	Assente	Terra di riporto lungo il sentiero
		E.: 14,731335	T. terr.: 6,3			

R.N.O. Fiume Ciane e Saline di Siracusa (SR) – N. 10 campioni

Data : 23/12/2020

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
SR-SSR1	Saline di Siracusa (Sr). Faro Caderini, saline alte	N.: 37,04802027 E.: 15,27232949	T. est.: 16,3 T. terr.: 13	Sabbioso/argilloso	Alofila, psammofila	
SR-SSR2	Saline di Siracusa (Sr). Faro Caderini, saline alte	N.: 37,04795785 E.: 15,27232781	T. est.: 16,3 T. terr.: 13,2	Sabbioso/argilloso	Alofila, psammofila	Vicino tamerice
SR-SSR3	Saline di Siracusa (Sr). Faro Caderini, saline alte	N.: 37,04787619 E.: 15,27247072	T. est.: 14,4 T. terr.: 13	Sabbioso/argilloso	Alofila, psammofila	Vicino olivastro
SR-SSR4	Saline di Siracusa (Sr). Faro Caderini, saline alte	N.: 37,04792514 E.: 15,27293483	T. est.: 16,4 T. terr.: 11,4	Sabbioso/argilloso	Olivastro, lentisco	
SR-SSR5	Saline di Siracusa (Sr). Faro Caderini, saline alte	N.: 37,04804605 E.: 15,27263149	T. est.: 20,6 T. terr.: 14,7	Sabbioso/argilloso	Olivastro, oxalis	Vicino edificio grande
SR-SSR6	Saline di Siracusa (Sr). Foce Anapo-Ciane, saline basse	N.: 37,05343754 E.: 15,26988918	T. est.: 22,4 T. terr.: 12,5	Sabbioso	Psammofila	
SR-SSR7	Saline di Siracusa (Sr). Foce Anapo-Ciane, saline basse	N.: 37,05344802 E.: 15,270059	T. est.: 22,4 T. terr.: 12,5	Sabbioso	Psammofila	
SR-SSR8	Saline di Siracusa (Sr). Foce Anapo-Ciane, saline basse	N.: 37,05354458 E.: 15,27004659	T. est.: 22,4 T. terr.: 12,5	Sabbioso	Psammofila	
SR-SSR9	Saline di Siracusa (Sr). Foce Anapo-Ciane, saline basse	N.: 37,05383426 E.: 15,26559957	T. est.: 18,5 T. terr.: 14,8	Sabbioso/argilloso	Boschetto di acacia	
SR-SSR10	Saline di Siracusa (Sr). Foce Anapo-Ciane, saline basse	N.: 37,05379348 E.: 15,26563017	T. est.: 18,5 T. terr.: 14,8	Sabbioso/argilloso	Boschetto di acacia	

R.N.O. Saline di Priolo (SR) – N. 10 Campioni

Data : 15/12/2020

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
SR-SP1	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.144215	T. est.: 25,3	Argilloso	Alofila	
		E.: 15.218582	T. terr.: 21,2			
SR-SP2	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.144191	T. est.: 25,3	Argilloso	Alofila	
		E.: 15.218787	T. terr.: 21,2			
SR-SP3	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.144227	T. est.: 25,4	Argilloso	Tamerici	Materiale di riporto, molto pietroso
		E.: 15.215360	T. terr.: 19,2			
SR-SP4	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.145555	T. est.: 24,8	Argilloso	Incolto, vegetazione infestante	
		E.: 15.211388	T. terr.: 21,8			
SR-SP5	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.142984	T. est.: 23,6	Sabbioso	Acacia, senza vegetazione	
		E.: 15.218940	T. terr.: 20,2			
SR-SP6	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.142802	T. est.: 23,6	Sabbioso/argilloso	Incolto, vegetazione infestante	
		E.: 15.218645	T. terr.: 21,2			
SR-SP7	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.147626	T. est.: 25,6	Sabbioso/argilloso	Tamerici	
		E.: 15.220745	T. terr.: 20,6			
SR-SP8	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.147304	T. est.: 25,8	Sabbioso/argilloso	Tamerici, acacia	
		E.: 15.220539	T. terr.: 22,6			
SR-SP9	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.142640	T. est.: 23,6	Sabbioso/argilloso	Incolto, vegetazione infestante	
		E.: 15.218740	T. terr.: 21,2			
SR-SP10	R.N.O. Saline di Priolo (Priolo Gargallo, Sr)	N.: 37.142730	T. est.: 23,6	Sabbioso/argilloso	Incolto, vegetazione infestante	
		E.: 15.218760	T. terr.: 21,2			

R.N.I. Lago Preola e Gorghi Tondi (TP) – N. 15 campioni

Data : 09/03/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
TP-LP1	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,608780	T. est.: 14,2	Sabbioso/argilloso	Macchia mediterranea	RNI Gorgo basso
		E.: 12,651886	T. terr.: 12,1			
TP-LP2	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,609140	T. est.: 14,2	Sabbioso/argilloso	Acanto	RNI Gorgo basso
		E.: 12,651920	T. terr.: 11,4			
TP-LP3	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,609017	T. est.: 14,2	Sabbioso/argilloso	Palma nana	RNI Gorgo basso
		E.: 12,652014	T. terr.: 11,4			
TP-LP4	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,609129	T. est.: 14,2	Sabbioso/argilloso	Quercia spinosa	RNI Gorgo basso
		E.: 12,651950	T. terr.: 12,1			
TP-LP5	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,609922	T. est.: 14,5	Sabbioso/argilloso	Ampelodesma	RNI Gorgo medio
		E.: 12,651426	T. terr.: 12,8			
TP-LP6	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,609929	T. est.: 14,5	Sabbioso/argilloso	Lentisco	RNI Gorgo medio
		E.: 12,651426	T. terr.: 12,8			
TP-LP7	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,618276	T. est.: 18,8	Argilloso	Canneto	Lago Preola Zona A
		E.: 12,643119	T. terr.: 12,3			
TP-LP8	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,618277	T. est.: 18,8	Argilloso	Canneto	Lago Preola Zona A
		E.: 12,643140	T. terr.: 12,3			
TP-LP9	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,618103	T. est.: 18,8	Sabbioso/argilloso	Roveto	Lago Preola Zona A
		E.: 12,643287	T. terr.: 12,3			
TP-LP10	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,618095	T. est.: 18,7	Sabbioso/argilloso	Roveto	Lago Preola Zona A
		E.: 12,643304	T. terr.: 12,3			
TP-LP11	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,614168	T. est.: 18,4	Sabbioso/argilloso	Incolto	Lago Preola Zona B
		E.: 12,643564	T. terr.: 11,6			
TP-LP12	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,614234	T. est.: 18,4	Sabbioso/argilloso	Incolto	Lago Preola Zona B
		E.: 12,643599	T. terr.: 11,6			
TP-LP13	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,614230	T. est.: 18,4	Sabbioso/argilloso	Incolto	Lago Preola Zona B
		E.: 12,643661	T. terr.: 11,6			
TP-LP14	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,614192	T. est.: 18,4	Sabbioso/argilloso	Incolto	Lago Preola Zona B
		E.: 12,643737	T. terr.: 11,6			
TP-LP15	Riserva Naturale Lago Preola e Gorghi Tondi (Mazara del Vallo, TP)	N.: 37,614139	T. est.: 18,4	Sabbioso/argilloso	Incolto	Lago Preola Zona B
		E.: 12,643849	T. terr.: 11,6			

Bosco Madonna Ciavolo – N. 10 campioni

Data : 09/03/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
TP-BC1	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,760996	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	
		E.: 12,568891	T. terr.: 13,4			
TP-BC2	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,760586	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	
		E.: 12,568781	T. terr.: 13,4			
TP-BC3	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,760425	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	
		E.: 12,568752	T. terr.: 13,4			
TP-BC4	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,760337	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	Accanto palma nana
		E.: 12,568667	T. terr.: 13,4			
TP-BC5	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,760250	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	Accanto palma nana
		E.: 12,568618	T. terr.: 13,4			
TP-BC6	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,758570	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	Accanto palma nana
		E.: 12,567316	T. terr.: 13,4			
TP-BC7	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,758397	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	Accanto palma nana
		E.: 12,567236	T. terr.: 13,4			
TP-BC8	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,758358	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	Sotto pietre
		E.: 12,567252	T. terr.: 13,4			
TP-BC9	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,758054	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	Sotto pietre
		E.: 12,567337	T. terr.: 13,4			
TP-BC10	Bosco Ciavolo - Marsala (TP)	N.: 37,757935	T. est.: 16,3	Argilloso	Pineta con sottobosco di palme nane	
		E.: 12,567272	T. terr.: 13,4			

R.N.O. Isole dello Stagnone di Marsala (TP) – N. 5 campioni

Data : 09/03/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
TP-LS1	Laguna stagnone Marsala (TP)	N.: 37,860692	T. est.: 17,5	Sabbioso/argilloso	<i>Acacia cyanophylla</i>	Di fronte Isola di Mozia
		E.: 12,485205	T. terr.: 14,4			
TP-LS2	Laguna stagnone Marsala (TP)	N.: 37,860705	T. est.: 17,5	Sabbioso/argilloso	<i>Acacia cyanophylla</i>	Di fronte Isola di Mozia
		E.: 12,485362	T. terr.: 14,4			
TP-LS3	Laguna stagnone Marsala (TP)	N.: 37,860687	T. est.: 17,5	Sabbioso/argilloso	<i>Acacia cyanophylla</i>	Di fronte Isola di Mozia
		E.: 12,485411	T. terr.: 14,4			
TP-LS4	Laguna stagnone Marsala (TP)	N.: 37,860696	T. est.: 17,5	Sabbioso/argilloso	<i>Acacia cyanophylla</i>	Di fronte Isola di Mozia
		E.: 12,485214	T. terr.: 14,4			
TP-LS5	Laguna stagnone Marsala (TP)	N.: 37,860696	T. est.: 17,5	Sabbioso/argilloso	<i>Acacia cyanophylla</i>	Di fronte Isola di Mozia
		E.: 12,485214	T. terr.: 14,4			

R.N.O. Foce del fiume Belice e dune limitrofe (TP) – N. 15 campioni

Data : 10/03/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
TP-SEL1	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583220	T. est.: 16,6	Sabbioso	Tamerici, pancrazio, <i>Lotus creticus</i>	Retroduna
		E.: 12,854740	T. terr.: 14,2			
TP-SEL2	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583304	T. est.: 16,6	Sabbioso	Tamerici, Ortica	Retroduna, Ortica dioica
		E.: 12,854830	T. terr.: 13,7			
TP-SEL3	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583414	T. est.: 16,6	Sabbioso	Tamerici, Ortica	
		E.: 12,854818	T. terr.: 14,9			
TP-SEL4	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583401	T. est.: 16,6	Sabbioso	Tamerici, acacie	
		E.: 12,854652	T. terr.: 15,3			
TP-SEL5	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583452	T. est.: 16,6	Sabbioso	Eucalpti	
		E.: 12,854410	T. terr.: 15,4			
TP-SEL6	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,584145	T. est.: 16,4	Sabbioso	Lentisco	
		E.: 12,853523	T. terr.: 14,8			
TP-SEL7	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,584095	T. est.: 16,4	Sabbioso	Canneto	
		E.: 12,853540	T. terr.: 13,3			
TP-SEL8	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,584153	T. est.: 16,4	Sabbioso	<i>Silene sericea</i> e mercorella	
		E.: 12,853352	T. terr.: 16,1			
TP-SEL9	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,584212	T. est.: 16,4	Sabbioso	<i>Silene sericea</i> e mercorella	
		E.: 12,853212	T. terr.: 16,2			
TP-SEL10	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,584123	T. est.: 16,4	Sabbioso	Ampelodesma	
		E.: 12,852964	T. terr.: 14,1			
TP-SEL11	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583636	T. est.: 15,6	Sabbioso	Pineta	
		E.: 12,855469	T. terr.: 14,7			
TP-SEL12	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583711	T. est.: 15,6	Sabbioso	Pineta	
		E.: 12,855728	T. terr.: 14,6			
TP-SEL13	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583846	T. est.: 15,6	Sabbioso	Pineta	
		E.: 12,856133	T. terr.: 14,4			
TP-SEL14	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583953	T. est.: 15,6	Sabbioso	Pineta	
		E.: 12,856340	T. terr.: 14,2			
TP-SEL15	Riserva Naturale Orientata Foce Belice (Selinunte, TP)	N.: 37,583917	T. est.: 15,6	Sabbioso	Pineta	
		E.: 12,856504	T. terr.: 14,2			

R.N.O. Monte Cofano (TP) – N. 5 campioni

Data : 10/03/2021

Campione	Località	GPS	Temperatura	Terreno	Vegetazione	Note
TP-MC1	Monte Cofano (Custonaci, TP)	N.: 38,104283	T. est.: 11,7	Argilloso	Palma nana	Molto pietroso
		E.: 12,677531	T. terr.: 15,3			
TP-MC2	Monte Cofano (Custonaci, TP)	N.: 38,104390	T. est.: 11,7	Argilloso	Mirto, ampelodesma	Molto pietroso
		E.: 12,677471	T. terr.: 15,3			
TP-MC3	Monte Cofano (Custonaci, TP)	N.: 38,104243	T. est.: 11,7	Argilloso	Pascolo	Molto pietroso
		E.: 12,677475	T. terr.: 15,3			
TP-MC4	Monte Cofano (Custonaci, TP)	N.: 38,103116	T. est.: 11,7	Argilloso	Cardo	Molto pietroso, vicino Gorgo Cafano
		E.: 12,677496	T. terr.: 15,3			
TP-MC5	Monte Cofano (Custonaci, TP)	N.: 38,103184	T. est.: 11,7	Argilloso	Cardo	Molto pietroso, vicino Gorgo Cafano
		E.: 12,677183	T. terr.: 15,3			

ANALISI BLASTN

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* CT-BP8

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* CT-BP8 - OQ198325 (Lunghezza 1012 bp)

```
CTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCT
CTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTC
GTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAA
TGAATCGAGCTGAATTTTTCGCTGTTTCGTTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTT
TCTATAGGTGCTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTTCGA
GTAACTAGAATTAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAAGTTCAATTAACGTTTGATCAATT
TGACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTT
CGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATGAACGCTAAAATTTTGAAC
GCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAG
TCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTG
ATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTTTCG
GCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCC
TTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTTCGTTT
TACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAAGTAAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAA
CTAGGATTTTCTTAGTAACGGGCGAGTGAAAA
```

Migliori dieci allineamenti di CT-BP8

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1812	99%	0.0	99.01
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1796	98%	0.0	99.30
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1792	98%	0.0	99.20
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1790	98%	0.0	99.19
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1779	99%	0.0	98.51
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1772	97%	0.0	99.19
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1772	98%	0.0	98.89
AY230169.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain A1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1772	99%	0.0	97.92
AY230170.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain A2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1772	99%	0.0	98.42
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	96%	0.0	99.18

Miglior allineamento tra CT-BP8 e *S. feltiae* T92 - AY230185.1

Steinernema feltiae strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: AY230185.1 Length: 1022

Range 1: 13 to 1022

Score:1812 bits (981), Expect:0.0,

Identities:1001/1011(99%), Gaps:1/1011(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGA 60
      |||
Sbjct 13 CTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGA 72

Query 61 GACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACG 120
      |||
Sbjct 73 GACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACG 132

Query 121 GCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT 180
      |||
Sbjct 133 GCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT 192

Query 181 ATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTGTTT 240
      |||
Sbjct 193 ATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTGTTT 252

Query 241 CAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAG 300
      |||
Sbjct 253 CAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAG 312

Query 301 TTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAAGTAGAA 360
      |||
Sbjct 313 TTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGGCTCCTTAGTCGGGTCAGTAGAA 372

Query 361 TTAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATT 420
      |||
Sbjct 373 TTAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATT 432

Query 421 TGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCG 480
      |||
Sbjct 433 TGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCG 492

Query 481 GTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATAT 540
      |||
Sbjct 493 GTTCGTAGTTCGATGAAARACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATAT 552

Query 541 TGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTG 600
      |||
Sbjct 553 TGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTG 612

```

Query	601	GTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTAT	660
Sbjct	613	GTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTAT	672
Query	661	TTGAttttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTA	720
Sbjct	673	TTGGTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTA	732
Query	721	ATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCT	780
Sbjct	733	ATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCT	792
Query	781	TGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCC	840
Sbjct	793	TGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCC	852
Query	841	TTACAATACATCACTTGACACAACACGATTGTTTTGTCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAA	900
Sbjct	853	TTACAATACATCACTTGACACAACACGTATCGTTTTGTCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAA	912
Query	901	CTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTA	960
Sbjct	913	CTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTA	972
Query	961	AGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTTAGTAACGGGCGAGTGAAA	1011
Sbjct	973	AGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTTAGTAACGG -CGAGTGAAA	1022

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* CT-EPL6

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* CT-EPL6 - OQ198413 (Lunghezza 962 bp)

TGAGTTGTTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC
 GTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCTGAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATC
 ATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTCAAAGCG
 TTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTG
 TGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGT
 TCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATC
 AAGTCTTGTGCGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGA
 ATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGT
 TTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTT
 TTTTATTGAGTACTTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTTCTAATCGAAACGAGCTATTT
 TTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACA
 GTTCGTATATTTTTTTCAGAAATTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTTCGTTTGT
 CGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTT
 AAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTTCCTTAGTACG

Migliori dieci allineamenti di CT-EPL6

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1748	100%	0.0	99.48
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1733	100%	0.0	99.17
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1729	99%	0.0	99.17
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1729	99%	0.0	99.17
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1725	100%	0.0	99.06
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1725	100%	0.0	99.07
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1725	99%	0.0	99.06
OP415477.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-49 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1722	98%	0.0	99.37
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1720	99%	0.0	99.16
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1714	98%	0.0	99.16

Miglior allineamento tra CT-EPL6 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415460.1 Length: 1014

Range 1: 54 to 1014

Score:1748 bits(946), Expect:0.0,

Identities:957/962(99%), Gaps:1/962(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1      TGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGG 60
|||||
Sbjct 54      TGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGG 113

Query 61     CGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA 120
|||||
Sbjct 114     CGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA 173

Query 121    GGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCG 180
|||||
Sbjct 174    GGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCG 233

Query 181    AGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATG 240
|||||
Sbjct 234    AGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATG 293

Query 241    GTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTA 300
|||||
Sbjct 294    GTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTA 353

Query 301    TCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAA 360
|||||
Sbjct 354    TCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAA 413

Query 361    CTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATC 420
|||||
Sbjct 414    CTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATC 473

Query 421    AAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTA 480
|||||
Sbjct 474    AAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTA 533

Query 481    TTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAG 540
|||||
Sbjct 534    TTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAG 593

Query 541    GTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTG 600
|||||
Sbjct 594    GTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTG 653

```

Query	601	TGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGAttttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAAT	660
Sbjct	654	TGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGGTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAAT	713
Query	661	TTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTAT	720
Sbjct	714	TTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTAT	773
Query	721	TTTTGGTGTTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATAT	780
Sbjct	774	TTTTGGTGTTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATAT	833
Query	781	TTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGT	840
Sbjct	834	TTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGAATCGTTTGT	893
Query	841	CGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACC	900
Sbjct	894	CGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACC	953
Query	901	CGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTAGTA	960
Sbjct	954	CGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTGA - TA	1012
Query	961	CG 962	
Sbjct	1013	CG 1014	

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* CT-EPV12

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* CT-EPV12 - OQ198414 (Lunghezza 1011 bp)

TTGATTACGTTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGC
 GGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAACGGCTTGAA
 CCGGGCAAAGTTCGTAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTT
 ACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACG
 GCTATGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTTGGTA
 TCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTCTTAAAAAACTTCAATTAA
 CGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTGCGTGGATCAC
 TCGGTTTCGTAGTTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGC
 TAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAAT
 TCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTATTGAGTACCTTTTTG
 GAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTTCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTTATTCTGTGCAATGTAT
 TTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAAT
 TTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAG
 AAATTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAG
 GAAAAGAACTAACTAGGATTTCCCTTAGTAC

Migliori dieci allineamenti di CT-EPV12

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1810	99%	0.0	99.01
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1796	98%	0.0	99.20
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1792	98%	0.0	99.20
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1790	98%	0.0	99.19
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1775	98%	0.0	98.89
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1773	98%	0.0	98.80
AY230169.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain A1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	97.92
AY230170.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain A2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	98.42
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	96%	0.0	99.18
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1762	97%	0.0	99.08

Query	601	GTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTT	660
Sbjct	600	GTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTT	659
Query	661	TTCGATTAGTTATTTGAttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCT	720
Sbjct	660	TTCGATTAGTTATTTGGTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCT	719
Query	721	AATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGT	780
Sbjct	720	AATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGT	779
Query	781	TCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAAT	840
Sbjct	780	TCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAAT	839
Query	841	TTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGAGGAATTG	900
Sbjct	840	TTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGTATCGTTTGTGAGGAATTG	899
Query	901	CGCAAGAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTT	960
Sbjct	900	CGCAAGAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTT	959
Query	961	AAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTTAGTA	1010
Sbjct	960	AAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTTAGTA	1009

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* CT-MSP16

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* CT-MSP16 - OQ198415 (Lunghezza 980 bp)

```

CCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGC
GAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGC
GGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTTTCGTGTTCGT
TTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGA
GCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTRTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATG
ACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTTAA
AGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTAT
TTGGCGTGAATTCGACACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTG
TTAGTATGTTTTGGTTGAGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTT
ATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTTCTAATCGAAAC
GAGCTATTTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTTTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACA
AACTTAACAGTTTCGTATATTTTTTCAGAAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGA
TTCGTTTGTTCGAGGAATTCGCGCAAGAAAAGAACTTTTTCGTTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCC
GCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTAGTAACGGCCGAGTA

```

Migliori dieci allineamenti di CT-MSP16

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1759	99%	0.0	99.08
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1751	98%	0.0	99.28
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1751	98%	0.0	99.28
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1751	98%	0.0	99.38
MN861041.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate CTP41-2 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1736	99%	0.0	98.77
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1736	97%	0.0	99.27
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1735	98%	0.0	98.97
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1731	98%	0.0	98.96
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1731	97%	0.0	99.17
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1727	98%	0.0	98.96

Miglior allineamento tra CT-MSP16 e *S. feltiae* T92 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: AY230185.1 Length: 1022

Range 1: 1 to 1009

Score:1759 bits(952), Expect:0.0,

Identities:969/978(99%), Gaps:1/978(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query  2      CCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGAT 61
      |||
Sbjct  42      CCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGAT 101

Query  62      CGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGG 121
      |||
Sbjct  102     CGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGG 161

Query  122     TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAA 181
      |||
Sbjct  162     TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAA 221

Query  182     ATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGC 241
      |||
Sbjct  222     ATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGC 281

Query  242     TATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACA 301
      |||
Sbjct  282     TATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACA 341

Query  302     TTTTGGTRTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTTC 361
      |||
Sbjct  342     TTTTGGTGGCTCCTTAGTCGGTCACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTTC 401

Query  362     TTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAA 421
      |||
Sbjct  402     TTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAA 461

Query  422     GATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAA 481
      |||
Sbjct  462     GATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAARACGGGGCAA 521

Query  482     AACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGC 541
      |||
Sbjct  522     AACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGC 581

Query  542     ACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCA 601
      |||
Sbjct  582     ACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCA 641

```

Query	602	GTCTGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGAttttttttATTGAGTACCTTTTTGGA	661
Sbjct	642	GTCTGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGGTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGA	701
Query	662	ATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTG	721
Sbjct	702	ATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTG	761
Query	722	CAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGT	781
Sbjct	762	CAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGT	821
Query	782	TCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGAT	841
Sbjct	822	TCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGTA	881
Query	842	TCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCA	901
Sbjct	882	TCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCA	941
Query	902	AGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTT	961
Sbjct	942	AGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTT	1001
Query	962	CCTTAGTAACGGCCGAGT	979
Sbjct	1002	CCTTAGTAACGGC -GAGT	1018

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* CT-MSP17

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* CT-MSP17 (Lunghezza 967 bp)

CCGGGACTGAGTTGTTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGA
 GAACCGCGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGG
 AAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTTCGCTGTTCTGTTT
 CAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGC
 GTGACTGTGGTGATGGACATTTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGAC
 TCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAG
 ATTTATCAAGTCTTGTGCGTGGATCACTCGGTTCTGTAGTTCTGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTT
 GGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTT
 AGTATGTTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTAT
 TTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTTCTTAATCGAAAACGA
 GCTATTTTTTTTATTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAA
 CTTAACAGTTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATT
 CGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTTCGTTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCCG
 TGAACCTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTAGTA

Migliori dieci allineamenti di CT-MSP17

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1759	99%	0.0	99.59
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1742	100%	0.0	99.17
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1742	100%	0.0	99.17
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1742	100%	0.0	99.17
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1738	99%	0.0	99.17
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1738	100%	0.0	99.07
OP415477.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-49 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1735	99%	0.0	99.37
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1735	99%	0.0	99.17
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1733	99%	0.0	99.17
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1727	99%	0.0	99.17

Miglior allineamento tra CT-MSP17 e *S. feltiae* T92 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: AY230185.1 Length: 1022

Range 1: 42 to 1018

Score:1759 bits(952), Expect:0.0,

Identities:969/978(99%), Gaps:1/978(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query  2      CCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGAT  61
      |||
Sbjct  42      CCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGAT  101

Query  62      CGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGG  121
      |||
Sbjct  102     CGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGG  161

Query  122     TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAA  181
      |||
Sbjct  162     TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAA  221

Query  182     ATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGC  241
      |||
Sbjct  222     ATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGC  281

Query  242     TATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACA  301
      |||
Sbjct  282     TATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACA  341

Query  302     TTTTGGTRTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTTC  361
      |||
Sbjct  342     TTTTGGTGGCTCCTTAGTCGGTCACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTTC  401

Query  362     TTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAA  421
      |||
Sbjct  402     TTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAA  461

Query  422     GATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAA  481
      |||
Sbjct  462     GATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAARACGGGGCAA  521

Query  482     AACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGC  541
      |||
Sbjct  522     AACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGC  581

Query  542     ACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCA  601
      |||
Sbjct  582     ACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCA  641

```

Query	602	GTCTGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGAttttttttATTGAGTACCTTTTTGGA	661
Sbjct	642	GTCTGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGGTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGA	701
Query	662	ATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTG	721
Sbjct	702	ATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTG	761
Query	722	CAATGTATTTTTGGTGTTCGCGCTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGT	781
Sbjct	762	CAATGTATTTTTGGTGTTCGCGCTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGT	821
Query	782	TCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGAT	841
Sbjct	822	TCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGTA	881
Query	842	TCGTTTGTGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCA	901
Sbjct	882	TCGTTTGTGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCA	941
Query	902	AGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTT	961
Sbjct	942	AGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTT	1001
Query	962	CCTTAGTAACGGCCGAGT	979
Sbjct	1002	CCTTAGTAACGGC -GAGT	1018

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* CT-PR10

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* CT-PR10 - OQ198417 (Lunghezza 984 bp)

CCTTGTACACACCGCCCGTTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAG
 CGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAAC
 AAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAAT
 CGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTAT
 AGGTGCTCGGAGCAGTTGTATGAGCGTACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAAC
 TAGAATTAAGAAGTCTGTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT
 GCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG
 AAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCAA
 TGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGC
 TGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGT
 CTAATTCGTTTCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGGCGTT
 TTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTTCAGAAATTTTCAGAGGCCCTTACA
 ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTCGCGCAAGAAAGAAAATTTTCGTTTTACGA
 CCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAAATAACTAGG
 ATTT

Migliori dieci allineamenti di CT-PR10

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1788	100%	0.0	99.49
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	99.19
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	99.19
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	100%	0.0	99.09
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	100%	0.0	99.09
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	99.18
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	99.08
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1762	99%	0.0	99.28
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	99%	0.0	98.98

Miglior allineamento tra CT-PR10 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415460.1 Length: 1014

Range 1: 23 to 1005

Score:1788 bits(968), Expect:0.0,

Identities:979/984(99%), Gaps:1/984(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTTGACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG 60
      ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 23 CCTT-TTCACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG 81

Query 61 CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTG 120
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 82 CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTG 141

Query 121 AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA 180
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 142 AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA 201

Query 181 GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG 240
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 202 GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG 261

Query 241 CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA 300
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 262 CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA 321

Query 301 TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTA 360
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 322 TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTA 381

Query 361 GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT 420
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 382 GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT 441

Query 421 GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTG 480
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 442 GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTG 501

Query 481 TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC 540
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 502 TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC 561

Query 541 GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA 600
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 562 GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA 621

```

Query	601	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGAt	660
Sbjct	622	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGGT	681
Query	661	ttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	720
Sbjct	682	TTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	741
Query	721	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	780
Sbjct	742	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	801
Query	781	ACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	840
Sbjct	802	ACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	861
Query	841	ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTT	900
Sbjct	862	ATACATCACTTGACACAACACGAATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTT	921
Query	901	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	960
Sbjct	922	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	981
Query	961	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTT	984
Sbjct	982	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTT	1005

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* CT-VPS7

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* CT-VPS7 - OQ198418 (Lunghezza 992 bp)

TGCCTTTGTACACACCGCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCT
 GAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGT
 AACAAAGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATG
 AATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTC
 TATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGT
 AACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTCAATTAACGTTTGATCAATTTG
 ACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTGCTAGTTTCG
 ATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGC
 AAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTC
 TGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGAT
 TGTCTAATTCGTTTCCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGGC
 GTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTTCGTATATTTTTTCAGAAATTTTTTCAGAGGCCCTT
 ACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTTCGTTTTA
 CGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACT
 AGGATTTCTTA

Migliori dieci allineamenti di CT-VPS7

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1794	99%	0.0	99.39
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1784	99%	0.0	99.19
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1784	99%	0.0	99.19
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1781	99%	0.0	99.09
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	98%	0.0	99.19
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	98.99
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	99.09
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	98%	0.0	99.18
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1762	98%	0.0	99.08
OP415461.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-15 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	99%	0.0	98.89

Miglior allineamento tra CT-VPS7 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415460.1 Length: 1014

Range 1: 23 to 1005

Score:1794 bits(971), Expect:0.0,

Identities:984/990(99%), Gaps:2/990(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query   3      CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACT   62
          ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  23      CCTTT-T-CACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACT   80

Query   63      GCTGCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTT   122
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81      GCTGCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTT   140

Query   123     GAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTG   182
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141     GAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTG   200

Query   183     AGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCGTTTCAA   242
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201     AGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCGTTTCAA   260

Query   243     GCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGT   302
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261     GCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGT   320

Query   303     ATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTAA   362
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321     ATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTAA   380

Query   363     AGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGAC   422
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381     AGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGAC   440

Query   423     TGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTT   482
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441     TGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTT   500

Query   483     GTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAA   542
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501     GTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAA   560

Query   543     CGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTG   602
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561     CGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTG   620

```

Query	603	AGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGA	662
Sbjct	621	AGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGG	680
Query	663	tttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCG	722
Sbjct	681	TTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCG	740
Query	723	AAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCC	782
Sbjct	741	AAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCC	800
Query	783	GACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTAC	842
Sbjct	801	GACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTAC	860
Query	843	AATACATCACTTGACACAACACGATTTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTT	902
Sbjct	861	AATACATCACTTGACACAACACGAATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTT	920
Query	903	TCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCG	962
Sbjct	921	TCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCG	980
Query	963	GAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTTA	992
Sbjct	981	GAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTTA	1010

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* ME-MAL5

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* ME-MAL5 - OQ600726 (Lunghezza 969 bp)

```
GGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAACGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGA
ACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAA
GGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGTGTTTCGTTTCA
AAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGT
GACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTC
GCCGTTCTTAAAAAATCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGAT
TTATCAAGTCTTGTGCGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGG
CGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAG
TATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTT
GATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTTCTAATCGAAACGAGC
TATTTTTTTTATTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACT
TAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTTCG
TTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTG
AACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTAGTAACGG
```

Migliori dieci allineamenti di ME-MAL5

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1753	100%	0.0	99.28
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1749	99%	0.0	99.38
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1749	99%	0.0	99.38
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1744	99%	0.0	99.38
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1735	98%	0.0	99.37
MN861041.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate CTP41-2 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1729	99%	0.0	98.97
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1729	98%	0.0	99.27
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1727	99%	0.0	98.96
MN861044.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate STP11-4 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1724	99%	0.0	99.06
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1724	99%	0.0	98.96

Miglior allineamento tra ME-MAL5 e *S. feltiae* T92 - AY230185.1

Steinernema feltiae strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: AY230185.1 Length: 1022

Range 1: 45 to 1013

Score:1753 bits(949), Expect:0.0,

Identities:962/969(99%), Gaps:0/969(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1      GGGACTGAGTTGTTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGT 60
          |||
Sbjct 45      GGGACTGAGTTGTTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGT 104

Query 61     TGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTT 120
          |||
Sbjct 105     TGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTT 164

Query 121    CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATG 180
          |||
Sbjct 165    CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATG 224

Query 181    AATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTAT 240
          |||
Sbjct 225    AATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTAT 284

Query 241    GAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTT 300
          |||
Sbjct 285    GAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTT 344

Query 301    TGGTGTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTA 360
          |||
Sbjct 345    TGGTGGCTCCTTAGTCGGGTCCTAGAAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTA 404

Query 361    AAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGAT 420
          |||
Sbjct 405    AAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGAT 464

Query 421    TTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGATGAAAACGGGGCAAAAAC 480
          |||
Sbjct 465    TTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGATGAAAACGGGGCAAAAAC 524

Query 481    CGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTGAACGCAAATGGCACT 540
          |||
Sbjct 525    CGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTGAACGCAAATGGCACT 584

Query 541    ATCAGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTC 600
          |||
Sbjct 585    ATCAGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTC 644

```

Query	601	TGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGAttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATG	660
Sbjct	645	TGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGGTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATG	704
Query	661	TGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAA	720
Sbjct	705	TGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAA	764
Query	721	TGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCG	780
Sbjct	765	TGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCG	824
Query	781	TATATTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTTCG	840
Sbjct	825	TATATTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGTATCG	884
Query	841	TTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGA	900
Sbjct	885	TTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGA	944
Query	901	TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCT	960
Sbjct	945	TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCT	1004
Query	961	TAGTAACGG	969
Sbjct	1005	TAGTAACGG	1013

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* PA-FIC7

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* PA-FIC7 - OQ198419 (Lunghezza 984 bp)

CCTTGTACACACCGCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAG
 CGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAAC
 AAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAAT
 CGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTAT
 AGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAAC
 TAGAATTAAGAAGTCTGTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT
 GCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG
 AAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCAA
 TGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGC
 TGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGT
 CTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGGCGTT
 TTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTTCAGAAATTTTCAGAGGCCCTTACA
 ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAAACTTTTCGTTTTACGA
 CCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAACTAACTAGG
 ATTT

Migliori dieci allineamenti di PA-FIC7

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1788	100%	0.0	99.49
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	99.19
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	99.19
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	100%	0.0	99.09
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	100%	0.0	99.09
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	99.18
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	99.08
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1762	99%	0.0	99.28
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	99%	0.0	98.98
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	99%	0.0	99.08

Miglior allineamento tra PA-FIC7 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415460.1 Length: 1014

Range 1: 23 to 1005

Score:1788 bits(968), Expect:0.0,

Identities:979/984(99%), Gaps:1/984(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTTGACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG 60
      ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 23 CCTT-TTCACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG 81

Query 61 CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTG 120
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 82 CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTG 141

Query 121 AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA 180
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 142 AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA 201

Query 181 GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG 240
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 202 GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG 261

Query 241 CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA 300
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 262 CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA 321

Query 301 TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAAATTA 360
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 322 TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAAATTA 381

Query 361 GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT 420
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 382 GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT 441

Query 421 GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCG 480
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 442 GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCG 501

Query 481 TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC 540
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 502 TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC 561

Query 541 GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA 600
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 562 GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA 621

```

Query	601	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGAT	660
Sbjct	622	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGGT	681
Query	661	ttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	720
Sbjct	682	TTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	741
Query	721	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	780
Sbjct	742	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	801
Query	781	ACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	840
Sbjct	802	ACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	861
Query	841	ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTT	900
Sbjct	862	ATACATCACTTGACACAACACGAATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTT	921
Query	901	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	960
Sbjct	922	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	981
Query	961	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTT	984
Sbjct	982	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTT	1005

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* PA-FIC8

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* PA-FIC8 - OQ198420 (Lunghezza 996 bp)

CCTTGTACACACCGCCCGTTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAG
CGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAAC
AAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAAT
CGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTAT
AGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTACTGTGGTGATGGACATTTTGGTRTCTCCTTAGTCGAGTAAC
TAGAATTAAGAAGTCTGTATGACTCGCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT
GCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG
AAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCAA
TGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGC
TGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGT
CTAATTCGTTTCTAATCGAAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGGCGTT
TTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTTCAGAAATTTTTCAGAGGCCCTTACA
ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTCGTTTTACGA
CCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTA ACTAGG
ATTTTCCTTAGTACGGG

Migliori dieci allineamenti di PA-FIC8

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1792	99%	0.0	99.20
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	99%	0.0	99.19
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	99%	0.0	99.19
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1783	99%	0.0	98.99
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	98.79
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1768	99%	0.0	98.79
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1768	99%	0.0	98.99
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1768	98%	0.0	99.18
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1762	98%	0.0	99.08
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1759	99%	0.0	98.79

Miglior allineamento tra PA-FIC8 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415460.1 Length: 1014

Range 1: 23 to 1005

Score:1792 bits(970), Expect:0.0,

Identities:986/994(99%), Gaps:2/994(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTTGACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG 60
      ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 23 CCTT-TTCACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG 81

Query 61 CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTG 120
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 82 CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTG 141

Query 121 AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA 180
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 142 AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA 201

Query 181 GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG 240
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 202 GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG 261

Query 241 CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA 300
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 262 CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA 321

Query 301 TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTRTCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTA 360
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct 322 TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAATTA 381

Query 361 GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT 420
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct 382 GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT 441

Query 421 GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCG 480
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct 442 GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCG 501

Query 481 TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC 540
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct 502 TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC 561

Query 541 GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA 600
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct 562 GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA 621

```

Query	601	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGAT	660
Sbjct	622	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGGT	681
Query	661	ttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	720
Sbjct	682	TTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	741
Query	721	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	780
Sbjct	742	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	801
Query	781	ACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	840
Sbjct	802	ACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	861
Query	841	ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTT	900
Sbjct	862	ATACATCACTTGACACAACACGAATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTT	921
Query	901	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	960
Sbjct	922	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	981
Query	961	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTAGTACG	994
Sbjct	982	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTTA-TACG	1014

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* PA-FIC9

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* PA-FIC9 - OQ198421 (Lunghezza 996 bp)

CCTTGTACACACCGCCCGTTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAG
 CGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAAC
 AAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAAT
 CGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTAT
 AGGTGCTCGGAGCAGTTGTATGAGCGTACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAAC
 TAGAATTAAGAAGTCTGTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT
 GCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG
 AAAACCGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCAA
 TGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGC
 TGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGT
 CTAATTCGTTTCTAATCGAAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGGCGTT
 TTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAAATTTTCAGAGGCCCTTACA
 ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTCGTTTTACGA
 CCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGG
 ATTTTCCTTAGTACGGG

Migliori dieci allineamenti di PA-FIC9

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1796	99%	0.0	99.30
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1784	99%	0.0	99.19
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1784	99%	0.0	99.19
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1781	99%	0.0	98.99
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1773	99%	0.0	98.89
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1772	99%	0.0	98.89
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1772	99%	0.0	99.09
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	98%	0.0	99.18
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1762	99%	0.0	98.89
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	0,98	0.0	99.08

Miglior allineamento tra PA-FIC9 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415460.1 Length: 1014

Range 1: 23 to 1005

Score:1796 bits(972), Expect:0.0,

Identities:987/994(99%), Gaps:2/994(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTTGACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG 60
      ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 23 CCTT - TTCACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG 81

Query 61 CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTG 120
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 82 CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTG 141

Query 121 AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA 180
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 142 AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA 201

Query 181 GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG 240
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 202 GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG 261

Query 241 CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA 300
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 262 CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA 321

Query 301 TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAAGTAAATTA 360
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 322 TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAAGTAAATTA 381

Query 361 GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT 420
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 382 GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT 441

Query 421 GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCG 480
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 442 GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCG 501

Query 481 TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC 540
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 502 TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC 561

Query 541 GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA 600
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 562 GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA 621

```

Query	601	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGAT	660
Sbjct	622	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGGT	681
Query	661	ttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	720
Sbjct	682	TTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	741
Query	721	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	780
Sbjct	742	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	801
Query	781	ACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	840
Sbjct	802	ACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	861
Query	841	ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTT	900
Sbjct	862	ATACATCACTTGACACAACACGAATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTT	921
Query	901	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	960
Sbjct	922	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	981
Query	961	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTAGTACG	994
Sbjct	982	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTTA-TACG	1014

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* PA-FIC10

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* PA-FIC10 - OQ198422 (Lunghezza 993 bp)

CTGCCCTTGTACACACCGCCCGTTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTC
 TGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCG
 TAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAAAT
 GAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTT
 CTATAGGTGCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTACTGTGGTGATGGACATTTTGGTRTCTCCTTAGTCGAG
 TMACTAGAATTAAAGAAGTCTGTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTT
 GACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTGCGGTGGATCACTCGGTTGCTAGTTC
 GATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACG
 CAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGT
 CTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGA
 TTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGG
 CGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTTCAGAAATTTTTCAGAGGCCCT
 TACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAAAATTTTCGTTTT
 ACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAAATAAC
 TAGGATTTTCCTTA

Migliori dieci allineamenti di PA-FIC10

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	100%	0.0	99.09
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1784	100%	0.0	98.99
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1783	99%	0.0	99.09
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1783	99%	0.0	99.09
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	98%	0.0	99.18
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1764	100%	0.0	98.69
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1764	100%	0.0	98.69
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1764	98%	0.0	99.08
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1757	99%	0.0	98.69
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1755	98%	0.0	99,08

Miglior allineamento tra PA-FIC10 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415460.1 Length: 1014

Range 1: 23 to 1005

Score:1786 bits(967), Expect:0.0,

Identities:984/993(99%), Gaps:1/993(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAG 60
      || ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 19 CTCCCCTT-TTCACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAG 77

Query 61 ACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGG 120
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 78 ACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGG 137

Query 121 CTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT 180
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 138 CTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT 197

Query 181 TTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTC 240
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 198 TTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTC 257

Query 241 AAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGT 300
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 258 AAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGT 317

Query 301 TGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTRTCTCCTTAGTCGAGTMACTAGAAT 360
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| |||||
Sbjct 318 TGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAAT 377

Query 361 TAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTT 420
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 378 TAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTT 437

Query 421 GACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGG 480
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 438 GACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGG 497

Query 481 TTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATT 540
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 498 TTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATT 557

Query 541 GAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGG 600
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 558 GAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGG 617

```

Query	601	TTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATT	660
Sbjct	618	TTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATT	677
Query	661	TGAttttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAA	720
Sbjct	678	TGGTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAA	737
Query	721	TCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTT	780
Sbjct	738	TCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTT	797
Query	781	GCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCT	840
Sbjct	798	GCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCT	857
Query	841	TACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAAC	900
Sbjct	858	TACAATACATCACTTGACACAACACGAATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAAC	917
Query	901	TTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAA	960
Sbjct	918	TTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAA	977
Query	961	GCGGAGGAAAAGAAACTAACTAGGATTTCTTA	993
Sbjct	978	GCGGAGGAAAAGAAACTAACTAGGATTTCTTA	1010

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* SR-SP7

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* SR-SP7 - OQ198423 (Lunghezza 993 bp)

CCTTGTACACACCGCCCGTTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAG
 CGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAAC
 AAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAAT
 CGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTAT
 AGGTGCTCGGAGCAGTTGTATGAGCGTACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCYTTAGTCGAGTAAC
 TAGAATTAAGAAGTCTGTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAAGTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT
 GCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG
 AAAACCGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCAA
 TGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGC
 TGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGT
 CTAATTCGTTTCCTAATCGAAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGGCGTT
 TTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTTCAGAAATTTTCAGAGGCCCTTACA
 ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAAATTTTCGTTTTACGA
 CCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAAATAACTAGG
 ATTTTCCTTAGTAC

Migliori dieci allineamenti di SR-SP7

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1790	100%	0.0	99.19
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1781	99%	0.0	99.09
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1781	99%	0.0	99.09
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1777	99%	0.0	98.99
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1768	99%	0.0	98.89
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	100%	0.0	98.79
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	98.99
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1762	98%	0.0	99.08
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1759	99%	0.0	98.79
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1757	98%	0.0	98.98

Miglior allineamento tra SR-SP7 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415460.1 Length: 1014

Range 1: 23 to 1005

Score:1790 bits(969), Expect:0.0,

Identities:985/993(99%), Gaps:2/993(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query  1      CCTTGACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG  60
      ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  23      CCTT - TTCACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTG  81

Query  61      CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTG  120
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  82      CTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTG  141

Query  121     AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA  180
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  142     AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGA  201

Query  181     GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG  240
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  202     GCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAG  261

Query  241     CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA  300
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  262     CGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTA  321

Query  301     TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCYTTAGTCGAGTAACTAGAAATAAA  360
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  322     TGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAAATAAA  381

Query  361     GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT  420
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  382     GAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT  441

Query  421     GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCG  480
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  442     GCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCG  501

Query  481     TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAA AAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC  540
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  502     TAGTTCGATGAAAAACGGGGCAA AAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAAC  561

Query  541     GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA  600
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  562     GCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGA  621

```

Query	601	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGAT	660
Sbjct	622	GGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGGT	681
Query	661	ttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	720
Sbjct	682	TTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGA	741
Query	721	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	780
Sbjct	742	AACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCG	801
Query	781	ACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	840
Sbjct	802	ACTGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTACA	861
Query	841	ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTT	900
Sbjct	862	ATACATCACTTGACACAACACGAATCGTTTGTGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTT	921
Query	901	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	960
Sbjct	922	CGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGG	981
Query	961	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTAGTAC	993
Sbjct	982	AGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTTA-TAC	1013

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* SR-SP8

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* SR-SP8 - OQ198424 (Lunghezza 998 bp)

GCTCTGCCTTTGTACACACCGCCGTCGCTGCCCGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTG
 CTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAG
 TCGTAAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCA
 AATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGG
 TTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTC
 GAGTCACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAA
 TTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTCTGTAG
 TTCGATGAAAACCGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGA
 ACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGC
 AGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATT
 TGATTGTCTAATTCGTTTCCCTAATCGAAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGT
 CGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAACTTAACAGTTTCGTATATTTTTTCAGAAATTTTTTCAGAGGC
 CCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTTCGT
 TTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACT
 AACTAGGATTCCTATAGA

Migliori dieci allineamenti di SR-SP8

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	99%	0.0	99.19
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	99%	0.0	99.19
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1783	99%	0.0	99.00
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1777	98%	0.0	99.29
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1775	98%	0.0	99.39
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	98%	0.0	99.29
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	99%	0.0	98.79
KM016367.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain PAC clone 2d 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1759	97%	0.0	99.38
KM016339.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain 626 clone 1a 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1759	97%	0.0	99.38
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1757	98%	0.0	98.88

Miglior allineamento tra SR-SP8 e *S. feltiae* XJ-8 - OP415460.1

Steinernema feltiae isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: MK294325.1 Length: 993

Range 1: 1 to 991

Score:1786 bits(967), Expect:0.0,

Identities:984/992(99%), Gaps:2/992(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 7  CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACT 66
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 1  CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACT 60

Query 67 GCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTT 126
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 61 GCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTT 120

Query 127 GAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTG 186
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 121 GAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTG 180

Query 187 AGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTTTCAA 246
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 181 AGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTTTCAA 240

Query 247 GCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGT 306
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 241 GCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGT 300

Query 307 ATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGAAATTA 366
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||
Sbjct 301 ATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGGCTCCTTAGTCGGTCACTAGAAATTA 360

Query 367 AGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGAC 426
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||
Sbjct 361 AGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGAC 420

Query 427 TGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTT 486
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||
Sbjct 421 TGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTT 480

Query 487 GTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAA 546
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||
Sbjct 481 GTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAA 540

Query 547 CGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTG 606
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||
Sbjct 541 CGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTG 600

```

Query	607	AGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGA	666
Sbjct	601	AGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGG	660
Query	667	tttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCG	726
Sbjct	661	TTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCG	720
Query	727	AAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCC	786
Sbjct	721	AAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCC	780
Query	787	GACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTAC	846
Sbjct	781	GACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCCCTTAC	840
Query	847	AATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTT	906
Sbjct	841	AATACATCACTTGACACAACACGTATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTT	900
Query	907	TCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCG	966
Sbjct	901	TCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCG	960
Query	967	GAGGAAAAGAACTAACTAGGATT-CCTATAG	997
Sbjct	961	GAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCT-TAG	991

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* SR-SSR10

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* SR-SSR10 - OQ600727 (Lunghezza 1000 bp)

CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGC
TCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGT
CGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTTGGATTCAA
ATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGT
TTCTATAGGTGCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTTCG
AGTCACTAGAATTAAAGAAGTCTGTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAAT
TTGACTGCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGT
TCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAA
CGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCA
GTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTT
GATTGTCTAATTCGTTTCTTAATCGAAAACGAGCTATTTTTTATTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTC
GGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAAATTTTCAGAGGCC
CTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTCGCGCAAGAAAAGAAAATTTTCGTT
TTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACCTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAAATA
ACTAGGATTTTCCTTAGTACG

Migliori dieci allineamenti di SR-SSR10

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1807	99%	0.0	99.30
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1803	99%	0.0	99.40
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1801	99%	0.0	99.40
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	99%	0.0	99.00
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1777	98%	0.0	99.39
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1772	98%	0.0	99.29
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	98.69
AY230169.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain A1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	98.20
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1764	99%	0.0	98.60
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	98%	0.0	98.89

Miglior allineamento tra SR-SSR10 e *S. feltiae* T92 - AY230185.1

Steinernema feltiae strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: AY230185.1 Length: 1022

Range 1: 12 to 1009

Score:1807 bits(978), Expect:0.0,

Identities:991/998(99%), Gaps:0/998(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGG 60
      |||
Sbjct 12 CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGG 71

Query 61 AGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAAC 120
      |||
Sbjct 72 AGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAAC 131

Query 121 GGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCAT 180
      |||
Sbjct 132 GGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCAT 191

Query 181 TATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTT 240
      |||
Sbjct 192 TATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTT 251

Query 241 TCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCA 300
      |||
Sbjct 252 TCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCA 311

Query 301 GTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGA 360
      |||
Sbjct 312 GTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGGCTCCTTAGTCGGGTCACTAGA 371

Query 361 ATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAAGTCAATTAACGTTTGATCAAT 420
      |||
Sbjct 372 ATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAAGTCAATTAACGTTTGATCAAT 431

Query 421 TTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTC 480
      |||
Sbjct 432 TTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTC 491

Query 481 GGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATA 540
      |||
Sbjct 492 GGTTTCGTAGTTCGATGAAARACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATA 551

Query 541 TTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTT 600
      |||
Sbjct 552 TTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTT 611

```

Query	601	GGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTA	660
Sbjct	612	GGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTA	671
Query	661	TTTGAtttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCT	720
Sbjct	672	TTTGGTTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCT	731
Query	721	AATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTC	780
Sbjct	732	AATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTC	791
Query	781	TTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCC	840
Sbjct	792	TTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCC	851
Query	841	CTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAA	900
Sbjct	852	CTTACAATACATCACTTGACACAACACGTATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAA	911
Query	901	ACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGT	960
Sbjct	912	ACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGT	971
Query	961	AAGCGGAGGAAAAGAAACTAACTAGGATTCCTTAGTA	998
Sbjct	972	AAGCGGAGGAAAAGAAACTAACTAGGATTCCTTAGTA	1009

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* TP-BC9

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* TP-BC9 - OQ198425 (Lunghezza 987 bp)

CCTTGTACACACCGCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAG
CGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAAC
AAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAAT
CGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTAT
AGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTCGAGTCAC
TAGAATTAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACT
GCACCAGCCGTAGGTGACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG
AAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCAA
TGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGC
TGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGT
CTAATTCGTTTCCTAATCGAAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTCGGCGTT
TTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAAATTTTCAGAGGCCCTTACA
ATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTCGTTTTACGA
CCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGG
ATTCCTA

Migliori dieci allineamenti di TP-BC9

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1779	99%	0.0	99.29
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1779	99%	0.0	99.29
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1775	99%	0.0	99.29
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1775	99%	0.0	99.39
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1775	99%	0.0	99.19
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1770	99%	0.0	99.29
KM016367.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain PAC clone 2d 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1759	98%	0.0	99.38
KM016339.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain 626 clone 1a 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1759	98%	0.0	99.38
OP415481.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-54 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1755	99%	0.0	98.78
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1753	99%	0.0	98.88

Miglior allineamento tra TP-BC9 e *S. feltiae* WG-02 - MK294325.1

Steinernema feltiae isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: MK294325.1 Length: 993

Range 1: 4 to 988

Score:1779 bits(963), Expect:0.0,

Identities:978/985(99%), Gaps:1/985(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query   3   TTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCT   62
      |||
Sbjct   4   TTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCT   63

Query   63   GCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAA   122
      |||
Sbjct   64   GCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAA   123

Query   123  CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGC   182
      |||
Sbjct   124  CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGC   183

Query   183  TTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCGTTTCAAAGCG   242
      |||
Sbjct   184  TTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCGTTTCAAAGCG   243

Query   243  TTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATG   302
      |||
Sbjct   244  TTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATG   303

Query   303  AGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGAATTAAGA   362
      |||
Sbjct   304  AGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGGCTCCTTAGTCGGGTCCTAGAATTAAGA   363

Query   363  AGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGC   422
      |||
Sbjct   364  AGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGC   423

Query   423  ACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTGTA   482
      |||
Sbjct   424  ACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTGTA   483

Query   483  GTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGC   542
      |||
Sbjct   484  GTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGC   543

Query   543  TAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGG   602
      |||
Sbjct   544  TAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGG   603

```

Query	603	GTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGAtt	662
Sbjct	604	GTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGGTTT	663
Query	663	ttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAA	722
Sbjct	664	TTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAA	723
Query	723	CGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGAC	782
Sbjct	724	CGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGAC	783
Query	783	TGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAAT	842
Sbjct	784	TGATTGGTACAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAAT	843
Query	843	ACATCACTTGACACAACACGATTTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCG	902
Sbjct	844	ACATCACTTGACACAACACGTATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCG	903
Query	903	TTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAG	962
Sbjct	904	TTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAG	963
Query	963	GAAAAGAACTAACTAGGATT-CCT	986
Sbjct	964	GAAAAGAACTAACTAGGATTTTCCT	988

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. feltiae* TP-LP10

Sequenza *consensus* di *S. feltiae* TP-LP10 - OQ198425 (Lunghezza 1000 bp)

CCTGCCCTTTGTACACACCCGCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGC
TCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGT
CGTAAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTTGGATTCAA
ATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTCTGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGT
TTCTATAGGTGCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTTCG
AGTCACTAGAATTAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA ACTTCAATTAACGTTTGATCAAT
TTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTGCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGT
TCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAA
CGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCA
GTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTTATTGAGTACCTTTTTTGGAAATGTGAATTT
GATTGTCTAATTCGTTTCTTAATCGAAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTTGGTGTTC
GGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTTCAGAAATTTTTCAGAGGCC
CTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTCGCGCAAGAAAAGAAA ACTTTTTCGTT
TTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAA ACTA
ACTAGGATTTTCCTTAGTACG

Migliori dieci allineamenti di TP-LP10

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AY230185.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1807	99%	0.0	99.30
MK294320.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1803	99%	0.0	99.40
MK294325.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate WG-02 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1801	99%	0.0	99.40
OP415460.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-8 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	99%	0.0	99.00
AF121050.2	<i>Steinernema feltiae</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1777	98%	0.0	99.39
AY170336.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Pumping Station 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1772	98%	0.0	99.29
OP415466.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	98.69
AY230169.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain A1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1766	99%	0.0	98.20
OP415468.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1764	99%	0.0	98.60
OP415474.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-42 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	98%	0.0	98.89

Miglior allineamento tra TP-LP10 e *S. feltiae* T92 - AY230185.1

Steinernema feltiae strain T92 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: AY230185.1 Length: 1022

Range 1: 12 to 1009

Score:1807 bits(978), Expect:0.0,

Identities:991/998(99%), Gaps:0/998(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGG 60
      |||
Sbjct 12 CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGG 71

Query 61 AGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAAC 120
      |||
Sbjct 72 AGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAAC 131

Query 121 GGCTTGAACCGGGCAAAGTCTGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCAT 180
      |||
Sbjct 132 GGCTTGAACCGGGCAAAGTCTGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCAT 191

Query 181 TATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTT 240
      |||
Sbjct 192 TATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTT 251

Query 241 TCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCA 300
      |||
Sbjct 252 TCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCA 311

Query 301 GTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGTCTCCTTAGTCGAGTCACTAGA 360
      |||
Sbjct 312 GTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTTGGTGGCTCCTTAGTCGGGTCACTAGA 371

Query 361 ATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAAT 420
      |||
Sbjct 372 ATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGATCAAT 431

Query 421 TTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTC 480
      |||
Sbjct 432 TTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTC 491

Query 481 GGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATA 540
      |||
Sbjct 492 GGTTTCGTAGTTCGATGAAARACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATA 551

Query 541 TTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTT 600
      |||
Sbjct 552 TTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTT 611

```

Query	601	GGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTA	660
Sbjct	612	GGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTTCGATTAGTTA	671
Query	661	TTTGAttttttttATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCT	720
Sbjct	672	TTTGGTTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTTGATTGTCTAATTCGTTTCCT	731
Query	721	AATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTC	780
Sbjct	732	AATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTC	791
Query	781	TTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCC	840
Sbjct	792	TTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTCAGAGGCC	851
Query	841	CTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAA	900
Sbjct	852	CTTACAATACATCACTTGACACAACACGTATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAA	911
Query	901	ACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGT	960
Sbjct	912	ACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGT	971
Query	961	AAGCGGAGGAAAAGAAACTAACTAGGATTTCTTAGTA	998
Sbjct	972	AAGCGGAGGAAAAGAAACTAACTAGGATTTCTTAGTA	1009

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. kraussei* CT-EPL1

Sequenza consensus di *S. kraussei* CT-EPL1 - OQ198332 (Lunghezza 967 bp)

TGCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCG
 AGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCG
 GAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGT
 TCGAAGCGATGATTTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGTG
 CGTGACTGTGGTATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAAGTAAATTAAGAAGTCTGATACGACTCGCCGT
 TCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATC
 AAGTCTTGTGCGTGGATCACTCGGTTCTGTAGTTCTGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGA
 ATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGT
 TTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTTGCAGTCCGCCGTGACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCT
 GCATTGCTGATCGAGTACCTGTTTGGTATGTGAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTCCCTTACTGAAACGAG
 CTATCTTTGAATTTCTGTGCGTTGTATCTTTGGTGTTCGGCGCGTTTTCTTGCCGACTGAATTTGTACGGAC
 GTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAATGTTACATCACTCGACACAACACGTTTCG
 TTTGTTGAATAATCGCGCAAGAAAAGAACTTTTCGTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCTG
 AACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCTTAGTACG

Migliori dieci allineamenti di CT-EPL1

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AB243442.1	<i>Steinernema kraussei</i> genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence	1751	99%	0.0	99.48
OP415626.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain XJ-30 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1749	99%	0.0	99.38
KC608622.1	<i>Steinernema kraussei</i> isolate 400 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1748	98%	0.0	99.69
KY819012.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Skr_LUB small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1724	99%	0.0	98.96
KM016397.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 4d 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1718	98%	0.0	99.37
KM016390.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 3b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1701	98%	0.0	98.95
KM016380.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 1b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1701	98%	0.0	98.95
AY230175.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Westfalia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1700	99%	0.0	98.44
KM016388.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 2e 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1698	98%	0.0	98.85
KM016387.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 2d 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1694	98%	0.0	98.84

Miglior allineamento tra CT-EPL1 e *S. kraussei* - AB243442.1

Steinernema kraussei genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence

Sequence ID: AB243442.1 Length: 1019

Range 1: 43 to 1006

Score:1751 bits(948), Expect:0.0,

Identities:959/964(99%), Gaps:1/964(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 3      CCGGGACTGAGTTGTTTCGAG-AAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATC 61
          |||
Sbjct 43      CCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATC 102

Query 62     GTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGT 121
          |||
Sbjct 103     GTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGT 162

Query 122    TTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAA 181
          |||
Sbjct 163    TTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAA 222

Query 182    TGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCT 241
          |||
Sbjct 223    TGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCT 282

Query 242    ATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACAT 301
          |||
Sbjct 283    ATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACAT 342

Query 302    TTGAGTTCTTCTGGAAGTAGAATTAAGAAGTCTGATACGACTCGCCGTTCTTAAAAAAC 361
          |||
Sbjct 343    TTGAGTTCTTCTGGAAGTAGAATTAAGAAGTCTGATACGACTCGCCGTTCTTAAAAAAC 402

Query 362    TTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCA 421
          |||
Sbjct 403    TTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCA 462

Query 422    AGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTAT 481
          |||
Sbjct 463    AGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTAT 522

Query 482    TTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGG 541
          |||
Sbjct 523    TTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGG 582

Query 542    TTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGT 601
          |||
Sbjct 583    TTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGT 642

```

Query	602	GACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCTGCATTGCTGATCGAGTACCTGTTTGGTATGT	661
Sbjct	643	GACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCTGCATTGCTGATCGAGTACCTGTTTGGTATGT	702
Query	662	GAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTCCCTTACTGAAACGAGCTATCTTTGAATTCTGTGCGT	721
Sbjct	703	AAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTCCCTTACTGAAACGAGCTATCTTTGAATTCTGTGCGT	762
Query	722	TGTATCTTTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGCCGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACG	781
Sbjct	763	TGTATCTTTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGCCGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACG	822
Query	782	TATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAATGTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGT	841
Sbjct	823	TATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAGGTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGT	882
Query	842	TTGTTGAATAATCGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGAC	901
Sbjct	883	TTGTTGAATAATCGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGAC	942
Query	902	TACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTTCCTT	961
Sbjct	943	TACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTTCCTT	1002
Query	962	AGTA 965	
Sbjct	1003	AGTA 1006	

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. kraussei* CT-EPL3

Sequenza *consensus* di *S. kraussei* CT-EPL3 - OQ211101 (Lunghezza 966 bp)

TGCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAACGGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGC
 GAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGC
 GGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGT
 TTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGT
 GCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAAGTGAATTAAGAAGTCTGTTACGACTCGCCG
 TTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTAT
 CAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTCTGTAGTTCTGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTG
 AATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATG
 TTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTTGCACTCCGCCGTGACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATC
 TGCATTGCTGATCGAGTACCTGTTTGGTATGTAAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTTCCCTTACTGAAACGA
 GCTATCTTTGAATTCTGTGCTTTGTATCTTTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGCCGACTGAATTGTACGGA
 CGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAGGTTACATCACTCGACACAACACGTTTC
 GTTTGTTGAATAATCGCGCAAGAAAGAAAATTTTCGTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCT
 GAACCTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAAATAACTAGGATTTTCCTTAGTA

Migliori dieci allineamenti di CT-EPL3

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415626.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain XJ-30 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1764	99%	0.0	99.79
AB243442.1	<i>Steinernema kraussei</i> genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence	1759	99%	0.0	99.59
KC608622.1	<i>Steinernema kraussei</i> isolate 400 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1755	98%	0.0	99.79
KY819012.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Skr_LUB small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1725	99%	0.0	98.96
KM016397.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 4d 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1725	98%	0.0	99.47
KM016396.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 4c 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1709	98%	0.0	99.06
KM016390.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 3b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1709	98%	0.0	99.06
KM016380.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 1b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1709	98%	0.0	99.06
AY230175.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Westfalia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1705	99%	0.0	98.55
KM016388.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 2e 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1703	98%	0.0	98.95

Miglior allineamento tra CT-EPL3 e *S. kraussei* - OP415626.1

Steinernema kraussei strain XJ-30 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415626.1 Length: 995

Range 1: 30 to 990

Score:1764 bits(955), Expect:0.0,

Identities:959/961(99%), Gaps:0/961(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 3   CCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATC 62
          |||
Sbjct 30   CCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATC 89

Query 63   GTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGT 122
          |||
Sbjct 90   GTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGT 149

Query 123  TTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAA 182
          |||
Sbjct 150  TTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAA 209

Query 183  TGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCT 242
          |||
Sbjct 210  TGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCT 269

Query 243  ATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACAT 302
          |||
Sbjct 270  ATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACAT 329

Query 303  TTGAGTTCTTCTGGAAGTGAATTAAGAAGTCTGTTACGACTCGCCGTTCTTAAAAAAC 362
          |||
Sbjct 330  TTGAGTTCTTCTGGAAGTGAATTAAGAAGTCTGTTACGACTCGCCGTTCTTAAAAAAC 389

Query 363  TTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCA 422
          |||
Sbjct 390  TTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCA 449

Query 423  AGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTAT 482
          |||
Sbjct 450  AGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTAT 509

Query 483  TTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGG 542
          |||
Sbjct 510  TTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGG 569

Query 543  TTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGT 602
          |||
Sbjct 570  TTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGT 629

```

Query	603	GACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCTGCATTGCTGATCGAGTACCTGTTTGGTATGT	662
Sbjct	630	GACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCTGCATTGCTGATCGAGCACCTGTTTGGTATGT	689
Query	663	AAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTCCCTTACTGAAACGAGCTATCTTTGAATTCTGTGCTT	722
Sbjct	690	AAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTCCCTTACTGAAACGAGCTATCTTTGAATTCTGTGCGT	749
Query	723	TGTATCTTTGGTGTTCGCGCGCTTTCTTGCCGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACG	782
Sbjct	750	TGTATCTTTGGTGTTCGCGCGCTTTCTTGCCGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACG	809
Query	783	TATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAGGTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGT	842
Sbjct	810	TATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAGGTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGT	869
Query	843	TTGTTGAATAATCGCGCAAGAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGAC	902
Sbjct	870	TTGTTGAATAATCGCGCAAGAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGAC	929
Query	903	TACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTT	962
Sbjct	930	TACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTT	989
Query	963	A 963	
Sbjct	990	A 990	

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. kraussei* CT-EPL14

Sequenza *consensus* di *S. kraussei* CT-EPL14 - OR758839 (Lunghezza 963 bp)

TGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTC
 TGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCG
 TAACAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAAT
 GAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTTGTTTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTT
 CTGTAGGTGCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAAGTACA
 ATTAAGAAGTCTGWTACGACTCGCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCAC
 CAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCAAGTCTTGTGCGGTGGATCACTCGGTTGTTGTTGATGAAAA
 ACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCAAATGGC
 ACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGTG
 ACTGTTCTTTCGATCAGCTACTTGTATCTGCATTGCTGATCGAGTACCTGTTWGGTATGTRAACTTTTGTAT
 AGTCTAATTCGTTTYCTTAATGWAACGAGCTATCTTTGAATTTCTGTGCKTTGTATATTTGGTGTTCGGCG
 CGTTTCTTGCCGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAK
 GTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGTTTGTGTAATAATYCGCAAGAAAAGAACTTTTCGTTTACG
 ACCTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAG

Migliori dieci allineamenti di CT-EPL14

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
KY819012.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Skr_LUB small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1742	100%	0.0	99.07
AB243442.1	<i>Steinernema kraussei</i> genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence	1727	100%	0.0	98.75
KC608622.1	<i>Steinernema kraussei</i> isolate 400 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1724	99%	0.0	98.95
OP415626.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain XJ-30 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1722	99%	0.0	98.85
AY230175.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Westfalia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1718	100%	0.0	98.55
KJ696686.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain OS 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1707	98%	0.0	98.74
KM016397.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 4d 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1701	98%	0.0	98.63
KM016390.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 3b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1685	98%	0.0	98.23
KM016383.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 1e 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1681	98%	0.0	98.22
KM016381.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 1c 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1681	98%	0.0	98.22

Miglior allineamento tra CT-EPL14 e *S. kraussei* - KY819012.1

Steinernema kraussei strain Skr_LUB small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: KY819012.1 Length: 1001

Range 1: 1 to 963

Score:1742 bits(943), Expect:0.0,

Identities:954/963(99%), Gaps:0/963(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 TGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAG 60
      |||
Sbjct 1 TGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAG 60

Query 61 ACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGG 120
      |||
Sbjct 61 ACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGG 120

Query 121 CTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT 180
      |||
Sbjct 121 CTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT 180

Query 181 TTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTC 240
      |||
Sbjct 181 TTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTC 240

Query 241 GAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGT 300
      |||
Sbjct 241 GAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGT 300

Query 301 TGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAACTAGAATTAAGAAG 360
      |||
Sbjct 301 TGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAACTAGAATTAAGAAG 360

Query 361 TCTGWTACGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCAC 420
      |||
Sbjct 361 TCTGCTACGACTCGCCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCAC 420

Query 421 CAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTCTGAGT 480
      |||
Sbjct 421 CAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTCTGAGT 480

Query 481 TCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTA 540
      |||
Sbjct 481 TCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTA 540

Query 541 AAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGT 600
      |||
Sbjct 541 AAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGT 600

```

```
Query 601 CGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGTGACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCTGC 660
          |||
Sbjct 601 CGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGTGACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCTGC 660

Query 661 ATTGCTGATCGAGTACCTGTTWGGTATGTRAACCTTTTGATAGTCTAATTCGTTYCTTAAT 720
          |||
Sbjct 661 TTTGCTGATCGAGTACCTGTTAGGTATGTGAACCTTTTGATAGTCTAATTCGTTTCTTAAT 720

Query 721 GWAACGAGCTATCTTTGAATTCTGTGCKTTGTATATTTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGC 780
          | |||
Sbjct 721 GTAACGAGCTATCTTTGAATTCTGTGCTTTGTATATTTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGC 780

Query 781 CGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAK 840
          |||
Sbjct 781 CGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAT 840

Query 841 GTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGTTTGTGAATAATYGCGCAAGAAAGAACTTT 900
          |||
Sbjct 841 GTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGTTTGTGAATAATTGCGCAAGAAAGAACTTT 900

Query 901 TCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCG 960
          |||
Sbjct 901 TCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCG 960

Query 961 GAG 963
          |||
Sbjct 961 GAG 963
```

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. kraussei* CT-EPL17

Sequenza consensus di *S. kraussei* CT-EPL17 - OQ600725 (Lunghezza 993 bp)

TGCCCTTTGTACACACCGCCGTCGCTGCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTG
 AGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTA
 ACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGA
 ATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTTGTTTCGAAGCGATGATTTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTTTCT
 GTAGGTGCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAAGTAAAT
 TAAAGAAGTCTGTTACGACTCGCGTTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCA
 GCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCAAGTCTTGTGCGTGGATCACTCGGTTGTTGTTGATGAAAAAC
 GGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCAC
 TATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGTGAC
 TGTTCTTTCGATCAGCTACTTGTATCTGCATTGCTGATCGAGTACCTGTTTGGTATGTAACTTTTTGATAG
 TCTAATTCGTTCCCTTACTGAAACGAGCTATCTTTGAATTTCTGTGCGTTGTATCTTTGGTGTTCGGCGCG
 TTTCTTGCCGACTGAATTTGTACGGACGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAGGT
 TACATCACTCGACACAACACGTTTCGTTTGTGTAATAATCGCGCAAGAAAAGAACTTTTCGTTTACGAC
 CTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGA
 TTTCTTAGTACG

Migliori dieci allineamenti di CT-EPL17

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AB243442.1	<i>Steinernema kraussei</i> genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence	1805	99%	0.0	99.50
OP415626.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain XJ-30 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1801	99%	0.0	99.60
KC608622.1	<i>Steinernema kraussei</i> isolate 400 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	98%	0.0	99.69
KY819012.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Skr_LUB small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1760	99%	0.0	98.69
KM016397.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 4d 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1751	97%	0.0	99.38
AY230175.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Westfalia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1740	99%	0.0	98.29
KM016396.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 4c 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1735	97%	0.0	98.97
KM016390.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 3b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1735	97%	0.0	98.97
KM016388.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 2e 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1729	97%	0.0	98.87
KM016385.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 2b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1729	97%	0.0	98.87

Miglior allineamento tra CT-EPL17 e *S. kraussei* - AB243442.1

Steinernema kraussei genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence

Sequence ID: AB243442.1 Length: 1019

Range 1: 14 to 1006

Score:1805 bits(977), Expect:0.0,

Identities:988/993(99%), Gaps:2/993(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1      TGCCCTTTGTACACACCGCC -GTCGCTG -CCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAG 58
          |||
Sbjct 14     TGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAG 73

Query 59     ACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGG 118
          |||
Sbjct 74     ACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGG 133

Query 119    CTTGAACCGGGCAAAGTCTGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT 178
          |||
Sbjct 134    CTTGAACCGGGCAAAGTCTGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT 193

Query 179    TTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTTC 238
          |||
Sbjct 194    TTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTTC 253

Query 239    GAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGT 298
          |||
Sbjct 254    GAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGT 313

Query 299    TGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAACTAGAAATTAAGAAG 358
          |||
Sbjct 314    TGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAACTAGAAATTAAGAAG 373

Query 359    TCTGTTACGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCAC 418
          |||
Sbjct 374    TCTGATACGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCAC 433

Query 419    CAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGT 478
          |||
Sbjct 434    CAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGT 493

Query 479    TCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTA 538
          |||
Sbjct 494    TCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTA 553

Query 539    AAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGT 598
          |||
Sbjct 554    AAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGT 613

```

Query	599	CGATTAATTCGTAACCTTGCAGTCCGCCGTGACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCTGC	658
Sbjct	614	CGATTAATTCGTAACCTTGCAGTCCGCCGTGACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATCTGC	673
Query	659	ATTGCTGATCGAGTACCTGTTTGGTATGTAAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTCCCTTACT	718
Sbjct	674	ATTGCTGATCGAGTACCTGTTTGGTATGTAAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTCCCTTACT	733
Query	719	GAAACGAGCTATCTTTGAATTCTGTGCGTTGTATCTTTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGC	778
Sbjct	734	GAAACGAGCTATCTTTGAATTCTGTGCGTTGTATCTTTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGC	793
Query	779	CGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAG	838
Sbjct	794	CGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAG	853
Query	839	GTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGTTTGTGAATAATCGCGCAAGAAAGAACTTT	898
Sbjct	854	GTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGTTTGTGAATAATCGCGCAAGAAAGAACTTT	913
Query	899	TCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCTGAACCTAAGCATATCAGTAAGCG	958
Sbjct	914	TCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCTGAACCTAAGCATATCAGTAAGCG	973
Query	959	GAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCCCTTAGTA	991
Sbjct	974	GAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTCCCTTAGTA	1006

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. kraussei* CT-MSP9

Sequenza consensus di *S. kraussei* CT-MSP9 - OR758846 (Lunghezza 968 bp)

TGCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAACGGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGC
 GAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGC
 GGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGT
 TTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGT
 GCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTCTGGAAGTGAATTAAGAAGTCTGWTACGACTCGCCG
 TTCTTAAAAAATCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTAT
 CAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTCTGTAGTTCTGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTG
 AATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATG
 TTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTTGCACTCCGCCGTGACTGTTCTTTTCGATCAGCTACTTGATC
 TGCATTGCTGATCGAGTACCTGTTWGGTATGTRAACTTTTGATAGTCTAATTCGTTCCCTTACTGAAACGA
 GCTATCTTTGAATTTCTGTGCKTTGTATCTTTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGCCGACTGAATTTGTACGGA
 CGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTATTCAGATGCCCTAAKGTACATCACTCGACACAACACGTTTC
 GTTTGTTGAATAATCGCGCAAGAAAAGAACTTTTTCGTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGACTACCCGCT
 GAACCTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTTTCCTTAGTACG

Migliori dieci allineamenti di CT-MSP9

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OP415626.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain XJ-30 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1753	99%	0.0	99.28
AB243442.1	<i>Steinernema kraussei</i> genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence	1751	99%	0.0	99.27
KC608622.1	<i>Steinernema kraussei</i> isolate 400 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1748	98%	0.0	99.48
KY819012.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Skr_LUB small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1727	99%	0.0	98.86
KM016397.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 4d 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1718	98%	0.0	99.16
AY230175.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain Westfalia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1703	99%	0.0	98.34
KM016390.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 3b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1701	98%	0.0	98.74
KM016380.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 1b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1701	98%	0.0	98.74
KM016396.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 4c 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1696	98%	0.0	98.64
KM016388.1	<i>Steinernema kraussei</i> strain HOK22 clone 2e 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1696	98%	0.0	98.64

Miglior allineamento tra CT-MSP9 e *S. kraussei* - OP415626.1

Steinernema kraussei strain XJ-30 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415626.1 Length: 995

Range 1: 30 to 994

Score:1753 bits(949), Expect:0.0,

Identities:959/966(99%), Gaps:1/966(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query   3   CCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATC   62
      |||
Sbjct  30   CCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATC   89

Query   63   GTTGC GCGGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGT   122
      |||
Sbjct  90   GTTGC GCGGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGT   149

Query   123  TTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAAA   182
      |||
Sbjct  150  TTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAAA   209

Query   183  TGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCT   242
      |||
Sbjct  210  TGAATCGAGCTGAATCTTTGCTGTTTGTTCGAAGCGATGTATTCTCTCAACTAACGGCT   269

Query   243  ATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACAT   302
      |||
Sbjct  270  ATGAAGGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGACAT   329

Query   303  TTGAGTTCTTCTGGAAGTGAATTAAGAAGTCTGWTACGACTCGCCGTTCTTAAAAAAC   362
      |||
Sbjct  330  TTGAGTTCTTCTGGAAGTGAATTAAGAAGTCTGTTACGACTCGCCGTTCTTAAAAAAC   389

Query   363  TTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCA   422
      |||
Sbjct  390  TTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTAATTAAGATTTATCA   449

Query   423  AGTCTTGTCGGTGGATCACTCGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTAT   482
      |||
Sbjct  450  AGTCTTGTCGGTGGATCACTCGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTAT   509

Query   483  TTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGG   542
      |||
Sbjct  510  TTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGG   569

Query   543  TTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGT   602
      |||
Sbjct  570  TTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGCCGT   629

```


Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *H. bacteriophora* CL-BG9H

Sequenza consensus di *H. bacteriophora* CT-MSP9 - OQ600724 (Lunghezza 1006 bp)

CCTTGACACACC GCCCGCTCGCTGTCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTGGG
 GCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAA
 GGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGA
 TCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCCTTGATTTCAATCGGTTTCTACCCCATCTAAGCTCATGGAGAG
 GTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAAATGGGTATGTTCCCGTGAGGGTTCG
 AGCATAGACTTTATGAACAGTGTGGAGCTGTCGCCTACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGT
 GTGACATTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTCTGTCATCTGACCTAC
 AACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCGTGTTAATACATACTGGCAAAGT
 GTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACC
 ACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTTGAACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGT
 CTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGCGAAAAGTGTGAAAAGTTTCATTAACGAGAGTTCGGTGATACTGACAA
 CACTACGTCGAGCGGTGTAAGTGTGAAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTAT
 ACGGAGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGTCGTATA
 CACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGATTACCCGCCGAA
 CTTAAGCATATCATTCAGCGGAGAAA

Migliori dieci allineamenti di CL-BG9H

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AY321477.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1840	99%	0.0	99.80
MG559563.2	<i>Heterorhabditis sp.</i> isolate DH7 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1834	99%	0.0	99.70
EU716335.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain J172 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1832	99%	0.0	99.60
OD921255.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, clone SVF-20	1827	99%	0.0	99.50
MK072810.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> isolate CH21 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1825	99%	0.0	99.70
EU848594.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain 63-C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1821	100%	0.0	99.40
EF043438.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain HP88 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1821	99%	0.0	99.40
EU796073.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain 42-C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1818	99%	0.0	99.40
AY170328.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain NJ 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1814	99%	0.0	99.40
KT378448.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> isolate N54 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1810	97%	0.0	99.90

Miglior allineamento tra CT-BG9H e *H. bacteriophora* - AY321477.1

Heterorhabditis bacteriophora 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: AY321477.1 Length: 1021

Range 1: 1 to 1003

Score:1840 bits(996), Expect:0.0,

Identities:1001/1003(99%), Gaps:1/1003(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query  5      GTACACACCGCCCCTCGCTGTCCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGT  64
          |||
Sbjct  1      GTACACACCGCCCCTCGCTGTCCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGT  60

Query  65      ATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGG  124
          |||
Sbjct  61      ATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGG  120

Query  125     GCAAAAAGTCGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTT  184
          |||
Sbjct  121     GCAAAAAGTCGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTT  180

Query  185     ATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCTTGATTT  244
          |||
Sbjct  181     ATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCTTGATTT  240

Query  245     CAATCGGTTTCTACCCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGC  304
          |||
Sbjct  241     CAATCGGTTTCTACCCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGC  300

Query  305     TTTGAGTGACGGCTATGAAAATTGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACTTTAT  364
          |||
Sbjct  301     TTTGAGTGACGGCTATGAAAATTGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACTTTAT  360

Query  365     GAACAGTGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGA  424
          |||
Sbjct  361     GAACAGTGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGA  420

Query  425     CATTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTTCGTGTCATCTG  484
          |||
Sbjct  421     CATTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTTCGTGTCATCTG  480

Query  485     ACCTACAACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCGTGTTAA  544
          |||
Sbjct  481     ACCTACAACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCGTGTTAA  540

Query  545     TACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATCGATGAA  604
          |||
Sbjct  541     TACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATCGATGAA  600

```

Query	605	AAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTTG	664
Sbjct	601	AAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTTG	660
Query	665	AACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGC	724
Sbjct	661	AACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGC	720
Query	725	GAAAGTGTGAAAGTTCATTAACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGTCGAGCG	784
Sbjct	721	GAAAGTGTGAAAGTTCATTAACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGTCGAGCG	780
Query	785	GTGTACTGTTGAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTATACGG	844
Sbjct	781	GTGTACTGTTGAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTATATGG	840
Query	845	AGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGT	904
Sbjct	841	AGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGT	900
Query	905	CGTATACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTC	964
Sbjct	901	CGTATACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTC	960
Query	965	GTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATATCATTTCAGCGGAG - AAA	1006
Sbjct	961	GTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATATCATTTCAGCGGAGGAAA	1003

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *H. bacteriophora* CT-FFG5H

Sequenza consensus di *H. bacteriophora* CT-FFG5H - OQ211103 (Lunghezza 1010 bp)

TCGGGAATGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAAA
 CCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATG
 GATCATCGCCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTT
 CTTGATTTCAATCGGTTTCTCACCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATGGAGTCGCTT
 TGAGTGACGGCTATGAAAAATGGGTATGTTCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACTTTATGAACAGTGTCTGG
 AGCTGTCGCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGACATTAGTCACATAGGTATCTGC
 TGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTCTGTCATCTGACCTACAACCGCCAGTATCGGTAATCAACC
 AATTAACCTGTTTCTTGTGTCGTGTTAATACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTT
 GATTCGCGTATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTG
 AAGTTTTGAACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGCTCGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGCGA
 AAGTGTGAAAAGTTTCATTAACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGTCGAGCGGTGTAAGTTGA
 AAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTATATGGAGACATGAAAGATATTAAGAGT
 ATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGTCGTATACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATG
 AATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATATCATTCAGCGGAGGAA
 AAGAACTAACTAGGATTCCCTTAGTACGG

Migliori dieci allineamenti di CT-FFG5H

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OD921255.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, clone SVF-20	1832	99%	0.0	99.41
EF043438.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain HP88 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1832	99%	0.0	99.41
AY321477.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1832	98%	0.0	99.80
MG559563.2	<i>Heterorhabditis sp.</i> isolate DH7 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1827	98%	0.0	99.70
EU715293.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain 89-C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1821	97%	0.0	99.90
MK072810.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> isolate CH21 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1818	98%	0.0	99.70
EU716335.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain J172 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1797	96%	0.0	99.80
EU699435.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain 153-C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1792	96%	0.0	99.80
AY170328.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain NJ 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1792	98%	0.0	99.00
EU848594.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain 63-C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	97%	0.0	99.59

Miglior allineamento tra CT-FFG5H e *H. bacteriophora* - OD921255.1

Heterorhabditis bacteriophora genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, clone SVF-20

Sequence ID: OD921255.1 Length: 1063

Range 1: 44 to 1054

Score:1832 bits(992), Expect:0.0,

Identities:1005/1011(99%), Gaps:2/1011(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query  2      CGGGAATGAGCTG-TTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGT  60
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  44      CGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGT  103

Query  61      ATGATGGAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTATC  120
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  104     ATGATGGAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTATC  163

Query  121     TGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGA  180
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  164     TGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGA  223

Query  181     GAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCTTGATTTCAATCGGTTTCTCACCCCATCT  240
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  224     GAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCTTGATTTCAATCGGTTTCTCACCCCATCT  283

Query  241     AAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAAT  300
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  284     AAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAAT  343

Query  301     TGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACTTTATGAACAGTGCTGGAGCTGTCGCC  360
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  344     TGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACTTTATGAACAGTGCTGGAGCTGTCGCC  403

Query  361     TCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGACATTAGTCACATAGGTATCTGC  420
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  404     TCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGACATTAGTCACATAGGTATCTGC  463

Query  421     TGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTCTGTGTCATCTGACCTACAACCGCCAGTATCGGT  480
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  464     TGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTCTGTGTCATCTGACCTACAACCGCCAGTATCGGT  523

Query  481     AAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCGTGTTAATACATACTGGCAAAGTGATTA  540
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  524     AAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCGTGTTAGTACATACTGGCAAAGTGATTA  583

Query  541     GCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATT  600
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct  584     GCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATT  643

```

Query	601	TACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTTGAACGCACAGCGCCGTTGGGTTT	660
Sbjct	644	TACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTTGAACGTACAGCGCCGTTGGGTTT	703
Query	661	TCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGCGAAAGTGTTGAAAGTTCATTAA	720
Sbjct	704	TCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGCGAAAGTGTTGAAAGTTCATTAA	763
Query	721	ACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGTTCGAGCGGTGTACTGTTGAAAGTACCCCG	780
Sbjct	764	ACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTATGTTCGAGCGGTGTACTGTTGAAAGTACCCCG	823
Query	781	TTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTATATGGAGACATGAAAGATATTAAGAGT	840
Sbjct	824	TTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTATATGGAGACATGAAAGATATTAAGAGT	883
Query	841	ATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGTCGTATACACGGCTAGGAGGTAT	900
Sbjct	884	ATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGTCGTATACACGGCTAGGAGGTAT	943
Query	901	GTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAG	960
Sbjct	944	GTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAG	1003
Query	961	CATATCATTACAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCCTTAGTA - CGG	1010
Sbjct	1004	CATATCATTACAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCCTTAGTAACGG	1054

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *H. bacteriophora* SR-SP7H

Sequenza consensus di *H. bacteriophora* SR-SP7H - OQ211104 (Lunghezza 1037 bp)

CCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGTCCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTG
 GGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAAC
 AAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGAGA
 GATTGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCCTTGATTTCAATCGGTTTCTCACCCATCTAAGCTCATGGAG
 AGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAAATGGGTATGTTCCCGTGAGGGT
 CGAGCATAGACTTTATGAACAGTGTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTAT
 GTGTGACGTTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTCTGTCATCTGACCT
 ACAACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCGTGTTAATACATACTGGCAA
 GTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTCGCGTATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTA
 CCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTTGAACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCAC
 GTCTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGCGAAAAGTGTGAAAAGTTTCATTAATGAGAGTTCGGTGATACTGAC
 AACACTACGTCGAGCGGTGTAAGTGTGAAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCT
 ATACGGAGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGATGAAATATGACGTGTGCGTA
 TACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAGTTTGTAAATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGATTACCCGCC
 AACTTAAGCATATCATTCAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCCTTAGTACG

Migliori dieci allineamenti di SR-SP7H

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OD921255.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, clone SVF-20	1862	99%	0.0	99.13
EF043438.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain HP88 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1857	99%	0.0	99.03
AY321477.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1853	98%	0.0	99.41
MG559563.2	<i>Heterorhabditis</i> sp. isolate DH7 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1847	98%	0.0	99.31
MK072810.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> isolate CH21 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1829	97%	0.0	99.31
AY170328.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain NJ 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1821	98%	0.0	98.83
OP434533.1	<i>Heterorhabditis</i> sp. XJ-55 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1812	95%	0.0	99.70
EU716335.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain J172 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1808	97%	0.0	99.01
OP434534.1	<i>Heterorhabditis</i> sp. XJ-91 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1807	94%	0.0	99.80
KC633184.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1803	97%	0.0	98.54

Miglior allineamento tra SR-SP7H e *H. bacteriophora* - OD921255.1

Heterorhabditis bacteriophora genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, clone SVF-20

Sequence ID: OD921255.1 Length: 1063

Range 1: 16 to 1050

Score:1862 bits(1008), Expect:0.0,

Identities:1026/1035(99%), Gaps:0/1035(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query  1      CCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGTCCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGAC  60
          |||
Sbjct  16      CCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGTCCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGAC  75

Query  61      TGCTGTATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAACCATTTTAATCGCAATGGCTTG  120
          |||
Sbjct  76      TGCTGTATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAACCATTTTAATCGCAATGGCTTG  135

Query  121     AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGA  180
          |||
Sbjct  136     AACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGA  195

Query  181     AACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGATTGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCT  240
          |||
Sbjct  196     AACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCT  255

Query  241     TGATTTCAATCGGTTTCTCACCCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGG  300
          |||
Sbjct  256     TGATTTCAATCGGTTTCTCACCCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGG  315

Query  301     AGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAATTGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCATAGA  360
          |||
Sbjct  316     AGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAATTGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCATAGA  375

Query  361     CTTTATGAACAGTGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTAT  420
          |||
Sbjct  376     CTTTATGAACAGTGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTAT  435

Query  421     GTGTGACGTTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTGCGT  480
          |||
Sbjct  436     GTGTGACATTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTGCGT  495

Query  481     CATCTGACCTACAACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCG  540
          |||
Sbjct  496     CATCTGACCTACAACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCG  555

Query  541     TGTTAATACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATC  600
          |||
Sbjct  556     TGTTAGTACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATC  615

```

Query	601	GATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAA	660
Sbjct	616	GATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAA	675
Query	661	GTTTTGAACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTA	720
Sbjct	676	GTTTTGAACGTACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTA	735
Query	721	ATAAGCGAAAGTGTTGAAAGTTCATTAATGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGT	780
Sbjct	736	ATAAGCGAAAGTGTTGAAAGTTCATTAACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTATGT	795
Query	781	CGAGCGGTGTACTGTTGAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCT	840
Sbjct	796	CGAGCGGTGTACTGTTGAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCT	855
Query	841	ATACGGAGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATG	900
Sbjct	856	ATATGGAGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATG	915
Query	901	ACGTGTCGTATACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAGTTTGTTAATGCAACCTGAGC	960
Sbjct	916	ACGTGTCGTATACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGC	975
Query	961	TCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATATCATTAGCGGAGGAAAAGAACTAACT	1020
Sbjct	976	TCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATATCATTAGCGGAGGAAAAGAACTAACT	1035
Query	1021	AGGATTCCCTTAGTA	1035
Sbjct	1036	AGGATTCCCTTAGTA	1050

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *H. bacteriophora* TP-LP12H

Sequenza *consensus* di *H. bacteriophora* TP-LP12H - OQ211105 (Lunghezza 1043 bp)

CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGTCCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGT
 ATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCG
 TAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCAC
 GAGAGATTGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTCTTGTATTTCAATCGGTTTCTCACCCATCTAAGCTCAT
 GGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAAATGGGTATGTTCCCGTGA
 GGGTCGAGCATAGACTTTATGAACAGTGTGGAGCTGTGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGG
 CTATGTGTGACGTTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGACCTTAATGAGTTGTTCTGTGTCATCTG
 ACCTACAACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCAATTAACCTGTTTCTTGTGTCGTGTTAATACATACTGG
 CAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTCGCGTATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTA
 TTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTTGAACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCG
 GCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGCGAAAAGTGTGAAAAGTTTCAATTAATGAGAGTTCGGTGATAC
 TGACAACACTACGTCGAGCGGTGTAAGTGTGAAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTC
 TTCTATACGGAGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGT
 CGTATACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAGTTTGTAAATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGATTACCC
 GCCGAACTTAAGCATATCATTCAGCGGAGGAAAAAGAACTAACTAGGATTCCTTAGTAACGG

Migliori dieci allineamenti di TP-LP12H

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
OD921255.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, clone SVF-20	1877	100%	0.0	99.14
EF043438.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain HP88 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1871	100%	0.0	99.04
AY321477.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1853	97%	0.0	99.41
MG559563.2	<i>Heterorhabditis</i> sp. isolate DH7 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1847	97%	0.0	99.31
MK072810.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> isolate CH21 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1829	96%	0.0	99.31
AY170328.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain NJ 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1821	97%	0.0	98.83
EU716335.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain J172 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1814	96%	0.0	99.01
OP434533.1	<i>Heterorhabditis</i> sp. XJ-55 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1812	95%	0.0	99.70
OP434534.1	<i>Heterorhabditis</i> sp. XJ-91 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1807	94%	0.0	99.80
KC633184.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1803	97%	0.0	98.54

Miglior allineamento tra TP-LP12H e *H. bacteriophora* - OD921255.1

Heterorhabditis bacteriophora genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, clone SVF-20

Sequence ID: OD921255.1 Length: 1063

Range 1: 12 to 1054

Score:1877 bits(1016), Expect:0.0,

Identities:1034/1043(99%), Gaps:0/1043(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGTCCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGG 60
      |||
Sbjct 12 CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGTCCGGGACTGAGCTGTTTCGAGAAGAGTGG 71

Query 61 AGACTGCTGTATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAAACCATTTTAATCGCAATGG 120
      |||
Sbjct 72 AGACTGCTGTATTGGGGCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAAACCATTTTAATCGCAATGG 131

Query 121 CTTGAACCGGGCAAAGTCTGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCG 180
      |||
Sbjct 132 CTTGAACCGGGCAAAGTCTGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCG 191

Query 181 CCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGATTGGTACCAATGGAATCAGGCTTG 240
      |||
Sbjct 192 CCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTG 251

Query 241 TTCTTGATTTCAATCGGTTTCTACCCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAA 300
      |||
Sbjct 252 TTCTTGATTTCAATCGGTTTCTACCCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAA 311

Query 301 TTGGAGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAATTGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCA 360
      |||
Sbjct 312 TTGGAGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAATTGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCA 371

Query 361 TAGACTTTATGAACAGTGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGG 420
      |||
Sbjct 372 TAGACTTTATGAACAGTGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGG 431

Query 421 CTATGTGTGACGTTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTTC 480
      |||
Sbjct 432 CTATGTGTGACATTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTTC 491

Query 481 GTGTCATCTGACCTACAACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGT 540
      |||
Sbjct 492 GTGTCATCTGACCTACAACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGT 551

Query 541 GTCGTGTTAATACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCG 600
      |||
Sbjct 552 GTCGTGTTAGTACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCG 611

```

Query	601	TATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGG	660
Sbjct	612	TATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGG	671
Query	661	TGAAGTTTTGAACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTG	720
Sbjct	672	TGAAGTTTTGAACGTACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTG	731
Query	721	TTTAATAAGCGAAAGTGTGAAAGTTCATTAATGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACT	780
Sbjct	732	TTTAATAAGCGAAAGTGTGAAAGTTCATTAACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACT	791
Query	781	ACGTCGAGCGGTGTACTGTTGAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTC	840
Sbjct	792	ATGTCGAGCGGTGTACTGTTGAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTC	851
Query	841	TTCTATACGGAGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAA	900
Sbjct	852	TTCTATATGGAGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAA	911
Query	901	TATGACGTGTCGTATACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAGTTTGTTAATGCAACCT	960
Sbjct	912	TATGACGTGTCGTATACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCT	971
Query	961	GAGCTCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATATCATTAGCGGAGGAAAAGAACT	1020
Sbjct	972	GAGCTCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATATCATTAGCGGAGGAAAAGAACT	1031
Query	1021	AACTAGGATTCCCTTAGTAACGG	1043
Sbjct	1032	AACTAGGATTCCCTTAGTAACGG	1054

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *H. bacteriophora* TP-SEL9H

Sequenza consensus di *H. bacteriophora* TP-SEL9H - OR755839 (Lunghezza 1027 bp)

CCGACCGTCGCTGTCGGGGAATGAAAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTGGGGCTTTCGGGGC
TCTGGTATGATGGAAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTGGTAACAAGGTATCTGTA
GGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGTAATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAA
TGGAAATCAGGCTTGTTCCTTGATTTCAATCGGTTTCTCACCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTC
CCAATTGGAGTCGCTTTGAGTGACGGCTATGAAAAATGGGTATGTTCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACT
TTATGAACAGTGTGGAGCTGTCGCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGACATTAG
TCACATAGGTATCTGGTATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTCTGTCATCTGACCTACAACCGCCAGT
ATCGGTAAATCAACCAATTAACCTTGTTCCTTGTGTCGTGTTAATACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTT
TAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCA
GACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTTGAACGCACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGG
GTTGTTTAATAAGCGAAAAGTGTGAAAAGTTTCAATTAACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGTCG
AGCGGTGTAATGAAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTATATGGAGACAT
GAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGTCGTATACACGGCTAGG
AGGTATGTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATA
TCATTCAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTTAGTAACGG

Migliori dieci allineamenti di TP-SEL9H

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
EF043438.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain HP88 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1853	100%	0.0	99.22
OD921255.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, clone SVF-20	1851	100%	0.0	99.22
AY321477.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1845	98%	0.0	99.51
MG559563.2	<i>Heterorhabditis</i> sp. isolate DH7 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1840	98%	0.0	99.41
MK072810.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> isolate CH21 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1831	98%	0.0	99.41
EU715293.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain 89-C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1816	96%	0.0	99.80
EU716335.2	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain J172 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1808	96%	0.0	99.60
AY170328.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain NJ 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1805	98%	0.0	98.72
EU848594.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain 63-C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1799	97%	0.0	99.30
EU796073.1	<i>Heterorhabditis bacteriophora</i> strain 42-C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1786	96%	0.0	99.29

Miglior allineamento tra TP-SEL9H e *H. bacteriophora* HP88 - EF043438.1

Heterorhabditis bacteriophora enomic strain HP88 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: EF043438.1 Length: 1063

Range 1: 28 to 1054

Score:1853 bits(1003), Expect:0.0,

Identities:1020/1028(99%), Gaps:2/1028(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCGACCGTCGCTGTCCGGGAATGAAGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTGGG 60
      ||| ||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 28 CCGCCCGTCGCTGTCCGGGACTG-AGCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTGGG 86

Query 61 GCTTTCGGGCTCTGGTATGATGGAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAA 120
      ||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 87 GCTTTCGGGCTCTGGTACGATGGAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGGCAAAA 146

Query 121 GTGGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGT 180
      || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 147 GTCGTAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGT 206

Query 181 AATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCTTGATTTCAATCG 240
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 207 AATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAATGGAATCAGGCTTGTTCTTGATTTCAATCG 266

Query 241 GTTTCTCACCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGCTTTGAG 300
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 267 GTTTCTCACCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGCTTTGAG 326

Query 301 TGACGGCTATGAAAATTGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACTTTATGAACAG 360
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 327 TGACGGCTATGAAAATTGGGTATGTTCCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACTTTATGAACAG 386

Query 361 TGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGACATTAG 420
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 387 TGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGACATTAG 446

Query 421 TCACATAGGTATCTGGTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTTCGTGTCATCTGACCTAC 480
      ||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 447 TCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTTCGTGTCATCTGACCTAC 506

Query 481 AACCGCCAGTATCGGTAAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGTCGTGTTAATACATA 540
      ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 507 AACCGCCGGTATCGGTAAATCAACCCAATTAACCTGTTTCTTGTCGTGTTAATACATA 566

Query 541 CTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATCGATGAAAAACGC 600
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 567 CTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTTCGCGTATCGATGAAAAACGC 626

```

Query	601	AGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGT -GGTGAAGTTTTGAACGC	659
Sbjct	627	AGCAAGCTGCGTTATTTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGGTGAAGTTTTGAACGC	686
Query	660	ACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGCGAAAG	719
Sbjct	687	ACAGCGCCGTTGGGTTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTTAATAAGCGAAAG	746
Query	720	TGTTGAAAGTTCATTA AACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGTCGAGCGGTGTA	779
Sbjct	747	TGTTGAAAGTTCATTA AACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGTCGAGCGGTGTA	806
Query	780	CTGTTGAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTATATGGAGACA	839
Sbjct	807	CTGTTGAAAGTACCCCGTTCAAGTATCTTTATGGGGCAACATGTCTTCTATATGGAGACA	866
Query	840	TGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGTCGTAT	899
Sbjct	867	TGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGTCGTAT	926
Query	900	ACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGAT	959
Sbjct	927	ACACGGCTAGGAGGTATGTCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGAT	986
Query	960	TACCCGCCGAACTTAAGCATATCATT CAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTT	1019
Sbjct	987	TACCCGCCGAACTTAAGCATATCATT CAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTT	1046
Query	1020	AGTAACGG 1027	
Sbjct	1047	AGTAACGG 1054	

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *Steinernema* sp. CL-BG2

Sequenza consensus di *Steinernema* sp. CL-BG2 - OQ623155 (Lunghezza 966 bp)

ATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCGCTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAG
 ACTGCTGCTCTGAGCGTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGG
 GCAAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTT
 GGATTCAAAATGAATCGAGTTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCGTTCGTATTCTCTCAACTAACGGCT
 TTGAATGGTTTTCTATAGATGTCTGGAGCAGCTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTT
 GTGACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCCAAAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATT
 TGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTCTGATGTT
 CGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAAC
 GCAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAG
 TCTGCTGTGACTGTTTTTCCGATTATTTACTTTGATTTTTTGATCGAGTACATTTTTTGGTATGTGAATTTTC
 GATTGCCTAATTCGTTTCTTAGTCGAAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTATTTCTGGTGTTC
 GGCGTGTTCCTTGCCGACTGATTTGTACAAACTGGAGACGGTTGGTATATTTTTCAAATTCCTTCAGAGGC
 CCTTACAGTACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTCGT
 TTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAGTAAGCG

Migliori dieci allineamenti di CL-BG2

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
AB243439.1	<i>Steinernema feltiae</i> genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence	1581	100%	0.0	96.28
JF920964.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate FUM1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	1580	100%	0.0	96.28
JF920962.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate Arak7 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	1580	100%	0.0	96.28
AY230170.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain A2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1557	100%	0.0	95.78
OP415459.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-7 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1554	98%	0.0	96.13
OP415488.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-78 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1548	98%	0.0	96.12
OP415483.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-58 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1548	98%	0.0	96.12
AY230178.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain MY9 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1548	100%	0.0	95.56
KT809344.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Ustinov 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1546	98%	0.0	96.11
KM016419.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Jakutsk 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1546	98%	0.0	96.12

Miglior allineamento tra CL-BG2 e *S. feltiae* - AB243439.1*Steinernema feltiae* genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence

Sequence ID: AB243439.1 Length: 1012

Range 1: 4 to 966

Score:1581 bits(856), Expect:0.0,

Identities:932/968(96%), Gaps:7/968(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 ATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAG 60
      |||
Sbjct 4 ATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAG 63

Query 61 AAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTA 120
      |||
Sbjct 64 AAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTA 123

Query 121 ATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGA 180
      |||
Sbjct 124 ATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGA 183

Query 181 AGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGTTGAATTTGCGC 240
      |||
Sbjct 184 AGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGC 243

Query 241 TGTTTCGTTTCGAAGCGTTCGTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCTATAGATG 300
      |||
Sbjct 244 TGTTTCGTTTCGAAGCGTT-GTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTG 302

Query 301 TCTGGAGCAGCTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAA 360
      |||
Sbjct 303 TCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAA 362

Query 361 TTAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCCaaaaaaCTTCAATTAACGTTTGATCAATT 420
      |||
Sbjct 363 TTAAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATT 422

Query 421 TGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCG 480
      |||
Sbjct 423 TGACTGCACCAGCCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCG 482

Query 481 GTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATAT 540
      |||
Sbjct 483 GTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATAT 542

Query 541 TGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTG 600
      |||
Sbjct 543 TGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTG 602

Query 601 GTTGAGGGTTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCCGATTATTTAC 660
      |||
Sbjct 603 GTTGAGGGTTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCCGATTAGTTAT 662

```

```

Query 661 TTGATTTTTG-ATCGAGTACATTTTTGGTATGTGAATTTTCGATTGCCTAATTCGTTTCC 719
      ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 663 TTGGTTTTTTTATCGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATTT--GATTGTCTAATTCGTTTCC 720

Query 720 TAGTCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTATTTCTGGTGTTCGGCGTGTTT 779
      || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 721 TAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTGGTGTTCGGCGTTTTT 780

Query 780 CTTGCCGACTGATTTGTACAAACTGGAGACGGTTGGTATATTTTTCA-AATTCTTCAGAG 838
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 781 CTTGCCGACTGATTGGTACAAACTT-A-ACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTTCAGAG 838

Query 839 GCCCTTACAGTACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAA 898
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 839 GCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGTATCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAA 898

Query 899 GAAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATC 958
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 899 GAAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATC 958

Query 959 AGTAAGCG 966
      |||||
Sbjct 959 AGTAAGCG 966

```

Miglior allineamento tra CL-BG2 e *S. ichnusae* - EU421129.1

Steinernema ichnusae strain Sardinia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: EU421129.1 Length: 794

Range 1: 1 to 794

Score:1306 bits(707), Expect:0.0,

Identities:770/800(96%), Gaps:6/800(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 158 GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCA 217
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 1 GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCA 60

Query 218 AATGAATCGAGTTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCGTTCGTATTCTCTCAACTAACG 277
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 61 AATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCGAAGCGTT-GTATTCTCTCAACTAACG 119

Query 278 GCTTTGAATGGTTTCTATAGATGTCTGGAGCAGCTGTATGAGCGTGACTGTGGTGTGGA 337
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 120 GCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGTGGA 179

```

Query	338	CATTTGAGTTCCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCCaaaaaaa	397
Sbjct	180	CATTTGAGTTCCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAA	239
Query	398	CTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATC	457
Sbjct	240	CTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATC	299
Query	458	AAGTCTTGTGCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTA	517
Sbjct	300	AAGTCTTGTGCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTA	359
Query	518	TTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTGAACGCAAATGGCACTATCAG	577
Sbjct	360	TTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTGAACGCAAATGGCACTATCAG	419
Query	578	GTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTG	637
Sbjct	420	GTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTG	479
Query	638	TGACTGTTTTTCCGATTATTTACTTGATTTTTGATCGAGTACATTTTTGGTATGTGAATT	697
Sbjct	480	TGACTGTTTTTCCGATTACTTACTTGATTCTT -- TCGAGTACGTTTTTGGTATGTGAATT	537
Query	698	TTCGATTGCCTAATTCGTTTCCTAGTCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTA	757
Sbjct	538	TTCGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTA	597
Query	758	TTTCTGGTGTTCGGCGTGTTCCTTGCCGACTGATTTGTACAACTGGAGACGGTTGGTA	817
Sbjct	598	TTGTTGGTGTTCGGCGCTTTTCTTGCCGACTGATTTGTACAACTT -A-ACAGTTCGTA	655
Query	818	TATTTTTCAAATTCCTCAGAGGCCCTTACAGTACATCACTTGACACAACACGATTTCGTTT	877
Sbjct	656	TATTTTTCAA-TCGATCAGACGCCCTTACAGTACGTCACTTGACACAACACGATTTCGTTT	714
Query	878	GTCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTA	937
Sbjct	715	GTCGAGGAATTGCGCTAGAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTA	774
Query	938	CCCGCTGAACTTAAGCATAT	957
Sbjct	775	CCCGCTGAACTTAAGCATAT	794

Miglior allineamento tra CL-BG2 e *S. litorale* XJ-93 - EU421129.1

Steinernema litorale strain XJ-93 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415628.1 Length: 1005

Range 1: 24 to 969

Score:1519 bits(822), Expect:0.0,

Identities:909/951(96%), Gaps:6/951(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query  17  TTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCT  76
      |||
Sbjct  24  TTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCT  83

Query  77  GCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAA  136
      |||
Sbjct  84  GCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAA  143

Query  137  CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGC  196
      |||
Sbjct  144  CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGC  203

Query  197  TTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGTTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCG  256
      |||
Sbjct  204  TTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTGTTCGAAGCG  263

Query  257  TTCGTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCTATAGATGTCTGGAGCAGCTGTAT  316
      |||
Sbjct  264  TT-GTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTAT  322

Query  317  GAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTA  376
      |||
Sbjct  323  GAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTA  382

Query  377  TGACTCGCCGTTCC -aaaaaaaaCTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCG  435
      |||
Sbjct  383  TGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGATCAATTTGACTGCACCAGCCG  442

Query  436  TAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG  495
      |||
Sbjct  443  TAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG  502

Query  496  AAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTT  555
      |||
Sbjct  503  AAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTT  562

Query  556  TGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTA  615
      |||
Sbjct  563  TGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTA  622

```


Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *Steinernema* sp. TP-SEL1

Sequenza *consensus* di *Steinernema* sp. TP-SEL1 - OQ211102 (Lunghezza 979 bp)

CCTTTGTACACACCGCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGA
 GCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAA
 CAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAA
 TCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCGTTCGTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCT
 ATAGGTGCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAATTA
 AAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAG
 CCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTCGTARTTCGATGAAAAACG
 GGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAAATGGCACT
 ATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACT
 GTTTTTCCGATTATTTACTTGGATTTTTGTTGAGTACATTTTTGGTATGTGAATTTTCGATTGCCTAATTC
 GTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTATTTCTGGTGTTCGGCGTGTTCCTTG
 CCGACTGATTTGTACAACTTAACGGTTGGTATATTTTTCAAATTTGATCAGAGGCCCTTACAGTACATCA
 CTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACT
 CAAGCAAGATTACCCGCTGAACCTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATTCCTA

Migliori dieci allineamenti di TP-SEL1

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
JF920964.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate FUM1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	1639	99%	0.0	96.94
JF920962.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate Arak7 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	1639	99%	0.0	96.94
AB243439.1	<i>Steinernema feltiae</i> genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence	1626	99%	0.0	96.64
OP415483.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-58 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1616	99%	0.0	96.53
OP415628.1	<i>Steinernema litorale</i> strain XJ-93 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1615	99%	0.0	96.52
OP415488.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-78 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1615	99%	0.0	96.53
KM016419.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Jakutsk 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1611	99%	0.0	96.62
OP415484.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-60 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1604	99%	0.0	96.41
KC571261.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate SiS8 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1602	98%	0.0	96.69
AY230170.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain A2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1602	99%	0.0	96.15

Miglior allineamento tra TP-SEL1 e *S. feltiae* FUM1 - JF920964.1

Steinernema feltiae isolate FUM1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

Sequence ID: JF920964.1 Length: 1009

Range 1: 17 to 991

Score:1639 bits(887), Expect:0.0,

Identities:950/980(97%), Gaps:7/980(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACT 60
      |||
Sbjct 17 CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACT 76

Query 61 GCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTT 120
      |||
Sbjct 77 GCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTT 136

Query 121 GAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTG 180
      |||
Sbjct 137 GAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTG 196

Query 181 AGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAA 240
      |||
Sbjct 197 AGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAA 256

Query 241 GCGTTCGTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTG 300
      |||
Sbjct 257 GCGTT-GTATTCTCTCAAAAACGGCTATGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTG 315

Query 301 TATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCCTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTG 360
      |||
Sbjct 316 TATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCCTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTG 375

Query 361 TTATGACTCGCCGTTCTTaaaaaaCTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAG 420
      |||
Sbjct 376 TTATGACTCGCCGTTCTT-AAAAAATCAATTAACGTTTGTATCAATTTGACTGCACCAG 434

Query 421 CCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTARTTCG 480
      |||
Sbjct 435 CCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCG 494

Query 481 ATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAA 540
      |||
Sbjct 495 ATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAA 554

Query 541 TTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCTGA 600
      |||
Sbjct 555 TTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCTGA 614

```

```

Query 601 TTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCCGATTATTTACTTGATTTTTGTT 660
          |||
Sbjct 615 TTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCCGATTAGTTATTTGATTTTT -TT 673

Query 661 GAGTACATTTTTGGTATGTGAATTTTCGATTGCCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGC 720
          |||
Sbjct 674 GAGTACATTTTTGGAATGTGAATTT -GATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGC 731

Query 721 TATTTTTTATTTCTGTGCATTGTATTTCTGGTGTTCGGCGTGTTTCTTGCCGACTGATT 780
          |||
Sbjct 732 TATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTCTGGTGTTCGGCGCGTTTCTTGCCGACTGATT 791

Query 781 TGTACAAACTTAACGGTTGGTATATTTTTCA -AATTGATCAGAGGCCCTTACAGTACATC 839
          |||
Sbjct 792 GGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATC 851

Query 840 ACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTTCGTTTTA 899
          |||
Sbjct 852 ACTTGGCACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAAAAACTTTTTCGTTTTA 911

Query 900 CGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAA 959
          |||
Sbjct 912 CGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAA 971

Query 960 GAAACTAACTAGGATT -CCT 978
          |||
Sbjct 972 GAAACTAACTAGGATTCCT 991

```

Miglior allineamento tra TP-SEL1 e *S. ichnusae* - EU421129.1

Steinernema ichnusae strain Sardinia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: EU421129.1 Length: 794

Range 1: 1 to 794

Score:1351 bits(731), Expect:0.0,

Identities:776/798(97%), Gaps:4/798(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 145 GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCA 204
          |||
Sbjct 1 GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCA 60

Query 205 AATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCGTTCGTATTCTCTCAACTAACG 264
          |||
Sbjct 61 AATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCGAAGCGTT -GTATTCTCTCAACTAACG 119

Query 265 GCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGTGGA 324
          |||
Sbjct 120 GCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGTGGA 179

```

Query	325	CATTTGAGTTCCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTaaaaaa	384
Sbjct	180	CATTTGAGTTCCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTT -AAAAA	238
Query	385	aCTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTAT	444
Sbjct	239	ACTTCAATTAACGTTTGTATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTAT	298
Query	445	CAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGTTTCGTARTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTT	504
Sbjct	299	CAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTT	358
Query	505	ATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCA	564
Sbjct	359	ATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCA	418
Query	565	GGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCT	624
Sbjct	419	GGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCT	478
Query	625	GTGACTGTTTTTCCGATTATTTACTTGATTTTTGTTGAGTACATTTTTGGTATGTGAATT	684
Sbjct	479	GTGACTGTTTTTCCGATTACTTACTTGATTCTT -TCGAGTACGTTTTTGGTATGTGAATT	537
Query	685	TTCGATTGCCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTA	744
Sbjct	538	TTCGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTA	597
Query	745	TTTCTGGTGTTCGCGCTGTTTCTTGCCGACTGATTTGTACAACTTAACGGTTGGTATA	804
Sbjct	598	TTGTTGGTGTTCGCGCTTTTCTTGCCGACTGATTTGTACAACTTAACAGTTCGTATA	657
Query	805	TTTTTCAAATTGATCAGAGGCCCTTACAGTACATCACTTGACACAACACGATTGTTTGT	864
Sbjct	658	TTTTTC -AATCGATCAGACGCCCTTACAGTACGTCACCTTGACACAACACGATTGTTTGT	716
Query	865	CGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACC	924
Sbjct	717	CGAGGAATTGCGCTAGAAAGAAACTTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACC	776
Query	925	CGCTGAACTTAAGCATAT	942
Sbjct	777	CGCTGAACTTAAGCATAT	794

Miglior allineamento tra TP-SEL1 e *S. litorale* XJ-93 - EU421129.1

Steinernema litorale strain XJ-93 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415628.1 Length: 1005

Range 1: 24 to 998

Score:1615 bits(874), Expect:0.0,

Identities:943/977(97%), Gaps:3/977(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 4   TTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCT 63
          |||
Sbjct 24   TTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCT 83

Query 64  GCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAA 123
          |||
Sbjct 84  GCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAA 143

Query 124  CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGC 183
          |||
Sbjct 144  CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGC 203

Query 184  TTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCG 243
          |||
Sbjct 204  TTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCG 263

Query 244  TTCGTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTAT 303
          |||
Sbjct 264  TT-GTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTAT 322

Query 304  GAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTA 363
          |||
Sbjct 323  GAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTA 382

Query 364  TGACTCGCCGTTCTTaaaaaaaaCTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCG 423
          |||
Sbjct 383  TGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCG 442

Query 424  TAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTGCGGTGGATCACTCGGTTTCGTARTTCGATG 483
          |||
Sbjct 443  TAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTGCGGTGGATCACTCGGTTTCGTARTTCGATG 502

Query 484  AAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTT 543
          |||
Sbjct 503  AAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTT 562

Query 544  TGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTA 603
          |||
Sbjct 563  TGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTA 622

```

Query	604	ATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTCCGATTATTTACTTGATTTTTGTTGAG	663
Sbjct	623	ATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTATTCGATTAGTTACTTAATTCTA-TTGAG	681
Query	664	TACATTTTTGGTATGTGAATTTTCGATTGCCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTAT	723
Sbjct	682	TACCTTTTTGGAATGTGAATTTTGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTAT	741
Query	724	TTTTTATTTCTGTGCATTGTATTTCTGGTGTTCGGCGTGTTCCTTGCCGACTGATTTGT	783
Sbjct	742	TTTTTATTTCTGTGCATTGTATTTTGGTGTTCGGCGTGTTCCTTGCCGACTGATGTGT	801
Query	784	ACAACTTAACGGTTGGTATATTTTTCAAATTGATCAGAGGCCCTTACAGTACATCACTT	843
Sbjct	802	ACAACTTAACCGTATGTATATTTTTCAAATTAATCAGAAGCCCTTAAAGTACCTAACTC	861
Query	844	GACACAACACGATTCGTTTGTGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTACGAC	903
Sbjct	862	GGCACAACACGACTCGTTTGTGAGAAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTACGAC	921
Query	904	CTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAA	963
Sbjct	922	CTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAA	981
Query	964	CTAACTAGGATT-CCTA	979
Sbjct	982	CTAACTAGGATTCCTA	998

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *Steinernema* sp. TP-SEL6

Sequenza *consensus* di *Steinernema* sp. TP-SEL6 - OR762508 (Lunghezza 980 bp)

```
CCTTTGTACACACCCGCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGA
GCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCCGCTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAA
CAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAA
TCGAGCTGAATTTGCGCTGTTGTTTTCGAAGCGTTCGTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTTCT
ATAGGTGCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAAATTA
AAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAG
CCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTGCGTGGATCACTCGGTTGTTAGTTTCGATGAAAAACG
GGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACT
ATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACT
GTTTTTCCGATTATTTACTTGGATTTTTGTTGAGTACATTTTTGGTATGTGAATTTTCGATTGCCTAATTC
GTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTATTTCTGGTGTTCGGCGTGTTCCTTG
CCGACTGATTTGTACAACTTAACGGTTGGTATATTTTTCAAATTTGATCAGAGGCCCTTACAGTACATCA
CTTGACACAACACGATTCGTTTGTGTCGAGGAATTCGCGCAAGAAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACT
CAAGCAAGATTACCCGCTGAACCTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAAAACAACTAGGATTCCTTAC
```

Migliori dieci allineamenti di TP-SEL6

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
JF920964.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate FUM1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	1637	99%	0.0	97.03
JF920962.1	<i>Steinernema feltiae</i> isolate Arak7 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	1637	99%	0.0	97.03
AB243439.1	<i>Steinernema feltiae</i> genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2 and 28S RNA, partial and complete sequence	1622	99%	0.0	96.73
OP415488.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-78 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1613	99%	0.0	96.62
OP415483.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-58 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1613	99%	0.0	96.62
OP415628.1	<i>Steinernema litorale</i> strain XJ-93 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1611	99%	0.0	96.60
KM016419.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain Jakutsk 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1609	99%	0.0	96.62
MK416208.1	<i>Steinernema litorale</i> isolate 1 XJ Bachu small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1607	98%	0.0	96.60
OP415484.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-60 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1604	99%	0.0	96.33
OP415489.1	<i>Steinernema feltiae</i> strain XJ-83 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1600	99%	0.0	96.14

Miglior allineamento tra TP-SEL6 e *S. feltiae* FUM1 - JF920964.1

Steinernema feltiae isolate FUM1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

Sequence ID: JF920964.1 Length: 1009

Range 1: 17 to 987

Score:1637 bits(886), Expect:0.0,

Identities:947/976(97%), Gaps:6/976(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACT 60
      |||
Sbjct 17 CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACT 76

Query 61 GCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTT 120
      |||
Sbjct 77 GCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTT 136

Query 121 GAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTG 180
      |||
Sbjct 137 GAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTG 196

Query 181 AGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAA 240
      |||
Sbjct 197 AGCTTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCAAA 256

Query 241 GCGTTCGTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTG 300
      |||
Sbjct 257 GCGTT-GTATTCTCTCAAAAACGGCTATGAATGGTTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTG 315

Query 301 TATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCCTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTG 360
      |||
Sbjct 316 TATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCCTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTG 375

Query 361 TTATGACTCGCCGTTCTTaaaaaaaaCTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAG 420
      |||
Sbjct 376 TTATGACTCGCCGTTCTT-AAAAAATCAATTAACGTTTGTATCAATTTGACTGCACCAG 434

Query 421 CCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCG 480
      |||
Sbjct 435 CCGTAGGTGTACTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCG 494

Query 481 ATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAA 540
      |||
Sbjct 495 ATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAA 554

Query 541 TTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGA 600
      |||
Sbjct 555 TTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGA 614

```

```

Query 601 TTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTCCGATTATTTACTTGATTTTTGTT 660
          |||
Sbjct 615 TTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTCCGATTAGTTATTTGATTTTT -TT 673

Query 661 GAGTACATTTTTGGTATGTGAATTTTCGATTGCCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGC 720
          |||
Sbjct 674 GAGTACATTTTTGGAATGTGAATTT -GATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGC 731

Query 721 TATTTTTTATTTCTGTGCATTGTATTTCTGGTGTTCGGCGTGTTCCTTGCCGACTGATT 780
          |||
Sbjct 732 TATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTCTGGTGTTCGGCGCTTCTTGCCGACTGATT 791

Query 781 TGTACAAACTTAACGGTTGGTATATTTTTCA -AATTGATCAGAGGCCCTTACAGTACATC 839
          |||
Sbjct 792 GGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTCAGAATTTTTTCAGAGGCCCTTACAATACATC 851

Query 840 ACTTGACACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTTTTA 899
          |||
Sbjct 852 ACTTGGCACAACACGATTCGTTTGTGCGAGGAATTGCGCAAGAAAAAAACTTTTCGTTTTA 911

Query 900 CGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAA 959
          |||
Sbjct 912 CGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAA 971

Query 960 GAAACAACTAGGATT 975
          |||
Sbjct 972 GAAACTAACTAGGATT 987

```

Miglior allineamento tra TP-SEL6 e *S. ichnusae* - EU421129.1

Steinernema ichnusae strain Sardinia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: EU421129.1 Length: 794

Range 1: 1 to 794

Score:1354 bits(733), Expect:0.0,

Identities:777/798(97%), Gaps:4/798(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 145 GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGATTCA 204
          |||
Sbjct 1 GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTTACTTGATTCA 60

Query 205 AATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCGTTCGTATTCTCTCAACTAACG 264
          |||
Sbjct 61 AATGAATCGAGCTGAATTTTCGCTGTTTCGTTTCGAAGCGTT -GTATTCTCTCAACTAACG 119

```

Query	265	GCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGA	324
Sbjct	120	GCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGATGGA	179
Query	325	CATTTGAGTTCCTGTGACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTaaaaaa	384
Sbjct	180	CATTTGAGTTCCTGTGACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTT-AAAAA	238
Query	385	aCTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTAT	444
Sbjct	239	ACTTCAATTAACGTTTGTATCAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTAT	298
Query	445	CAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTT	504
Sbjct	299	CAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTT	358
Query	505	ATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCA	564
Sbjct	359	ATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCA	418
Query	565	GGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCT	624
Sbjct	419	GGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCT	478
Query	625	GTGACTGTTTTTCCGATTATTTACTTGATTTTTGTTGAGTACATTTTTGGTATGTGAATT	684
Sbjct	479	GTGACTGTTTTTCCGATTACTTACTTGATTCTT-TCGAGTACGTTTTTGGTATGTGAATT	537
Query	685	TTCGATTGCCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTA	744
Sbjct	538	TTCGATTGTCTAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGTA	597
Query	745	TTTCTGGTGTTCGGCGTGTTCCTTGCCGACTGATTTGTACAACTTAACGGTTGGTATA	804
Sbjct	598	TTGTTGGTGTTCGGCGCTTTTCTTGCCGACTGATTTGTACAACTTAACAGTTCGTATA	657
Query	805	TTTTTCAAATTGATCAGAGGCCCTTACAGTACATCACTTGACACAACACGATTGTTTGT	864
Sbjct	658	TTTTTC-AATCGATCAGACGCCCTTACAGTACGTCACTTGACACAACACGATTGTTTGT	716
Query	865	CGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACC	924
Sbjct	717	CGAGGAATTGCGCTAGAAAGAACTTTTCGTTTTACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACC	776
Query	925	CGCTGAACTTAAGCATAT	942
Sbjct	777	CGCTGAACTTAAGCATAT	794

Miglior allineamento tra TP-SEL6 e *S. litorale* XJ-93 - EU421129.1

Steinernema litorale strain XJ-93 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: OP415628.1 Length: 1005

Range 1: 24 to 993

Score:1611 bits(872), Expect:0.0,

Identities:939/972(97%), Gaps:2/972(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 4   TTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCT 63
          |||
Sbjct 24   TTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCT 83

Query 64  GCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAA 123
          |||
Sbjct 84  GCTCTGAGCGTTTTTCGACGATCGTTGCGGCGAGAACC GCGTTAATCGAAACGGCTTGAA 143

Query 124  CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGC 183
          |||
Sbjct 144  CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGC 203

Query 184  TTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCG 243
          |||
Sbjct 204  TTATCCATTTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTGTTTCGTTTCGAAGCG 263

Query 244  TTCGTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTAT 303
          |||
Sbjct 264  TT-GTATTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGTCTGGAGCAGTTGTAT 322

Query 304  GAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTA 363
          |||
Sbjct 323  GAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCTTGTGACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTA 382

Query 364  TGACTCGCCGTTCTTaaaaaaaaCTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCG 423
          |||
Sbjct 383  TGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCG 442

Query 424  TAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG 483
          |||
Sbjct 443  TAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCGGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTTCGATG 502

Query 484  AAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTT 543
          |||
Sbjct 503  AAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTT 562

Query 544  TGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTA 603
          |||
Sbjct 563  TGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTA 622

```


Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus ITS dell'isolato di *S. apuliae* TP-SEL4

Sequenza *consensus* di *S. apuliae* TP-SEL4 - OR759013 (Lunghezza 994 bp)

ACACCGCCCGTTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTTTGAGCGCTTTTCG
 GGTGTGAATTGAGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTCGTAACAAGTTTTC
 CGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTAACACCACGTTTTCATCGTGCGTAAATGATCGTT
 GTTCGGAACGGCACAGGTTCGATGTTCTAAGTGTGCTTTTCGTTTCGCTAACGGCTCTGAATGGTTTCTGTA
 GGTGTCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGAAGGACATTTGACATCATTCCGTCTGGAATGGTG
 AGAATTAATGAGGTCAGTCGGAGACCCGCGTTTCAAAAACCTACCATTAACATTTTAAACATGAATCAAA
 CAAGCTTTCGGCTAGTTTTGACTAACTGTTATCAAGTCTTATCGGTGGATCACTCGTTTCGTAGTTTCGA
 TGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAAATTTGAACGCA
 AATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTACGTTTGGTTGAGGGTCGATTAACCTCGTTACTTGCAGTCG
 TCTTCGACTGTTCTTTCGATTAGCTACGTGAACCACGTACCTTTTCGGTGTGAATGCGCGTGCAGTTTTC
 TGTGCGTGCATAGTATAATGGAGGCTCTTCGGGGCTTCTACTATCTTATCGGTTCCGTGCGTTGTGGGC
 TCTGTGGCGTGTCTCTTGCAGCTAACTTGTACGTGGACTTAACTGTCTCGTATATACTGTGTTTCGGGA
 AGTTAGTGGCCACGTGCGTTGACTGTATAGTCATCGTGACGCAACTGGAACGTGTTGATTTTCGATGTTT
 TCGAATTACGACCTCAACTCAAGCGAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAAGA
 AACTAACTAGGATT

Migliori dieci allineamenti di TP-SEL4

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
HQ416968.1	<i>Steinernema apuliae</i> isolate CS3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1735	100%	0.0	98.01
KC633190.1	<i>Steinernema</i> aff. <i>arenarium</i> OMD-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1040	99%	0.0	85.94
DQ314288.1	<i>Steinernema arenarium</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1029	100%	0.0	85.84
AY230160.1	<i>Steinernema arenarium</i> strain Rjazan 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1027	100%	0.0	85.74
KY818704.1	<i>Steinernema arenarium</i> strain Sar_BY5 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1003	97%	0.0	85.83
MK503133.1	<i>Steinernema</i> sp. VP-2019a strain RM-30 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	976	96%	0.0	85.61
KU194614.1	<i>Steinernema arenarium</i> strain SA clone 1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	939	95%	0.0	85.13
EU048543.2	<i>Steinernema glaseri</i> strain Iran2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence	920	100%	0.0	84.04
AF122015.1	<i>Steinernema glaseri</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	917	100%	0.0	83.95
KF134912.1	<i>Steinernema arenarium</i> clone 3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	911	92%	0.0	84.99

Miglior allineamento tra TP-SEL4 e *S. apuliae* CS3 - HQ416968.1

Steinernema apuliae isolate CS3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: HQ416968.1 Length: 1052

Range 1: 26 to 1030

Score:1735 bits(939), Expect:0.0,

Identities:985/1005(98%), Gaps:11/1005(1%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1 ACACCGCCCCTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTTTG 60
      |||
Sbjct 26 ACACCGCCCCTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTG 85

Query 61 AGCGCTTTCGGGTGTGAATTGAGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGC 120
      |||
Sbjct 86 AGCGCTTTCGGGCGTGAATTGAGGCGAGAACC CGGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGC 145

Query 121 AAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTAACA 180
      |||
Sbjct 146 AAAAGTCGTAACAAGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTAACA 205

Query 181 CCACGTTTT --CATCGTGCCT--AAATGATCGTTGTTTCGGAACGGCA-CAGGTCGATG-TT 235
      |||
Sbjct 206 CCACGTTTTTTCATCGTGCCTAAAATGATCGTTGTTTCGGAACGGCAACAGGTCGATGTT 265

Query 236 CTAAGTGTCGCTTTCGTTTCGCTAACGGCTCTGAATGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGT 295
      |||
Sbjct 266 CTAAGTGTCGCTTTCGTTTCGCTAACGGCTCTGAATGGTTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGT 325

Query 296 TGTATGAGCGTGACTGTGGTGAAGGACATTTGACATCATTCC-GTCTGGAAT-GGTGAGA 353
      |||
Sbjct 326 TGTATGAGCGTGACTGTGGTGAAGGACATTTGACATCATTCCACTCTGGAATGGGTGAGA 385

Query 354 ATTAATGAGGTCAGTCGGAGACCCGCCGTTACAAACCTACCATTAACATTTTTAACATG 413
      |||
Sbjct 386 ATTAAGAGGTCAGTCGGAGACCCGCCGTTACAAACCTACCATTAACATTTTTAACATG 445

Query 414 AATCAAACAAGCTTTCGGGCTAG-TTTTGACTAACTGTTATCAAGTCTTATCGGTGGATC 472
      |||
Sbjct 446 AATCAAACAAGCTTTCGAGCTAGACTTTGACTAACTGTTATCAAGTCTTATCGGTGGATC 505

Query 473 ACTCGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGA 532
      |||
Sbjct 506 ACTCGTTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGA 565

Query 533 CATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTAC 592
      |||
Sbjct 566 CATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTAC 625

```

Query	593	GTTTGGTTGAGGGTCGATTAACCTCGTACTTGCAGTCGTCTTCGACTGTTCTTTTCGATTA	652
Sbjct	626	GTTTGGTTGAGGGTCGATTAACCTCGTACTTGCAGTCGTCTTCGACTGTTCTTTTCGATTA	685
Query	653	GCTACGTGAACCACGTACCTTTTCGGTGTGAA - TGC GCGTGCAGTTTTCTGTGCGTGCGA	711
Sbjct	686	GCTACGTGAACCACGTACCTTTTCGGTGTGCACTGCGCGTGCAGTTTTCTGTGCGTGCGA	745
Query	712	TAGTATAATGGAGGCTCTT - -CGGGGCTTCTACTATCTTATCGGTTCCGTGCGTTGTGGG	769
Sbjct	746	TAGTATAATGGAGGCTCTTTGCGGGGCTTCTACTATCTTATCGGTTCCGTGCGTTGTGGG	805
Query	770	CTCTGTGGCGTGTCTCTTGCCAGCTAACTTGTACGTGGACTTAACTGTCTCGTATATACT	829
Sbjct	806	CTCTGTGGCGTGTCTCTTGCCAGCTAACTTGTACGTGGACTTAACTGTCTCGTATATACT	865
Query	830	GTGTTTCGGGAAGTTAGTGGCCACGTGCGTTGACTGTATAGTCATCGTGACGCAACTGGA	889
Sbjct	866	GTGTTTCTGGAAGTTAGTGGCCACGTGCGTTGACTGTATAGTCATCGTGACGCAACTGGA	925
Query	890	ACGTGTTGATTTTCGATGTTTTTCGAATTACGACCTCAACTCAAGCGAGACTACCCGCTGA	949
Sbjct	926	ACGTGTTGATTTTCGATGTTTTTCGAATTACGACCTCAACTCAAGCGAGACTACCCGCTGA	985
Query	950	ACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATT	994
Sbjct	986	ACTTAAGCATATCAGTAAGCGGAGGAAAAGAACTAACTAGGATT	1030

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus 16S dell'isolato di *X. bovienii* ceppo CT-EPL3

Sequenza *consensus* di *X. bovienii* CT-EPL3 - OR886358 (Lunghezza 1430 bp)

GTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGTCTGGGGGA
TCTGCCCCGATGGAGGGGGGATAACCACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATAACCTCTGTGGAGTAAAAGTG
GGGGACCTTCGGGGCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATG
AAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGTTGATT
GACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCG
TTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGAGGCGGTCAATTAAGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTC
AACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCACGCTGTAGCG
GTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAG
GTGCGAAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATAACCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTTCGATTTGG
AGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCA
AGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGATGCAAC
GCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAAATTTGCTGGAGACAGCGAAGTGCCTTCGGGAACCTGA
GAGACAGGTGCTGCATGGCTGTGCTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA
ACCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTAATGGTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGTTGATAAACCCGGAGGA
AGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATAC
AAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTCTGCAA
CTCGACTCCATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCCCCGGGCC
TTGTACACACCCCGCTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACCTTCGGGGGGG
CGTTACCACCTTTGTGATTCATGACTGGGG

Migliori dieci allineamenti di *X. bovienii* ceppo CT-EPL3

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
MG995576.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Xb139 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2641	100%	0.0	100.00
KU312059.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ82 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2641	100%	0.0	100.00
KJ413080.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Troitsk 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2641	100%	0.0	100.00
FO818637.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> str. CS03 chromosome, complete genome	2641	100%	0.0	100.00
KJ413083.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain ZemenRp7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2638	100%	0.0	99.93
DQ205452.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain CS03 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2638	100%	0.0	99.93
KJ413082.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Zakharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.93
KJ413071.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain KChR-4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.93
KJ413065.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Ar2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.93
KF437821.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Sf_MD 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.93

Miglior allineamento tra CT-EPL3 e *X. bovienii* Xb139 - MG995576.1*Xenorhabdus bovienii* strain Xb139 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: MG995576.1 Length: 1497

Range 1: 36 to 1465

Score:2641 bits(1430), Expect:0.0,

Identities:1430/1430(100%), Gaps:0/1430(0%), Strand: Plus/Plus

Query	1	GTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAA	60
Sbjct	36	GTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAA	95
Query	61	TGTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAACCACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCAT	120
Sbjct	96	TGTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAACCACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCAT	155
Query	121	AACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATG	180
Sbjct	156	AACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATG	215
Query	181	GGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGA	240
Sbjct	216	GGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGA	275
Query	241	GGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG	300
Sbjct	276	GGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG	335
Query	301	GGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGAAGGCCT	360
Sbjct	336	GGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGAAGGCCT	395
Query	361	TCGGGTTGTAAAGTACTTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGTTGATT	420
Sbjct	396	TCGGGTTGTAAAGTACTTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGTTGATT	455
Query	421	GACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAG	480
Sbjct	456	GACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAG	515
Query	481	GGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTAAGTTA	540
Sbjct	516	GGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTAAGTTA	575
Query	541	GATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTC	600
Sbjct	576	GATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTC	635
Query	601	GTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACC	660
Sbjct	636	GTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACC	695

Query	661	GGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCA	720
Sbjct	696	GGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCA	755
Query	721	AACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGTTGTGCC	780
Sbjct	756	AACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGTTGTGCC	815
Query	781	CTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCA	840
Sbjct	816	CTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCA	875
Query	841	AGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAT	900
Sbjct	876	AGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAT	935
Query	901	TCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAGACAGC	960
Sbjct	936	TCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAGACAGC	995
Query	961	GAAGTGCCTTCGGGAACCTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTGAGCTCGTGTGTGA	1020
Sbjct	996	GAAGTGCCTTCGGGAACCTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTGAGCTCGTGTGTGA	1055
Query	1021	AATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTAATG	1080
Sbjct	1056	AATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTAATG	1115
Query	1081	GTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACC GGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGT	1140
Sbjct	1116	GTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACC GGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGT	1175
Query	1141	CATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAGAGAAGC	1200
Sbjct	1176	CATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAGAGAAGC	1235
Query	1201	GACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTGCTAGTCCGGATTGGAGTCTGCAA	1260
Sbjct	1236	GACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTGCTAGTCCGGATTGGAGTCTGCAA	1295
Query	1261	CTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACG	1320
Sbjct	1296	CTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACG	1355
Query	1321	TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAAGTAGG	1380
Sbjct	1356	TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAAGTAGG	1415
Query	1381	TAGCTTAACCTTCgggggggCGCTTACCACCTTGTGATTCATGACTGGGG	1430
Sbjct	1416	TAGCTTAACCTTCGGGGGGCGCTTACCACCTTGTGATTCATGACTGGGG	1465

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus 16S dell'isolato di *X. bovienii* ceppo CT-EPL17

Sequenza *consensus* di *X. bovienii* CT-EPL17 - OR886359 (Lunghezza 1459 bp)

TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGTCT
GGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTGGAAAACGGTGGCTAATACCGCATAAACCTCTGTGGAGTA
AAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATG
GCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGT
GTATGAAGAAGGCCTTCGGGTGTAAAGTACTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAGCAGCGTGAATAGCGCTGT
TGATTGACGTTACCCGAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAGGGTGC
AAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTC AATTAAGTTAGATGTGAAATCCCCG
GGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCACGCTG
TAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACG
CTCAGGTGCGAAAACGCTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCTGA
TTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACCGGTTAAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGAT
GCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAGACAGCGAAGTGCCTTCGGGA
ACTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCTGCTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCC GCAACGA
CGCAACCCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTAATGGTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGTTGATAAACCG
GAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTTGCTACAATGGCA
GATACAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTC
TGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCCC
GGGCCCTTGATACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACTTCGG
GGGGCGCTTACCCTTTGTGATTCATGACTGGGGGAAGTTCGTTCCAAGACCAGCCGC

Migliori dieci allineamenti di *X. bovienii* ceppo CT-EPL17

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
MG995576.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Xb139 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2645	98%	0.0	99.72
KU312060.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ10Z 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2645	98%	0.0	99.72
KU312059.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ82 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2645	98%	0.0	99.72
KJ413080.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Troitsk 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2645	98%	0.0	99.72
FO818637.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> str. CS03 chromosome, complete genome	2645	99%	0.0	99.72
DQ205451.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain CS66 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2645	98%	0.0	99.72
DQ205452.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain CS03 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2641	98%	0.0	99.65
KU312061.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ1Z 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2639	98%	0.0	99.65
KJ413082.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Zakhharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2639	98%	0.0	99.65
KF437824.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Sk_BU 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2639	98%	0.0	99.65

Miglior allineamento tra CT-EPL17 e *X. bovienii* Xb139 - MG995576.1*Xenorhabdus bovienii* strain Xb139 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: MG995576.1 Length: 1497

Range 1: 31 to 1474

Score:2645 bits(1432), Expect:0.0,

Identities:1441/1445(99%), Gaps:2/1445(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1      TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTG 60
          |||
Sbjct 31      TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTG 90

Query 61     AGTAATGTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTGGAAACGGTGGCTAATAC 120
          |||
Sbjct 91     AGTAATGTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTGGAAACGGTGGCTAATAC 150

Query 121    CGCATAACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC 180
          |||
Sbjct 151    CGCATAACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC 210

Query 181    AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC 240
          |||
Sbjct 211    AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC 270

Query 241    TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC 300
          |||
Sbjct 271    TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC 330

Query 301    AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGAA 360
          |||
Sbjct 331    AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGAA 390

Query 361    GGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTACAGCGGGGAGGAAGGCAGCAGCGTGAATAGCGCTGT 420
          |||
Sbjct 391    GGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTACAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGT 450

Query 421    TGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA 480
          |||
Sbjct 451    TGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA 510

Query 481    CGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTA 540
          |||
Sbjct 511    CGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTA 570

Query 541    AGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACGGTTGACTAGA 600
          |||
Sbjct 571    AGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACGGTTGACTAGA 630

```

Query	601	GTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGA	660
Sbjct	631	GTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGA	690
Query	661	ATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGG	720
Sbjct	691	ATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGG	750
Query	721	GAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGTT	780
Sbjct	751	GAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGTT	810
Query	781	GTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGG	840
Sbjct	811	GTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGG	870
Query	841	CCGCAAGGTTAAAAC TCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGT	900
Sbjct	871	CCGCAAGGTTAAAAC TCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGT	930
Query	901	TTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAG	960
Sbjct	931	TTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAG	990
Query	961	ACAGCGAAGTGCCTTCGGGAACTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGT	1020
Sbjct	991	ACAGCGAAGTGCCTTCGGGAACTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGT	1050
Query	1021	TGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACG	1080
Sbjct	1051	TGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACG	1110
Query	1081	TAATGGTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGT	1140
Sbjct	1111	TAATGGTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGT	1170
Query	1141	CAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAGA	1200
Sbjct	1171	CAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAGA	1230
Query	1201	GAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTC	1260
Sbjct	1231	GAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTC	1290
Query	1261	TGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGA	1320
Sbjct	1291	TGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGA	1350

```

Query 1321 ATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAGAA 1380
          |||
Sbjct 1351 ATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAGAA 1410

Query 1381 GTAGGTAGCTTAACCTTCgggggggCGCTTACCACTTTGTGATTCATGACTGGGG-GAAG 1439
          |||
Sbjct 1411 GTAGGTAGCTTAACCTTCGGGGGGGCGCTTACCACTTTGTGATTCATGACTGGGGTGAAG 1470

Query 1440 TTCGT 1444
          | ||
Sbjct 1471 T-CGT 1474
    
```

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus 16S dell'isolato di *X. bovienii* ceppo CT-PR10

Sequenza *consensus* di *X. bovienii* CT-PR10 - OR881385 (Lunghezza 1441bp)

TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGTCT
GGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAACCACTGGAAAACGGTGGCTAATACCGCATAACCTCTGTGGAGTA
AAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATG
GCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGT
GTATGAAGAAGGCCTTCGGGTGTAAAGTACTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGT
TGATTGACGTTACCCGAGAAGAAGCACCGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAGGGTGC
AAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTC AATTAAGTTAGATGTGAAATCCCCG
GGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCACGCTG
TAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACG
CTCAGGTGCGAAAACGCTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCTGA
TTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACCGGTTAAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGAT
GCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAGACAGCGAAGTGCCTTTCGGGA
ACTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCTGCTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCC GCAACGA
CGCAACCCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTGATGGTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCG
GAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTTGCTACAATGGCA
GATACAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTC
TGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCCC
GGGCCCTTGATACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACTTCGG
GGGGCGCTTACCCTTTGTGATTCATGACTGGGGGAAGTC

Migliori dieci allineamenti di *X. bovienii* ceppo CT-PR10

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
KJ413082.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Zakharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
KJ413065.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Ar2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
KF437821.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Sf_MD 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
EU190978.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain FR44 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
NR_042820.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain DSM 4766 16S ribosomal RNA, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
MG995576.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Xb139 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2651	100%	0.0	99.86
KU312059.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ82 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2651	100%	0.0	99.86
KU312058.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ15B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2651	100%	0.0	99.86
KJ413080.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Troitsk 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2651	100%	0.0	99.86
FO818637.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> str. CS03 chromosome, complete genome	2651	100%	0.0	99.86

Miglior allineamento tra CT-PR10 e *X. bovienii* Zakharovo - KJ413082.1*Xenorhabdus bovienii* strain Zakharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: KJ413082.1 Length: 1479

Range 1: 10 to 1451

Score:2656 bits(1438), Expect:0.0,

Identities:1441/1442(99%), Gaps:1/1442(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1      TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTG 60
|||||
Sbjct 10     TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTG 69

Query 61     AGTAATGTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTGGAAACGGTGGCTAATAC 120
|||||
Sbjct 70     AGTAATGTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTGGAAACGGTGGCTAATAC 129

Query 121    CGCATAACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC 180
|||||
Sbjct 130    CGCATAACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC 189

Query 181    AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC 240
|||||
Sbjct 190    AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC 249

Query 241    TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC 300
|||||
Sbjct 250    TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC 309

Query 301    AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGAA 360
|||||
Sbjct 310    AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGAA 369

Query 361    GGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTACAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGT 420
|||||
Sbjct 370    GGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTACAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGT 429

Query 421    TGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA 480
|||||
Sbjct 430    TGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA 489

Query 481    CGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTA 540
|||||
Sbjct 490    CGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTA 549

Query 541    AGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACGGTTGACTAGA 600
|||||
Sbjct 550    AGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACGGTTGACTAGA 609

```

Query	601	GTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGA	660
Sbjct	610	GTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGA	669
Query	661	ATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGG	720
Sbjct	670	ATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGG	729
Query	721	GAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGTT	780
Sbjct	730	GAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGTT	789
Query	781	GTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGG	840
Sbjct	790	GTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGG	849
Query	841	CCGCAAGGTTAAAAC TCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGT	900
Sbjct	850	CCGCAAGGTTAAAAC TCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGT	909
Query	901	TTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAG	960
Sbjct	910	TTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAG	969
Query	961	ACAGCGAAGTGCCTTCGGGAACTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGT	1020
Sbjct	970	ACAGCGAAGTGCCTTCGGGAACTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGT	1029
Query	1021	TGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCC GCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACG	1080
Sbjct	1030	TGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCC GCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACG	1089
Query	1081	TGATGGTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGT	1140
Sbjct	1090	TGATGGTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGT	1149
Query	1141	CAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAGA	1200
Sbjct	1150	CAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAGA	1209
Query	1201	GAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTC	1260
Sbjct	1210	GAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTC	1269
Query	1261	TGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGA	1320
Sbjct	1270	TGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGA	1329

Query	1321	ATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAGAA	1380
Sbjct	1330	ATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAGAA	1389
Query	1381	GTAGGTAGCTTAACCTTCgggggggCGCTTACCACTTTGTGATTCATGACTGGGG-GAAG	1439
Sbjct	1390	GTAGGTAGCTTAACCTTCGGGGGGCGCTTACCACTTTGTGATTCATGACTGGGGTGAAG	1449
Query	1440	TC	1441
Sbjct	1450	TC	1451

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus 16S dell'isolato di *X. bovienii* ceppo PA-FIC7

Sequenza *consensus* di *X. bovienii* PA-FIC7 - OR881386 (Lunghezza 1146 bp)

CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGA
 AGGCCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTGAATAGCGCTGTTGATTGACG
 TTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAA
 TCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTAAGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACC
 TGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCACGTGTAGCGGTGA
 AATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGC
 GAAAGCGTGGGAGCAAACAGGATTAGATAACCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGT
 TGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGT
 TAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGA
 AGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAAATTTGCTGGAGACAGCGAAGTGCCTTCGGGAACTGAGAGA
 CAGGTGCTGCATGGCTGTGCTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCC
 TTATCCTTTGTTGCCAGCACGTGATGGTGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAAACCGGAGGAAGGT
 GGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAAG
 AGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACCTATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTCTGCAACTCG
 ACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGT
 ACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACCTTCGGGGGGCGCT
 TACCACCTTGTGATTTCATGACTGGGG

Migliori dieci allineamenti di *X. bovienii* ceppo PA-FIC7

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
HM140699.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain LB24 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2113	99%	0.0	100.00
KJ413082.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Zakharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2111	100%	0.0	99.91
KJ413065.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Ar2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2111	100%	0.0	99.91
KF437821.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Sf_MD 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2111	100%	0.0	99.91
HM236490.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain BJFS526 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2111	100%	0.0	99.91
EU190978.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain FR44 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2111	100%	0.0	99.91
DQ208306.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain TB30 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2111	100%	0.0	99.91
DQ202311.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain F3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2111	100%	0.0	99.91
NR_042820.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain DSM 4766 16S ribosomal RNA, partial sequence	2111	100%	0.0	99.91
KJ413077.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain SB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2108	99%	0.0	99.91

Miglior allineamento tra PA-FIC7 e *X. bovienii* LB24 - HM140699.1*Xenorhabdus bovienii* strain LB24 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: HM140699.1 Length: 1468

Range 1: 325 to 1468

Score:2113 bits(1144), Expect:0.0,

Identities:1144/1144(100%), Gaps:0/1144(0%), Strand: Plus/Plus

Query	1	CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCG	60
Sbjct	325	CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCG	384
Query	61	TGTATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTG	120
Sbjct	385	TGTATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTG	444
Query	121	AATAGCGCTGTTGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAG	180
Sbjct	445	AATAGCGCTGTTGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAG	504
Query	181	CCGCGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAG	240
Sbjct	505	CCGCGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAG	564
Query	241	GCGGTCAATTAAGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAAC	300
Sbjct	565	GCGGTCAATTAAGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAAC	624
Query	301	GGTTGACTAGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGA	360
Sbjct	625	GGTTGACTAGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGA	684
Query	361	GATGTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGC	420
Sbjct	685	GATGTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGC	744
Query	421	GAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCTG	480
Sbjct	745	GAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCTG	804
Query	481	ATTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCT	540
Sbjct	805	ATTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCT	864
Query	541	GGGGAGTACGGCCGAAGGTTAAAAC TCAAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTG	600
Sbjct	865	GGGGAGTACGGCCGAAGGTTAAAAC TCAAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTG	924
Query	601	GAGCATGTGGTTTAAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGA	660
Sbjct	925	GAGCATGTGGTTTAAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGA	984

Query	661	ATTTGCTGGAGACAGCGAAGTGCCTTCGGGAAGTGGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCC	720
Sbjct	985	ATTTGCTGGAGACAGCGAAGTGCCTTCGGGAAGTGGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCC	1044
Query	721	TCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTG	780
Sbjct	1045	TCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTG	1104
Query	781	TTGCCAGCACGTGATGGTGGGAAGTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGT	840
Sbjct	1105	TTGCCAGCACGTGATGGTGGGAAGTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGT	1164
Query	841	GGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGC	900
Sbjct	1165	GGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGC	1224
Query	901	AGATACAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAAGTCAATAAAGTCTGTCTAGTCC	960
Sbjct	1225	AGATACAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAAGTCAATAAAGTCTGTCTAGTCC	1284
Query	961	GGATTGGAGTCTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAA	1020
Sbjct	1285	GGATTGGAGTCTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAA	1344
Query	1021	TGCTACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGG	1080
Sbjct	1345	TGCTACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGG	1404
Query	1081	TTGCAAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACCTTCgggggggCGCTTACCACTTTGTGATTCATGA	1140
Sbjct	1405	TTGCAAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACCTTCGGGGGGGCGCTTACCACTTTGTGATTCATGA	1464
Query	1141	CTGG 1144	
Sbjct	1465	CTGG 1468	

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus 16S dell'isolato di *X. bovienii* ceppo TP-SEL1

Sequenza *consensus* di *X. bovienii* TP-SEL1 - OR881388 (Lunghezza 1436 bp)

```
TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGTCT
GGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTGCGAAAACGGTGGCTAATACCGCATAACCTCTGTGGAGT
AAAGTGGGGGACCTTCGGGCCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAAT
GGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCC
CAGAYTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCCGG
TGTATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTG
TTGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTG
CAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGAGGCGGTCAATTAAGTTAGATGTGAAATCCCC
GGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTGGTACTAGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATCCACGT
GTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGAC
GCTCAGGTGCGAAAACGCTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTGCG
ATTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCTGGGGAGTACG
GCCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGA
TGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAAATTTGCTGGAGACAGCGAAGTGCCTTCGGG
AACTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTGCTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACG
AGCGCAACCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTGATGGTGGGAACCTCAAGGGAGACTGCCGTTGATAAAC
GGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGCTGCTACAATGGC
AGATACAAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGT
CTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCC
CGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACACCCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAGTAGGTAGCTTAACCTTCG
GGGGGCGCTTACCCTTTGTGATTCATGACTGGGG
```

Migliori dieci allineamenti di *X. bovienii* ceppo TP-SEL1

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
KJ413082.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Zakharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2641	100%	0.0	99.86
KJ413065.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Ar2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2641	100%	0.0	99.86
KF437821.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Sf_MD 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2641	100%	0.0	99.86
EU190978.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain FR44 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2641	100%	0.0	99.86
NR_042820.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain DSM 4766 16S ribosomal RNA, partial sequence	2641	100%	0.0	99.86
MG995576.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Xb139 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.79
KU312059.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ82 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.79
KU312058.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ15B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.79
KJ413080.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Troitsk 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.79
KJ413078.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain SLK-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2636	100%	0.0	99.79

Miglior allineamento tra TP-SEL1 e *X. bovienii* Zakharovo - KJ413082.1*Xenorhabdus bovienii* strain Zakharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: KJ413082.1 Length: 1479

Range 1: 10 to 1444

Score:2641 bits(1430), Expect:0.0,

Identities:1434/1436(99%), Gaps:1/1436(0%), Strand: Plus/Plus

```

Query 1      TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTG 60
          |||
Sbjct 10     TGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTG 69

Query 61     AGTAATGTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTGCGAAACGGTGGCTAATA 120
          |||
Sbjct 70     AGTAATGTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTG -GAAACGGTGGCTAATA 128

Query 121    CCGCATAACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACC 180
          |||
Sbjct 129    CCGCATAACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACC 188

Query 181    CAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGT 240
          |||
Sbjct 189    CAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGT 248

Query 241    CTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGAYTCCTACGGGAGGCAG 300
          |||
Sbjct 249    CTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAG 308

Query 301    CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGA 360
          |||
Sbjct 309    CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGA 368

Query 361    AGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTG 420
          |||
Sbjct 369    AGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTG 428

Query 421    TTGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAAT 480
          |||
Sbjct 429    TTGATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAAT 488

Query 481    ACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATT 540
          |||
Sbjct 489    ACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATT 548

Query 541    AAGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAG 600
          |||
Sbjct 549    AAGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAG 608

Query 601    AGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGG 660
          |||
Sbjct 609    AGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGG 668

```

Query	661	AATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGG	720
Sbjct	669	AATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGG	728
Query	721	GGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGT	780
Sbjct	729	GGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGT	788
Query	781	TGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACG	840
Sbjct	789	TGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACG	848
Query	841	GCCGCAAGGTTAAAAC TCAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGG	900
Sbjct	849	GCCGCAAGGTTAAAAC TCAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGG	908
Query	901	TTTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGA	960
Sbjct	909	TTTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGA	968
Query	961	GACAGCGAAGTGCCTTCGGGAAGT GAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGT CAGCTCGTG	1020
Sbjct	969	GACAGCGAAGTGCCTTCGGGAAGT GAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGT CAGCTCGTG	1028
Query	1021	TTGTGAAATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCAC	1080
Sbjct	1029	TTGTGAAATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCAC	1088
Query	1081	GTGATGGTGGGAAGTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACC GGAGGAAGGTGGGGATGACG	1140
Sbjct	1089	GTGATGGTGGGAAGTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACC GGAGGAAGGTGGGGATGACG	1148
Query	1141	TCAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAG	1200
Sbjct	1149	TCAAGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAG	1208
Query	1201	AGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAAGT CATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGT	1260
Sbjct	1209	AGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAAGT CATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGT	1268
Query	1261	CTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTG	1320
Sbjct	1269	CTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTG	1328
Query	1321	AATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAGA	1380
Sbjct	1329	AATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAGA	1388
Query	1381	AGTAGGTAGCTTAACCTTCgggggggCGCTTACCACTTTGTGATTCATGACTGGGG	1436
Sbjct	1389	AGTAGGTAGCTTAACCTTCGGGGGGGCGCTTACCACTTTGTGATTCATGACTGGGG	1444

Analisi BLASTN condotta sulla sequenza del locus 16S dell'isolato di *X. bovienii* ceppo TP-LP10

Sequenza *consensus* di *X. bovienii* TP-LP10 - OR881387 (Lunghezza 1435 bp)

```
TCGAGCGGCAGCGGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGTCTGGGGAT
CTGCCCGATGGAGGGGGATAAACCCTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATAACCTCTGTGGAGTAAAGTGG
GGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCAC
CTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTC
CTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGA
AGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTCAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGTTGATTG
ACGTTACCCGAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGT
TAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTAAGTTAGATGTGAAATCCCCGGGCTCA
ACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCACGCTGTAGCGG
TGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGG
TGCGAAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGA
GGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACCGGTTAAATCGACCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAA
GGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGATGCAACG
CGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAGACAGCGAAGTGCCCTTCGGGAACCTGAG
AGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAA
CCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTGATGGTGGGAACCAAGGGAGACTGCCGTTGATAAACCGGAGGAA
GGTGGGGATGACGTCAGTCAATCATATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGCTGCTACAATGGCAGATACA
AAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACCTATAAAGTCTGTGCTAGTCCGGATTGGAGTCTGCAAC
TCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCCCGGGCCCT
TGTACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACCTTCGGGGGGGGC
GCTTACCCTTTGTGATTCATGACTGGGGGAAGTC
```

Migliori dieci allineamenti di *X. bovienii* ceppo TP-LP10

Accession	Descrizione	Max Score	Query Cover	E value	Per. ident
KJ413082.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Zakharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
KJ413065.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Ar2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
KF437821.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Sf_MD 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
EU190978.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain FR44 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
NR_042820.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain DSM 4766 16S ribosomal RNA, partial sequence	2656	100%	0.0	99.93
MG995576.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Xb139 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2651	100%	0.0	99.86
KU312059.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ82 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2651	100%	0.0	99.86
KU312058.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain XbZ15B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2651	100%	0.0	99.86
KJ413080.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> strain Troitsk 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	2651	100%	0.0	99.86
FO818637.1	<i>Xenorhabdus bovienii</i> str. CS03 chromosome, complete genome	2651	100%	0.0	99.86

Miglior allineamento tra TP-LP10 e *X. bovienii* Zakharovo - KJ413082.1*Xenorhabdus bovienii* strain Zakharovo 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: KJ413082.1 Length: 1479

Range 1: 16 to 1451

Score:2645 bits(1432), Expect:0.0,

Identities:1435/1436(99%), Gaps:1/1436(0%), Strand: Plus/Plus

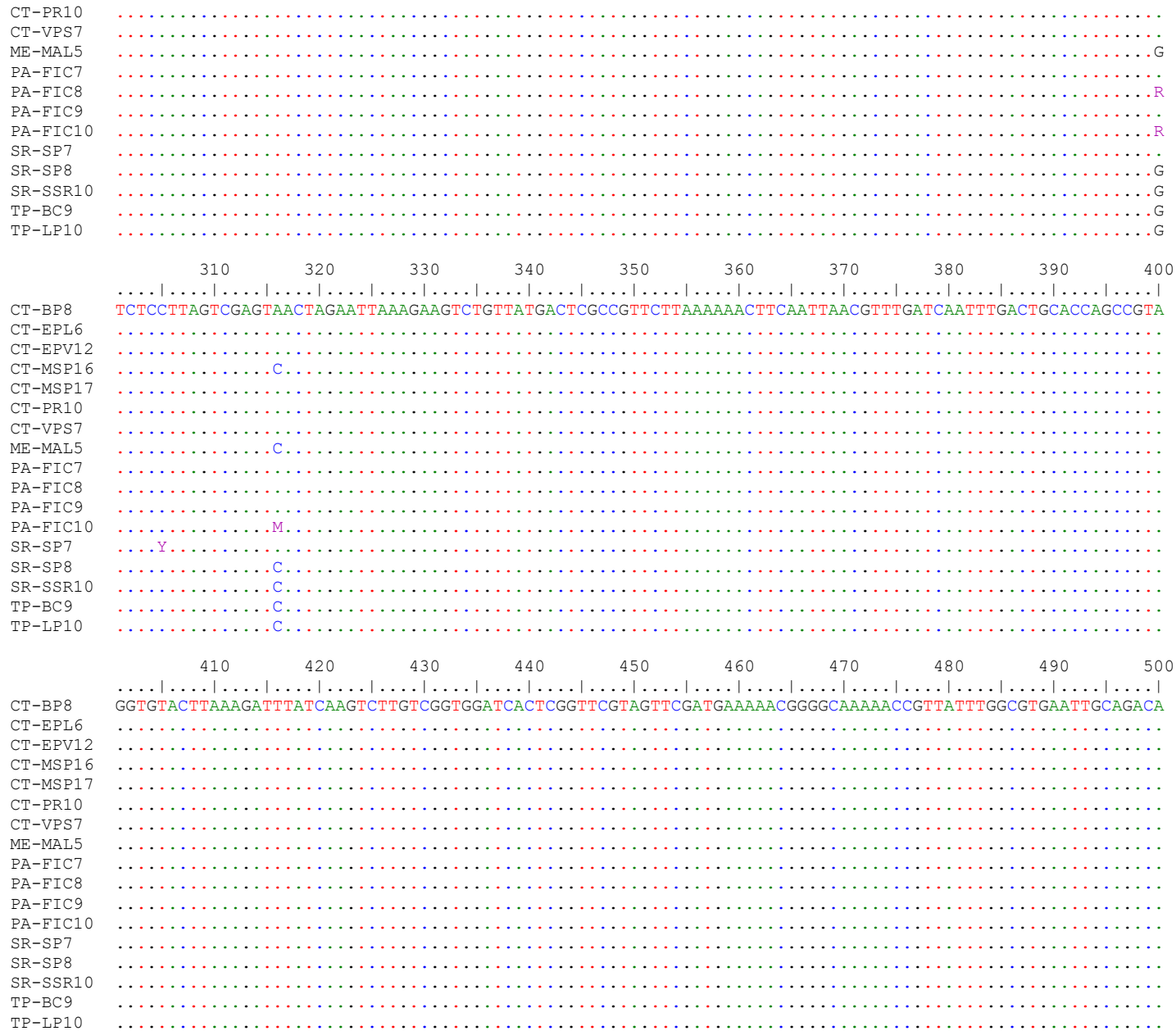
Query	1	TCGAGCGGCAGCGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAAT	60
Sbjct	16	TCGAGCGGCAGCGGGGGAAGCTTGCTTCCCCGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAAT	75
Query	61	GTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAACCACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATA	120
Sbjct	76	GTCTGGGGATCTGCCCGATGGAGGGGGATAACCACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATA	135
Query	121	ACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGG	180
Sbjct	136	ACCTCTGTGGAGTAAAGTGGGGGACCTTCGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGG	195
Query	181	GATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAG	240
Sbjct	196	GATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAG	255
Query	241	GATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGG	300
Sbjct	256	GATGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGG	315
Query	301	GAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGAAGGCCTT	360
Sbjct	316	GAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTATGAAGAAGGCCTT	375
Query	361	CGGGTTGTAAAGTACTTTACAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGTTGATTG	420
Sbjct	376	CGGGTTGTAAAGTACTTTACAGCGGGGAGGAAGGCAACAGCGTAAATAGCGCTGTTGATTG	435
Query	421	ACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGG	480
Sbjct	436	ACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGG	495
Query	481	GTGCAAGCGTAAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTAAGTTAG	540
Sbjct	496	GTGCAAGCGTAAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTCAATTAAGTTAG	555
Query	541	ATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTCG	600
Sbjct	556	ATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCTAAAACCTGGTTGACTAGAGTCTCG	615
Query	601	TAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCG	660
Sbjct	616	TAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCG	675

Query	661	GTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAA	720
Sbjct	676	GTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAA	735
Query	721	ACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGTTGTGCC	780
Sbjct	736	ACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGTCGATTTGGAGGTTGTGCC	795
Query	781	TTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAA	840
Sbjct	796	TTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAATCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAA	855
Query	841	GGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATT	900
Sbjct	856	GGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATT	915
Query	901	CGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAGACAGCG	960
Sbjct	916	CGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCTCAGAATTTGCTGGAGACAGCG	975
Query	961	AAGTGCCTTCGGGAACCTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAA	1020
Sbjct	976	AAGTGCCTTCGGGAACCTGAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAA	1035
Query	1021	ATGTTGGGTTAAGTCCCACAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTGATGG	1080
Sbjct	1036	ATGTTGGGTTAAGTCCCACAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTGATGG	1095
Query	1081	TGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTC	1140
Sbjct	1096	TGGGAACTCAAGGGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTC	1155
Query	1141	ATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAGAGAAGCG	1200
Sbjct	1156	ATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCAGATACAAAGAGAAGCG	1215
Query	1201	ACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTCTGCAAC	1260
Sbjct	1216	ACCTCGCGAGAGCAAGCGGAACTCATAAAGTCTGTCTAGTCCGGATTGGAGTCTGCAAC	1275
Query	1261	TCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGT	1320
Sbjct	1276	TCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGT	1335
Query	1321	TCCCGGGCCTTGTACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAGAAGTAGGT	1380
Sbjct	1336	TCCCGGGCCTTGTACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAGAAGTAGGT	1395
Query	1381	AGCTTAACCTTCgggggggCGCTTACCACTTTGTGATTCATGACTGGGG-GAAGTC	1435
Sbjct	1396	AGCTTAACCTTCGGGGGGGCGCTTACCACTTTGTGATTCATGACTGGGGTGAAGTC	1451

ALLINEAMENTI MULTIPLI DELLE SEQUENZE ITS ESAMINATE

(1). Allineamento multiplo del *locus* ITS di 17 isolati siciliani di *Steinernema feltiae*





```

          510      520      530      540      550      560      570      580      590      600
CT-BP8  TATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAAATGGCACATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTG
CT-EPL6  .....
CT-EPV12 .....
CT-MSP16 .....
CT-MSP17 .....
CT-PR10  .....
CT-VPS7  .....
ME-MAL5  .....
PA-FIC7  .....
PA-FIC8  .....
PA-FIC9  .....
PA-FIC10 .....
SR-SP7   .....
SR-SP8   .....
SR-SSR10 .....
TP-BC9   .....
TP-LP10  .....

```

```

          610      620      630      640      650      660      670      680      690      700
CT-BP8  TGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTGATTTTTTTATTGAGTACCTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGCTAAATTCGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTT
CT-EPL6  .....
CT-EPV12 .....
CT-MSP16 .....
CT-MSP17 .....
CT-PR10  .....
CT-VPS7  .....
ME-MAL5  .....
PA-FIC7  .....
PA-FIC8  .....
PA-FIC9  .....
PA-FIC10 .....
SR-SP7   .....
SR-SP8   .....
SR-SSR10 .....
TP-BC9   .....
TP-LP10  .....

```

```

          710      720      730      740      750      760      770      780      790      800
CT-BP8  TTTATTTCTGTGCAATGATTTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTTTCAGAAATTTTTTCAGAGG
CT-EPL6  .....
CT-EPV12 .....
CT-MSP16 .....
CT-MSP17 .....
CT-PR10  .....
CT-VPS7  .....
ME-MAL5  .....
PA-FIC7  .....

```


(2). Allineamento multiplo del *locus* ITS di 17 isolati siciliani di *Steinernema feltiae* e di 25 isolati esteri conspecifici

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	
CT-EPL6	TTTTTCGCTGTTTCGTTTCAAAGCGTTGTATTCTCTCAACTAACGGCTATGAATGGTTTCTATAGGTGCTGGAGCAGTTGTATGAGCGTGACTGTGGTGAT										
CT-EPV12										
CT-MSP16										
CT-MSP17										
CT-PR10										
CT-VPS7										
PA-FIC7										
PA-FIC8										
PA-FIC9										
PA-FIC10										
SR-SP7										
SR-SP8										
TP-BC9										
TP-LP10										
ME-MAL5										
SR-SSR10										
CT-BP8										
S. feltiae Switzerland AY17124										
S. feltiae Indonesia AY230185.										
S. feltiae Poland MK294320.1										
S. feltiae USA AF121050.2										
S. feltiae China AY170336.1										
S. feltiae Czech Republic KM01										
S. feltiae UK AY230169.1 Y..... R.....										
S. feltiae Finland KM016371.1										
S. feltiae Jordan EU200355.1 Y..... R.....										
S. feltiae Japan AY230178.1 D..... T.....										
S. feltiae Canada DQ310470.1 G.....										
S. feltiae Turkey MN861044.1										
S. feltiae Russia KT809344.1										
S. feltiae South Korea MN09339										
S. feltiae Iran JN098449.1										
S. feltiae Finland KM016360.1 G.....										
S. feltiae Ukraine KF939328.1										
S. feltiae Palestine KC571264. AA.....										
S. feltiae India MN044870.1										
S. feltiae Slovenia EU914855.1										
S. feltiae France LR745199.1										
S. feltiae Spain HM461997.1										
S. feltiae Lebanon HM140693.1										
S. feltiae Bulgaria KT873480.1										
S. feltiae Croatia MG952288.1										
S. feltiae Sicily MT830907.1 P										

	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200
CT-EPL6	GGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA	CTCAATTAACGTTTGATCAATTTGAC								
CT-EPV12										
CT-MSP16		R								
CT-MSP17										
CT-PR10										
CT-VPS7										
PA-FIC7										
PA-FIC8		R								
PA-FIC9										
PA-FIC10		R								M
SR-SP7			Y							
SR-SP8		G								C
TP-BC9		G								C
TP-LP10		G								C
ME-MAL5		G								C
SR-SSR10		G								C
CT-BP8										
S. feltiae Switzerland AY17124										
S. feltiae Indonesia AY230185		GG								G.C
S. feltiae Poland MK294320.1		GG								G.C
S. feltiae USA AF121050.2		GG								G.C
S. feltiae China AY170336.1		GG								G.C
S. feltiae Czech Republic KM01		GG								G.C
S. feltiae UK AY230169.1		GG								G.C
S. feltiae Finland KM016371.1		GG								G.C
S. feltiae Jordan EU200355.1		GG								G.C
S. feltiae Japan AY230178.1		GA		T						G.T
S. feltiae Canada DQ310470.1		GG								G.C
S. feltiae Turkey MN861044.1		GG								G.C
S. feltiae Russia KT809344.1		GA		T						G
S. feltiae South Korea MN09339		GG								G.C
S. feltiae Iran JN098449.1		GA		T						G
S. feltiae Finland KM016360.1		GA		T						G.C
S. feltiae Ukraine KF939328.1		GA		T						G
S. feltiae Palestine KC571264		GA		T						G
S. feltiae India MN044870.1		GA		T						G
S. feltiae Slovenia EU914855.1		GG								G.C
S. feltiae France LR745199.1		AG								G
S. feltiae Spain HM461997.1		AG								G
S. feltiae Lebanon HM140693.1		GG								G.C
S. feltiae Bulgaria KT873480.1		GG								G.C
S. feltiae Croatia MG952288.1		GG								G.C
S. feltiae Sicily MT830907.1 P										

	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
CT-EPL6	TGCA									
CT-EPV12	CCAG									
CT-MSP16	CGGT									
CT-MSP17	TAGG									
CT-PR10	TACT									
CT-VPS7	TAAAG									
PA-FIC7	TTTAT									
PA-FIC8	CAAGT									
PA-FIC9	CTTGT									
PA-FIC10	CGGT									
SR-SP7	GATC									
SR-SP8	ACTC									
TP-BC9	CGGTC									
TP-LP10	CGTAG									
ME-MAL5	TTCGAT									
SR-SSR10	GAAAA									
CT-BP8	ACGGGG									
S. feltiae Switzerland AY17124	CAAAACC									
S. feltiae Indonesia AY230185.	CGTATT									
S. feltiae Poland MK294320.1	TTTGGC									
S. feltiae USA AF121050.2	-									
S. feltiae China AY170336.1	-									
S. feltiae Czech Republic KM01	-									
S. feltiae UK AY230169.1	-									
S. feltiae Finland KM016371.1	-									
S. feltiae Jordan EU200355.1	R.									
S. feltiae Japan AY230178.1	-									
S. feltiae Canada DQ310470.1	-									
S. feltiae Turkey MN861044.1	-									
S. feltiae Russia KT809344.1	-									
S. feltiae South Korea MN09339	G.									
S. feltiae Iran JN098449.1	-									
S. feltiae Finland KM016360.1	-									
S. feltiae Ukraine KF939328.1	-									
S. feltiae Palestine KC571264.	-									
S. feltiae India MN044870.1	-									
S. feltiae Slovenia EU914855.1	-									
S. feltiae France LR745199.1	-									
S. feltiae Spain HM461997.1	-									
S. feltiae Lebanon HM140693.1	-									
S. feltiae Bulgaria KT873480.1	-									
S. feltiae Croatia MG952288.1	-									
S. feltiae Sicily MT830907.1 P	-									

	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
CT-EPL6									
CT-EPV12	GTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTATATCTGTAGTATGTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAA									
CT-MSP16									
CT-MSP17									
CT-PR10									
CT-VPS7									
PA-FIC7									
PA-FIC8									
PA-FIC9									
PA-FIC10									
SR-SP7									
SR-SP8									
TP-BC9									
TP-LP10									
ME-MAL5									
SR-SSR10									
CT-BP8									
S. feltiae Switzerland AY17124									
S. feltiae Indonesia AY230185.									
S. feltiae Poland MK294320.1									
S. feltiae USA AF121050.2									
S. feltiae China AY170336.1									
S. feltiae Czech Republic KM01									
S. feltiae UK AY230169.1									
S. feltiae Finland KM016371.1									
S. feltiae Jordan EU200355.1									
S. feltiae Japan AY230178.1									
S. feltiae Canada DQ310470.1									
S. feltiae Turkey MN861044.1									
S. feltiae Russia KT809344.1									
S. feltiae South Korea MN09339									
S. feltiae Iran JN098449.1									
S. feltiae Finland KM016360.1									
S. feltiae Ukraine KF939328.1									
S. feltiae Palestine KC571264.									
S. feltiae India MN044870.1									
S. feltiae Slovenia EU914855.1									
S. feltiae France LR745199.1									
S. feltiae Spain HM461997.1									
S. feltiae Lebanon HM140693.1									
S. feltiae Bulgaria KT873480.1									
S. feltiae Croatia MG952288.1									
S. feltiae Sicily MT830907.1 P									

	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500
CT-EPL6	CCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTG	ATTTTTTATTTGAGTACCTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGCTAATTCGTTTCCTAAT								
CT-EPV12										
CT-MSP16										
CT-MSP17										
CT-PR10										
CT-VPS7										
PA-FIC7										
PA-FIC8										
PA-FIC9										
PA-FIC10										
SR-SP7										
SR-SP8										
TP-BC9										
TP-LP10										
ME-MAL5										
SR-SSR10										
CT-BP8										
S. feltiae Switzerland AY17124										
S. feltiae Indonesia AY230185.										
S. feltiae Poland MK294320.1										
S. feltiae USA AF121050.2										
S. feltiae China AY170336.1										
S. feltiae Czech Republic KM01										
S. feltiae UK AY230169.1										
S. feltiae Finland KM016371.1										
S. feltiae Jordan EU200355.1										
S. feltiae Japan AY230178.1										
S. feltiae Canada DQ310470.1										
S. feltiae Turkey MN861044.1										
S. feltiae Russia KT809344.1										
S. feltiae South Korea MN09339										
S. feltiae Iran JN098449.1										
S. feltiae Finland KM016360.1										
S. feltiae Ukraine KF939328.1										
S. feltiae Palestine KC571264.										
S. feltiae India MN044870.1										
S. feltiae Slovenia EU914855.1										
S. feltiae France LR745199.1										
S. feltiae Spain HM461997.1										
S. feltiae Lebanon HM140693.1										
S. feltiae Bulgaria KT873480.1										
S. feltiae Croatia MG952288.1										
S. feltiae Sicily MT830907.1 P										

	610	620	630	640	650	660	670	680
CT-EPL6	AGAAATTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAAACTTTTCGTT							
CT-EPV12							
CT-MSP16							
CT-MSP17							
CT-PR10							
CT-VPS7							
PA-FIC7							
PA-FIC8							
PA-FIC9							
PA-FIC10							
SR-SP7							
SR-SP8							
TP-BC9							
TP-LP10							
ME-MAL5							
SR-SSR10							
CT-BP8							
S. feltiae Switzerland AY17124TA.....							
S. feltiae Indonesia AY230185.TA.....							
S. feltiae Poland MK294320.1TA.....							
S. feltiae USA AF121050.2TA.....							
S. feltiae China AY170336.1TA.....							
S. feltiae Czech Republic KM01TA.....							
S. feltiae UK AY230169.1TA.....							
S. feltiae Finland KM016371.1TA.....							
S. feltiae Jordan EU200355.1TA.....							
S. feltiae Japan AY230178.1A.....							
S. feltiae Canada DQ310470.1TA.....							
S. feltiae Turkey MN861044.1TA.....							
S. feltiae Russia KT809344.1TA.....							
S. feltiae South Korea MN09339TA.....							
S. feltiae Iran JN098449.1G.....							
S. feltiae Finland KM016360.1A.....							
S. feltiae Ukraine KF939328.1TA.....							
S. feltiae Palestine KC571264.A.....T.....							
S. feltiae India MN044870.1	.A...C...G.....							
S. feltiae Slovenia EU914855.1TA.....							
S. feltiae France LR745199.1G.....							
S. feltiae Spain HM461997.1N...G.....A.....							
S. feltiae Lebanon HM140693.1TA.....							
S. feltiae Bulgaria KT873480.1TA.....							
S. feltiae Croatia MG952288.1TA.....							
S. feltiae Sicily MT830907.1 P							

(4). Allineamento multiplo del *locus* ITS1 dei 17 isolati siciliani di *Steinernema feltiae* e di 45 altriisolati conspecifici



	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200
CT-EPL6	GGACATTTTGGTATCTCCTTAGTCGAGTAACTAGAAATTAAGAAGTCTGTATGACTCGCCGTTCTTAAAAA	CTCAATTAACGTTTGATCAATTTGAC								
CT-EPV12										
CT-MSP16		R								
CT-MSP17			C							
CT-PR10										
CT-VPS7										
PA-FIC7										
PA-FIC8		R								
PA-FIC9										
PA-FIC10		R							M	
SR-SP7			Y							
SR-SP8		G								C
TP-BC9		G								C
TP-LP10		G								C
ME-MAL5		G								C
SR-SSR10		G								C
CT-BP8										
S. feltiae Switzerland AY17124										
S. feltiae Indonesia AY230185.		GG				G				C
S. feltiae Poland MK294320.1		GG				G				C
S. feltiae USA AF121050.2		GG				G				C
S. feltiae China AY170336.1		GG				G				C
S. feltiae Czech Republic KM01		GG				G				C
S. feltiae UK AY230169.1		GG				G				C
S. feltiae Finland KM016371.1		GG				G				C
S. feltiae Jordan EU200355.1		GG				G				C
S. feltiae Japan AY230178.1		GA		T						G
S. feltiae Canada DQ310470.1		GG				G				C
S. feltiae Turkey MN861044.1		GG				G				C
S. feltiae Russia KT809344.1		GA		T						G
S. feltiae South Korea MN09339		GG				T				G
S. feltiae Iran JN098449.1		GA		T						G
S. feltiae Finland KM016360.1		GA		T						G
S. feltiae Ukraine KF939328.1		GA		T						G
S. feltiae Palestine KC571264.		GA		T						G
S. feltiae India MN044870.1		GA		T						G
S. feltiae Slovenia EU914855.1		GG				G				C
S. feltiae France LR745199.1			AG							G
S. feltiae Spain HM461997.1			AG							G
S. feltiae Lebanon HM140693.1		GG				G				C
S. feltiae Bulgaria KT873480.1		GG				G				C
S. feltiae Croatia MG952288.1		GG				G				C
S. feltiae Sicily MT830907.1 P										

	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
CT-EPL6	TGC	ACCAGCCGTAGGTG	TACTTAAAGATTTAT	CAAGTCTTGT	CGGTGGATC	ACTCGGTT	CGTAGTTC	GATGAAAAACGGGG	CAAAAACC	GTTATTTGGC
CT-EPV12
CT-MSP16
CT-MSP17
CT-PR10
CT-VPS7
PA-FIC7
PA-FIC8
PA-FIC9
PA-FIC10
SR-SP7
SR-SP8
TP-BC9
TP-LP10
ME-MAL5
SR-SSR10
CT-BP8
S. feltiae Switzerland AY17124
S. feltiae Indonesia AY230185.	R.	.	.
S. feltiae Poland MK294320.1
S. feltiae USA AF121050.2
S. feltise China AY170336.1	C.
S. feltiae Czech Republic KM01
S. feltiae UK AY230169.1	.	.	R.
S. feltiae Finland KM016371.1	T.
S. feltiae Jordan EU200355.1	.	R.
S. feltiae Japan AY230178.1
S. feltiae Canada DQ310470.1
S. feltiae Turkey MN861044.1
S. feltiae Russia KT809344.1
S. feltiae South Korea MN09339	.	G.
S. feltiae Iran JN098449.1
S. feltiae Finland KM016360.1
S. feltiae Ukraine KF939328.1
S. feltiae Palestine KC571264.
S. feltiae India MN044870.1
S. feltiae Slovenia EU914855.1
S. feltiae France LR745199.1
S. feltiae Spain HM461997.1
S. feltiae Lebanon HM140693.1
S. feltiae Bulgaria KT873480.1
S. feltiae Croatia MG952288.1
S. feltiae Sicily MT830907.1 P

	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
CT-EPL6	GTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAA	TTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTATATCTGTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAA								
CT-EPV12
CT-MSP16
CT-MSP17
CT-PR10
CT-VPS7
PA-FIC7
PA-FIC8
PA-FIC9
PA-FIC10
SR-SP7
SR-SP8
TP-BC9
TP-LP10
ME-MAL5
SR-SSR10
CT-BP8
S. feltiae Switzerland AY17124
S. feltiae Indonesia AY230185.
S. feltiae Poland MK294320.1
S. feltiae USA AF121050.2
S. feltiae China AY170336.1
S. feltiae Czech Republic KM01
S. feltiae UK AY230169.1
S. feltiae Finland KM016371.1
S. feltiae Jordan EU200355.1
S. feltiae Japan AY230178.1
S. feltiae Canada DQ310470.1
S. feltiae Turkey MN861044.1
S. feltiae Russia KT809344.1
S. feltiae South Korea MN09339C.....
S. feltiae Iran JN098449.1
S. feltiae Finland KM016360.1
S. feltiae Ukraine KF939328.1
S. feltiae Palestine KC571264.
S. feltiae India MN044870.1
S. feltiae Slovenia EU914855.1
S. feltiae France LR745199.1
S. feltiae Spain HM461997.1
S. feltiae Lebanon HM140693.1
S. feltiae Bulgaria KT873480.1
S. feltiae Croatia MG952288.1
S. feltiae Sicily MT830907.1 P

	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500
CT-EPL6	CCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCGATTAGTTATTTG	ATTTTTTATTTGAGTACCTTTTGGAAATGTGAATTTGATTGCTAATTCGTTTCCTAAT								
CT-EPV12
CT-MSP16
CT-MSP17
CT-PR10
CT-VPS7
PA-FIC7
PA-FIC8
PA-FIC9
PA-FIC10
SR-SP7
SR-SP8
TP-BC9
TP-LP10
ME-MAL5
SR-SSR10
CT-BP8
S. feltiae Switzerland AY17124	GW	A
S. feltiae Indonesia AY230185	-G	C
S. feltiae Poland MK294320.1	-G	C
S. feltiae USA AF121050.2	-G	C
S. feltiae China AY170336.1	-G	C
S. feltiae Czech Republic KM01	-G	C
S. feltiae UK AY230169.1	Y	Y	Y	-G
S. feltiae Finland KM016371.1	-G	C
S. feltiae Jordan EU200355.1	Y	Y	Y	-G
S. feltiae Japan AY230178.1	C	GT
S. feltiae Canada DQ310470.1	-G	C
S. feltiae Turkey MN861044.1	-G	C
S. feltiae Russia KT809344.1	GT	C
S. feltiae South Korea MN09339	-G	C
S. feltiae Iran JN098449.1	-G	C
S. feltiae Finland KM016360.1	GT	C
S. feltiae Ukraine KF939328.1	GT	C
S. feltiae Palestine KC571264	C	C
S. feltiae India MN044870.1	-G	C
S. feltiae Slovenia EU914855.1	-G	C
S. feltiae France LR745199.1	G	C
S. feltiae Spain HM461997.1	G	C
S. feltiae Lebanon HM140693.1	-G	C
S. feltiae Bulgaria KT873480.1	-G	C
S. feltiae Croatia MG952288.1	-G	C
S. feltiae Sicily MT830907.1 P	-G	C

	510	520	530	540	550	560	570	580	590	600
CT-EPL6	CGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAACAGTTCGTATATTTTC									
CT-EPV12									
CT-MSP16									
CT-MSP17									
CT-PR10									
CT-VPS7									
PA-FIC7									
PA-FIC8									
PA-FIC9									
PA-FIC10									
SR-SP7									
SR-SP8									
TP-BC9									
TP-LP10									
ME-MAL5									
SR-SSR10									
CT-BP8									
S. feltiae Switzerland AY17124					G				
S. feltiae Indonesia AY230185.									
S. feltiae Poland MK294320.1									
S. feltiae USA AF121050.2									
S. feltiae China AY170336.1									
S. feltiae Czech Republic KM01									
S. feltiae UK AY230169.1	Y			W					WY
S. feltiae Finland KM016371.1									
S. feltiae Jordan EU200355.1	Y			W					WY
S. feltiae Japan AY230178.1									
S. feltiae Canada DQ310470.1	T								
S. feltiae Turkey MN861044.1									
S. feltiae Russia KT809344.1									
S. feltiae South Korea MN09339	T								
S. feltiae Iran JN098449.1					G				C
S. feltiae Finland KM016360.1									
S. feltiae Ukraine KF939328.1									
S. feltiae Palestine KC571264.					G				CG
S. feltiae India MN044870.1									C
S. feltiae Slovenia EU914855.1									
S. feltiae France LR745199.1									C
S. feltiae Spain HM461997.1									T
S. feltiae Lebanon HM140693.1									T
S. feltiae Bulgaria KT873480.1					G				
S. feltiae Croatia MG952288.1									
S. feltiae Sicily MT830907.1 P									

	610	620	630	640	650	660	670	680
CT-EPL6	AGAAATTTTCAGAGGCCCTTACAATACATCACTTGACACAACACGATTCGTTTGTTCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTTCGTT							
CT-EPV12							
CT-MSP16							
CT-MSP17							
CT-PR10							
CT-VPS7							
PA-FIC7							
PA-FIC8							
PA-FIC9							
PA-FIC10							
SR-SP7							
SR-SP8							
TP-BC9							
TP-LP10							
ME-MAL5							
SR-SSR10							
CT-BP8							
S. feltiae Switzerland AY17124TA.....							
S. feltiae Indonesia AY230185.TA.....							
S. feltiae Poland MK294320.1TA.....							
S. feltiae USA AF121050.2TA.....							
S. feltiae China AY170336.1TA.....							
S. feltiae Czech Republic KM01TA.....							
S. feltiae UK AY230169.1TA.....							
S. feltiae Finland KM016371.1TA.....							
S. feltiae Jordan EU200355.1TA.....							
S. feltiae Japan AY230178.1A.....							
S. feltiae Canada DQ310470.1TA.....							
S. feltiae Turkey MN861044.1TA.....							
S. feltiae Russia KT809344.1TA.....							
S. feltiae South Korea MN09339TA.....							
S. feltiae Iran JN098449.1G.....							
S. feltiae Finland KM016360.1A.....							
S. feltiae Ukraine KF939328.1TA.....							
S. feltiae Palestine KC571264.A.....T.....							
S. feltiae India MN044870.1	.A...C...G.....							
S. feltiae Slovenia EU914855.1TA.....							
S. feltiae France LR745199.1G.....							
S. feltiae Spain HM461997.1N...G.....A.....							
S. feltiae Lebanon HM140693.1TA.....							
S. feltiae Bulgaria KT873480.1TA.....							
S. feltiae Croatia MG952288.1TA.....							
S. feltiae Sicily MT830907.1 P							

(5). Allineamento multiplo del *locus* ITS di 5 isolati siciliani di *Steinernema kraussei*

```

      10      20      30      40      50      60      70      80      90      100
CT-EPL1 QO198332 TGCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAA-GCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTCGGACGATCGTTGCGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAA
CT-EPL3 OQ211101 .....A.....
CT-EPL14 OR755839 .....C.....A.....
CT-EPL17 OQ600725 .....A.....
CT-MSP9 OR758846 .....A.....

      110     120     130     140     150     160     170     180     190     200
CT-EPL1 QO198332 CCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTACTTGGATTCAAATGAATCGAGCTGAATCT
CT-EPL3 OQ211101 .....
CT-EPL14 OR755839 .....
CT-EPL17 OQ600725 .....
CT-MSP9 OR758846 .....

      210     220     230     240     250     260     270     280     290     300
CT-EPL1 QO198332 TTGCTGTTGTTTCGAAGCGATGATTTCTCTCAACTAACGGCTATGAAGGGTTCTGTAGGTGTCTGGAGCAGTTGTATGTGCGTGACTGTGGTGATGGA
CT-EPL3 OQ211101 .....
CT-EPL14 OR755839 .....
CT-EPL17 OQ600725 .....
CT-MSP9 OR758846 .....

      310     320     330     340     350     360     370     380     390     400
CT-EPL1 QO198332 CATTTGAGTTCCTCTGGAAC TAGAATTAAGAAGTCTGATACGACTCGCGTCTTAAAAAATTCAATTAACGTTTGAACAATTTGACTGCACCAGCCG
CT-EPL3 OQ211101 .....T.....
CT-EPL14 OR755839 .....W.....
CT-EPL17 OQ600725 .....T.....
CT-MSP9 OR758846 .....W.....

      410     420     430     440     450     460     470     480     490     500
CT-EPL1 QO198332 TAGGTGTAATTAAGATTTATCAAGTCTTGTTCGGTGGATCACTCGGTTCTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAACCCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGA
CT-EPL3 OQ211101 .....
CT-EPL14 OR755839 .....
CT-EPL17 OQ600725 .....
CT-MSP9 OR758846 .....

      510     520     530     540     550     560     570     580     590     600
CT-EPL1 QO198332 CATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAATTCGTAACCTGCAGTCCGC
CT-EPL3 OQ211101 .....
CT-EPL14 OR755839 .....
CT-EPL17 OQ600725 .....
CT-MSP9 OR758846 .....

```

```

        610      620      630      640      650      660      670      680      690      700
CT-EPL1 OQ198332 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-EPL3 OQ211101 CGTGACTGTTCTTTCGATCAGCTACTTGATCTGCATTGCTGATCGAGTACCTGTTGGTATGTGAACTTTGGATAGTCTAATTCGTTCCCTACTGAAACG
CT-EPL14 OR755839 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-EPL17 OQ600725 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-MSP9 OR758846 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|

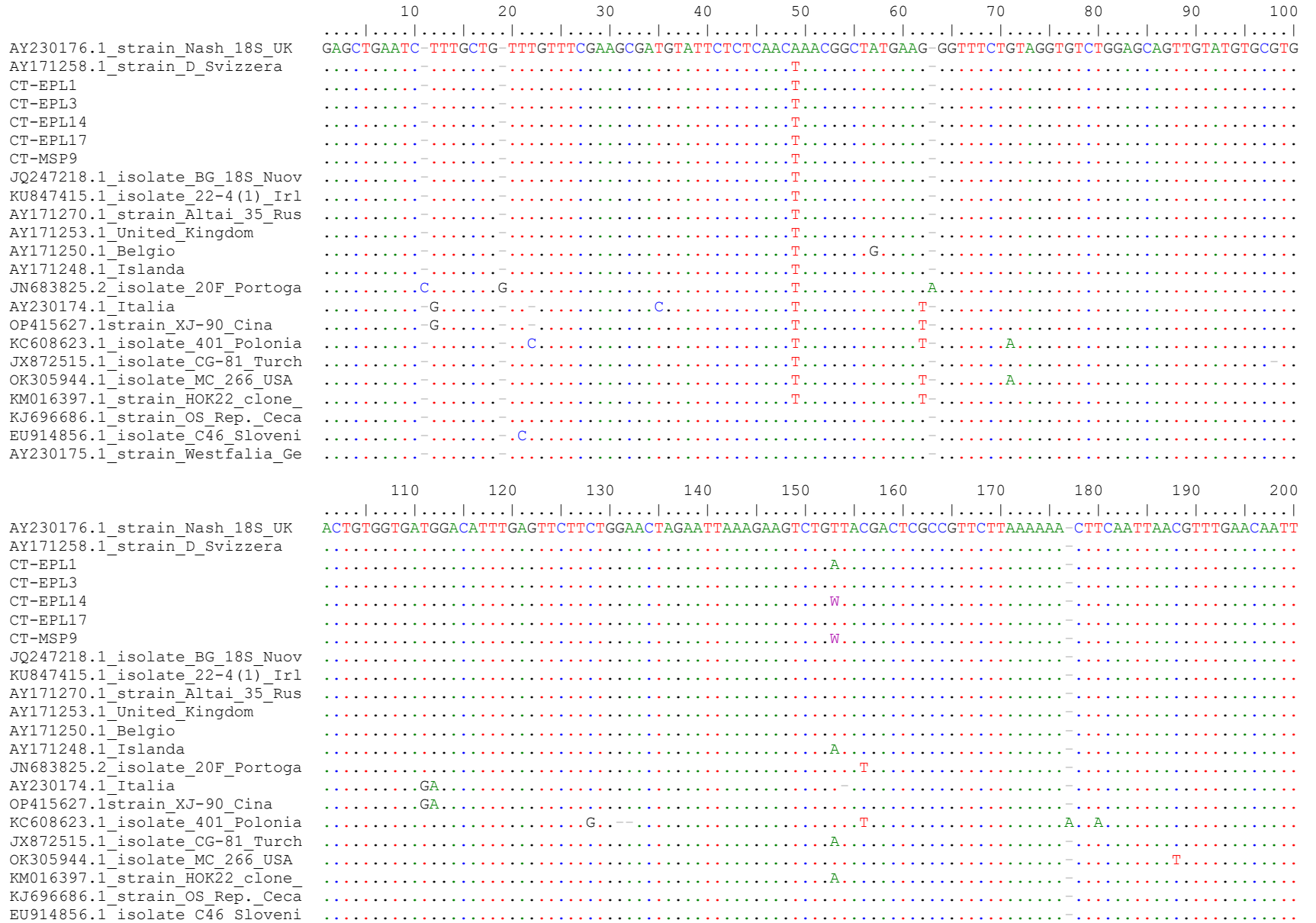
        710      720      730      740      750      760      770      780      790      800
CT-EPL1 OQ198332 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-EPL3 OQ211101 AGCTATCTTTGAATTCTGTGCGTTGATCTTTGGTGTTCGGCGGTTTCTTGCCGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACGTATATGCTTCAATTTAT
CT-EPL14 OR755839 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-EPL17 OQ600725 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-MSP9 OR758846 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|

        810      820      830      840      850      860      870      880      890      900
CT-EPL1 OQ198332 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-EPL3 OQ211101 TCAGATGCCCTAATGTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGTTTGTGAATAATCGCGCAAGAAAGAACTTTTCGTTTACGACCTCAACTCAAGCAA
CT-EPL14 OR755839 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-EPL17 OQ600725 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-MSP9 OR758846 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|

        910      920      930
CT-EPL1 OQ198332 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-EPL3 OQ211101 GACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAGTAAGCGGAG
CT-EPL14 OR755839 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-EPL17 OQ600725 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
CT-MSP9 OR758846 .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|

```

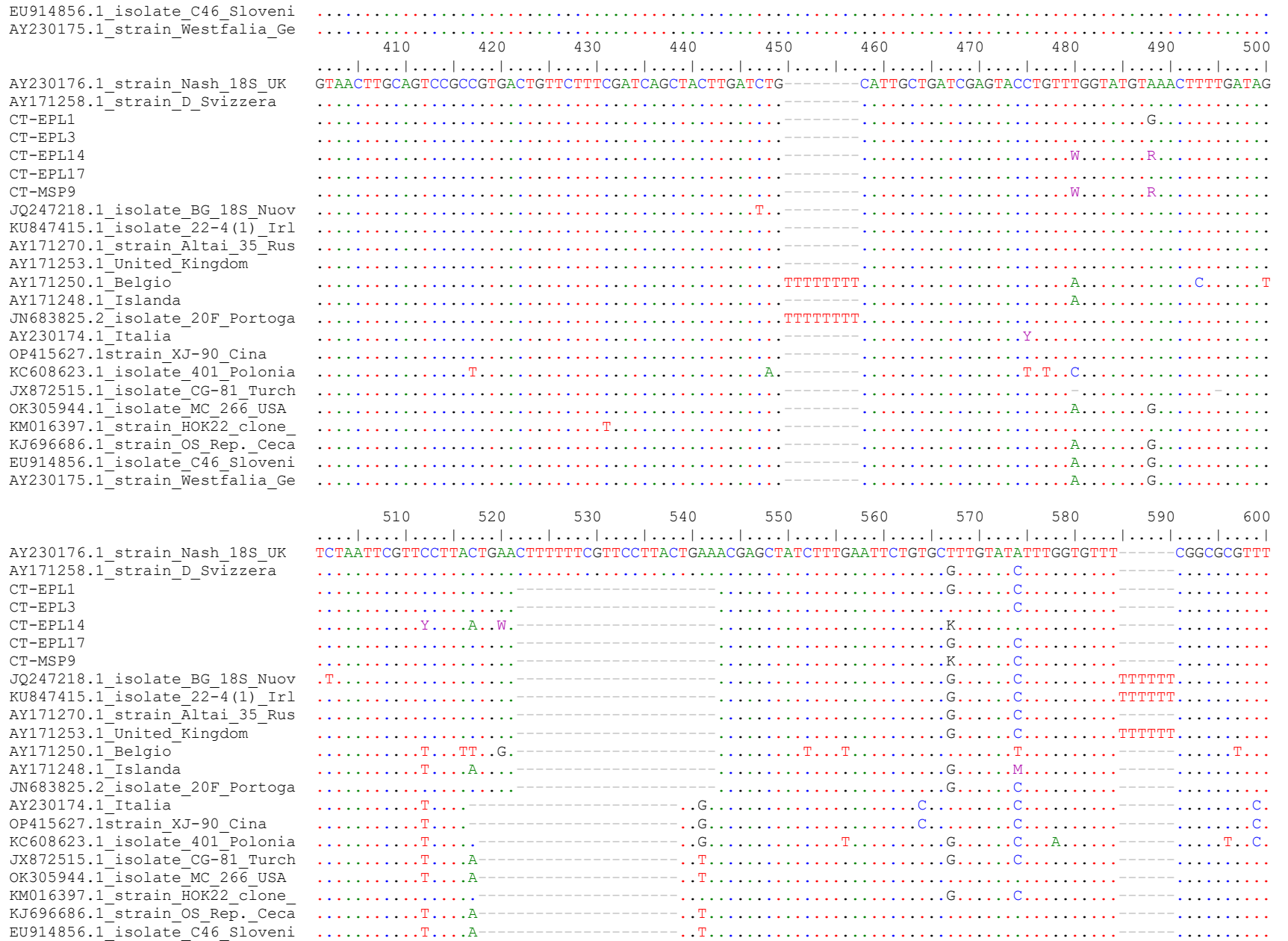
(6). Allineamento multiplo del locus ITS di 5 isolati siciliani di *Steinernema kraussei* e 18 isolati esteri



```

AY230175.1_strain_Westfalia_Ge .....-.....
                                210      220      230      240      250      260      270      280      290
300
AY230176.1_strain_Nash_18S_UK TGACTGCACCCAGCCGTAGGTGTAATTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCCGGTGGATCAC-TCGGTTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACCGTTATT
AY171258.1_strain_D_Svizzera .....-.....
CT-EPL1 .....-.....
CT-EPL3 .....-.....
CT-EPL14 .....-.....
CT-EPL17 .....-.....
CT-MSP9 .....-.....
JQ247218.1_isolate_BG_18S_Nuov .....C.C.....
KU847415.1_isolate_22-4(1)_Irl .....-.....
AY171270.1_strain_Altai_35_Rus .....-.....
AY171253.1_United_Kingdom .....-.....
AY171250.1_Belgio .....-.....
AY171248.1_Islanda .....-.....
JN683825.2_isolate_20F_Portoga .....-.....
AY230174.1_Italia .....-.....
OP415627.1strain_XJ-90_Cina .....-.....
KC608623.1_isolate_401_Polonia .....C.....
JX872515.1_isolate_CG-81_Turch .....-.....
OK305944.1_isolate_MC_266_USA .....-.....
KM016397.1_strain_HOK22_clone_ .....-.....
KJ696686.1_strain_OS_Rep._Ceca .....T.....
EU914856.1_isolate_C46_Sloveni .....-.....
AY230175.1_strain_Westfalia_Ge .....-.....
                                310      320      330      340      350      360      370      380      390      400
AY230176.1_strain_Nash_18S_UK TGGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGATTAAATTC
AY171258.1_strain_D_Svizzera .....-.....
CT-EPL1 .....-.....
CT-EPL3 .....-.....
CT-EPL14 .....-.....
CT-EPL17 .....-.....
CT-MSP9 .....-.....
JQ247218.1_isolate_BG_18S_Nuov .....-.....
KU847415.1_isolate_22-4(1)_Irl .....-.....
AY171270.1_strain_Altai_35_Rus .....-.....
AY171253.1_United_Kingdom .....-.....
AY171250.1_Belgio .....-.....
AY171248.1_Islanda .....-.....
JN683825.2_isolate_20F_Portoga .....-.....
AY230174.1_Italia .....-.....
OP415627.1strain_XJ-90_Cina .....-.....
KC608623.1_isolate_401_Polonia .....-.....
JX872515.1_isolate_CG-81_Turch .....-.....
OK305944.1_isolate_MC_266_USA .....-.....
KM016397.1_strain_HOK22_clone_ .....-.....
KJ696686.1_strain_OS_Rep._Ceca .....-.....

```



```

AY230175.1_strain_Westfalia_Ge .....T...A-----..T.....
                610      620      630      640      650      660      670      680      690      700
.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
AY230176.1_strain_Nash_18S_UK CTGTCCGACTGAATTGTACGGACGTAACAGTACGTATAT-GCTTCAATTTATTTCAGATGCCCTAATGTTACATCACTCGACACAACACGTTTCGTTGTT
AY171258.1_strain_D_Svizzera .....G.....
CT-EPL1 .....
CT-EPL3 .....G.....
CT-EPL14 .....K.....
CT-EPL17 .....G.....
CT-MSP9 .....K.....
JQ247218.1_isolate_BG_18S_Nuov .....G.....
KU847415.1_isolate_22-4(1)_Irl .....G.....
AY171270.1_strain_Altai_35_Rus .....G.....
AY171253.1_United_Kingdom .....G.....
AY171250.1_Belgio .....T.....G.....AC.....
AY171248.1_Islanda .....G.....
JN683825.2_isolate_20F_Portoga .....G.....
AY230174.1_Italia .....
OP415627.1strain_XJ-90_Cina .....
KC608623.1_isolate_401_Polonia ..A.....C.....G.....A.....C.....G.....T.....A.....G.G.....
JX872515.1_isolate_CG-81_Turch .....G.....
OK305944.1_isolate_MC_266_USA .....T.....
KM016397.1_strain_HOK22_clone_ .....G.....
KJ696686.1_strain_OS_Rep._Ceca .....
EU914856.1_isolate_C46_Sloveni .....
AY230175.1_strain_Westfalia_Ge .....

AY230176.1_strain_Nash_18S_UK GAATAATT
AY171258.1_strain_D_Svizzera .....C.....
CT-EPL1 .....C.....
CT-EPL3 .....C.....
CT-EPL14 .....Y.....
CT-EPL17 .....C.....
CT-MSP9 .....C.....
JQ247218.1_isolate_BG_18S_Nuov .....C.....
KU847415.1_isolate_22-4(1)_Irl .....C.....
AY171270.1_strain_Altai_35_Rus .....C.....
AY171253.1_United_Kingdom .....C.....
AY171250.1_Belgio .....C.....
AY171248.1_Islanda .....
JN683825.2_isolate_20F_Portoga .....C.....
AY230174.1_Italia .....
OP415627.1strain_XJ-90_Cina .....
KC608623.1_isolate_401_Polonia .....C.....
JX872515.1_isolate_CG-81_Turch .....
OK305944.1_isolate_MC_266_USA .....
KM016397.1_strain_HOK22_clone_ .....C.....
KJ696686.1_strain_OS_Rep._Ceca .....
EU914856.1_isolate_C46_Sloveni .....
AY230175.1_strain_Westfalia_Ge .....

```


(7). Allineamento multiplo del locus ITS di 5 isolati siciliani di *Heterorhabditis bacteriophora*

```

      10      20      30      40      50      60      70      80      90     100
OQ600724.1 CL-BG9H  CGGGACTGA-GCTGTTTCGAGAAGAGTGGAGACTGCTGTATTGGGGCTTTCGGGCCTGGTATGATGGAAACCATTTTAATCGCAATGGCTTGAACCGGG
OQ211103.1 CT-FFG5H  .....A.....-.....-.....
OQ211104.1 SR-SP7H  .....-.....
OQ211105.1 TP-LP12H  .....-.....
OR755839.1 TP-SEL9H  .....A..A.....

      110     120     130     140     150     160     170     180     190     200
OQ600724.1 CL-BG9H  CAAAAGTCGTAAACAAGGTATCTGTAGGTGAACCTGCAGATGGATCATCGCCGAAACCTTATGGGTAAATGCTTTGATCACGAGAGATCGGTACCAATGGAA
OQ211103.1 CT-FFG5H  .....
OQ211104.1 SR-SP7H  .....T.....
OQ211105.1 TP-LP12H  .....T.....
OR755839.1 TP-SEL9H  .....G.....

      210     220     230     240     250     260     270     280     290     300
OQ600724.1 CL-BG9H  TCAGGCTTGTTCCTTGATTTCAATCGGTTTCTCACCCCATCTAAGCTCATGGAGAGGTGTCTAGTCCCAATTGGAGTCGCTTTGAGTGACCGCTATGAAAA
OQ211103.1 CT-FFG5H  .....
OQ211104.1 SR-SP7H  .....
OQ211105.1 TP-LP12H  .....
OR755839.1 TP-SEL9H  .....

      310     320     330     340     350     360     370     380     390     400
OQ600724.1 CL-BG9H  TTGGGTATGTTCCCGTGAGGGTCGAGCATAGACTTTATGAACAGTGCTGGAGCTGTCGCCTCACCAAAAAATCATCGATAACTGGTGGCTATGTGTGAC
OQ211103.1 CT-FFG5H  .....
OQ211104.1 SR-SP7H  .....
OQ211105.1 TP-LP12H  .....
OR755839.1 TP-SEL9H  .....

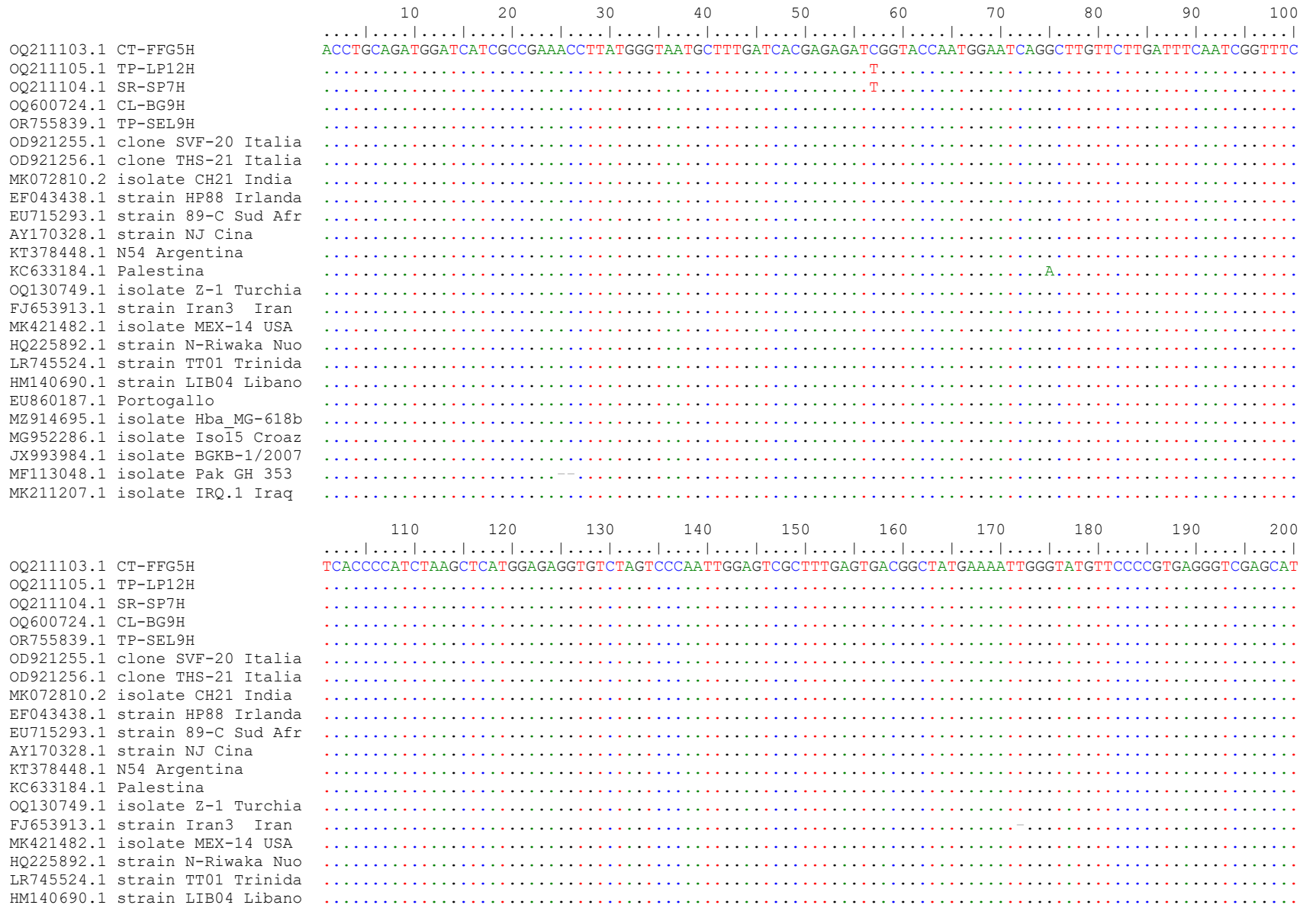
      410     420     430     440     450     460     470     480     490     500
OQ600724.1 CL-BG9H  ATTAGTCACATAGGTATCTGCTGATGCAGAGAGCCTTAATGAGTTGTTCGTGTCATCTGACCTACACC GCCAGTATCGGTA AATCAACCCAATTAACTT
OQ211103.1 CT-FFG5H  .....
OQ211104.1 SR-SP7H  G.....
OQ211105.1 TP-LP12H  G.....
OR755839.1 TP-SEL9H  .....G.....

      510     520     530     540     550     560     570     580     590     600
OQ600724.1 CL-BG9H  GTTCTTGTCGTTAATACATACTGGCAAAGTGTATTAGCTTTAGCGATGGATCGGTTGATTCGCGTATCGATGAAAAACGCAGCAAGCTGCGTTAT
OQ211103.1 CT-FFG5H  .....
OQ211104.1 SR-SP7H  .....
OQ211105.1 TP-LP12H  .....
OR755839.1 TP-SEL9H  .....

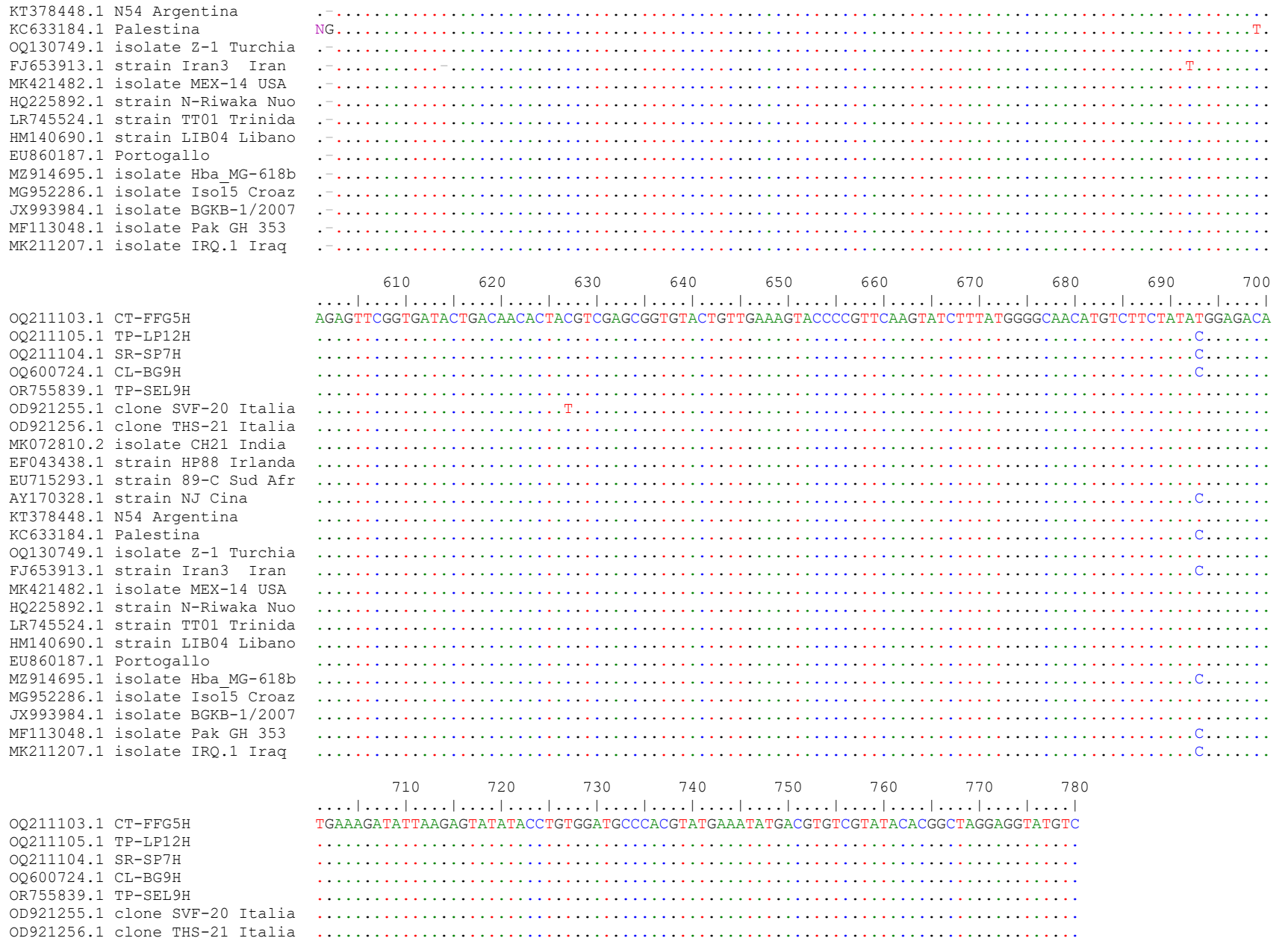
```

	610	620	630	640	650	660	670	680	690	700
OQ600724.1 CL-BG9H									
OQ211103.1 CT-FFG5H	TTACCACGAATTGCAGACGCTTAGAGTGGTGAAGTTTGAACGCACAGCCGGTTGGGTTTCCCTTCGGCACGTCTGGCTCAGGGTTGTTAATAAGCG									
OQ211104.1 SR-SP7H									
OQ211105.1 TP-LP12H									
OR755839.1 TP-SEL9H									
	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
OQ600724.1 CL-BG9H									
OQ211103.1 CT-FFG5H	AAAGTGTGAAAGTTCATTAACGAGAGTTCGGTGATACTGACAACACTACGTCGAGCGGTGACTGTTGAAAGTACCCCGTTCAGTATCTTTATGGGG									
OQ211104.1 SR-SP7H									
OQ211105.1 TP-LP12H									
OR755839.1 TP-SEL9H									
	810	820	830	840	850	860	870	880	890	900
OQ600724.1 CL-BG9H									
OQ211103.1 CT-FFG5H	CAACATGTCCTTCTATACGGAGACATGAAAGATATTAAGAGTATATACCTGTGGATGCCACGTATGAAATATGACGTGTCGTATACACGGCTAGGAGGTA									
OQ211104.1 SR-SP7H									
OQ211105.1 TP-LP12H									
OR755839.1 TP-SEL9H									
	910	920	930	940	950	960	970	980		
OQ600724.1 CL-BG9H									
OQ211103.1 CT-FFG5H	TGTCCTCAGATGAATTTGTTTATGCAACCTGAGCTCAGTCGTGATTACCCGCCGAACCTAAGCATATCATTTCAGCGGAGAAA									
OQ211104.1 SR-SP7H									
OQ211105.1 TP-LP12H									
OR755839.1 TP-SEL9H									

(8). Allineamento multiplo del locus ITS di 5 isolati siciliani di *Heterorhabditis bacteriophora* e di 20 isolati esteri







MK072810.2	isolate CH21	India
EF043438.1	strain HP88	Irlanda
EU715293.1	strain 89-C	Sud Afr
AY170328.1	strain NJ	Cina
KT378448.1	N54	Argentina
KC633184.1		Palestina
OQ130749.1	isolate Z-1	Turchia
FJ653913.1	strain Iran3	Iran
MK421482.1	isolate MEX-14	USA
HQ225892.1	strain N-Riwaka	NuoC.....
LR745524.1	strain TT01	Trinida
HM140690.1	strain LIB04	Libano
EU860187.1		Portogallo-
MZ914695.1	isolate Hba	MG-618b
MG952286.1	isolate Iso15	Croaz
JX993984.1	isolate BGKB-1/2007	
MF113048.1	isolate Pak	GH 353
MK211207.1	isolate IRQ.1	Iraq

(9). Allineamento multiplo del *locus* ITS di 3 isolati siciliani di *Steinernema* sp.

```

      10      20      30      40      50      60      70      80      90      100
TP-SEL6 Steinernema sp. CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGACGATCGTTGCGGCAGAAC
TP-SEL1 Steinernema sp. .....
CL-BG2 Steinernema sp. .....

      110      120      130      140      150      160      170      180      190      200
TP-SEL6 Steinernema sp. CGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGAGCTTATCCATTACTTGGGA
TP-SEL1 Steinernema sp. .....
CL-BG2 Steinernema sp. .....

      210      220      230      240      250      260      270      280      290      300
TP-SEL6 Steinernema sp. TTCAAATGAATCGAGCTGAATTTGCGCTTTCGTTTCGAAGCGTTCGTATTTCTCTCAACTAACGGCTTTGAATGGTTTCTATAGGTGCTGGAGCAGTTG
TP-SEL1 Steinernema sp. .....
CL-BG2 Steinernema sp. ....T.....A.....C..

      310      320      330      340      350      360      370      380      390      400
TP-SEL6 Steinernema sp. TATGAGCGTGACTGTGGTGATGGACATTTGAGTTCCTGTGACTAGAATTAAGAAGTCTGTTATGACTCGCCGTTCTTAAAAAACTTCAATTAACGTTT
TP-SEL1 Steinernema sp. .....
CL-BG2 Steinernema sp. ....C-

      410      420      430      440      450      460      470      480      490      500
TP-SEL6 Steinernema sp. GAACAATTTGACTGCACCAGCCGTAGGTGTGCTTAAAGATTTATCAAGTCTTGTCCGTGGATCACTCGGTTCTGATGATAAAGCGGGGCAAAC
TP-SEL1 Steinernema sp. ....R..
CL-BG2 Steinernema sp. ..T.....

      510      520      530      540      550      560      570      580      590      600
TP-SEL6 Steinernema sp. CGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTAGTATGTTTGGTTGAGGGTCGA
TP-SEL1 Steinernema sp. .....
CL-BG2 Steinernema sp. .....

      610      620      630      640      650      660      670      680      690      700
TP-SEL6 Steinernema sp. TTAATTCGTAACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTCCGATTTTACTTGATTTTTG-TTGAGTACATTTTTGGTATGTGAATTTTTCGATTGCCTAATT
TP-SEL1 Steinernema sp. .....
CL-BG2 Steinernema sp. ....A.C.....

      710      720      730      740      750      760      770      780      790      800
TP-SEL6 Steinernema sp. CGTTTCCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCATTGATTTCTGGTGTTCGGCGTGTTCCTTGCCGACTGATTTGTACAAACTTAA--CGGT
TP-SEL1 Steinernema sp. .....
CL-BG2 Steinernema sp. ....G.....GG.GA...

```



```

      810      820      830      840      850      860      870      880      890      900
TP-SEL6 Steinernema sp. TGGTATATTTTCAAATTGATCAGAGGCCCTTACAGTACATCACTTGACACAACACGATTTCGTTGTCGAGGAATTGCGCAAGAAAGAACTTTTCGTTT
TP-SEL1 Steinernema sp. ....
CL-BG2 Steinernema sp. ....CT.....

      910      920      930      940      950
TP-SEL6 Steinernema sp. TACGACCTCAACTCAAGCAAGATTACCCGCTGAACCTAAGCATATCAGTAAGCG
TP-SEL1 Steinernema sp. ....
CL-BG2 Steinernema sp. ....

```

(10). Allineamento multiplo del locus ITS di 84 steinernematidi insieme a *C. elegans*, *C. latens*, *C. rigoni* utilizzati come outgroup

```

      10      20      30      40      50      60      70      80      90      100
S. abbasi AY230158.1 -----
S. aciari AY787660.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGCTTTCGAG
S. affine AY171298.1 -----
S. akhursti DQ375757.2 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGTTGCTCTGAGCCTTTCGGA
S. apuliae HQ416968.1 --TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGCTTTCGGG
S. arasbaranense FJ860039.1 -----
S. arenarium AY230160.1 --TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCCGCTCTGAGCGCTTTCGGG
S. ashiunense DQ354694.1 -----AGTACGCCTGCCCGGGCTGGTTGTTTCGAGGCAAGCGGAGACTGTTGTTTAGAGCGTTTTCGGA
S. asiaticum AY230184.1 --TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGTTTTCGGA
S. australe FJ235125.1 -----CCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGTTTTCGGA
S. backanense AY487918.1 -----
S. beddingi AY603397.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAATGCGGAGATTGCTACTTTGAAACTCTTCGGA
S. bicornutum AY171279.1 -----
S. boemarei FJ152414.1 -----
S. brazilense FJ410325.1 --TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACTGCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCCCTGAGCGTTTTCGGA
S. cameroonense JX985267.1 -----
S. carpocapsae FJ860033.1 -----
S. ceratophorum AY230165.1 --TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGAACTGAGTTGATTCGAGAAAAGCGGAGATTGAGGCTTTGTGCTTTTTCGGA
S. changbaiense JN865168.1 -----CTGCCGGATGAGTTGTTTCGAGA AAGCGGAGACTGTTGTTTAGAGCGTTTTCGGA
S. cholashanense EF431959.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTCGGA
S. citrae FJ235074.1 -----GAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTCGGA
S. costaricense AY171276.1 -----
S. cubanum AY230166.1 --TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTSGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGCTTTCGGG
S. cumgarensis AY487920.1 -----
S. diaprepesi AF122021.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGCTTTCGGG
S. eapokense AY487921.1 -----
S. ethiopiense JN651413.1 -----
S. felitiae DQ310469.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTCGGA
S. glaseri AY171288.1 -----
S. guangdongense AY170341.1 -----GTACACACTGCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGTTTTCGGA
S. hebeiense DQ105794.1 -----

```

S. hermaphroditum JQ687355.1 -----TTCGGA
 S. huense KF857581.1 -----ACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGATTGCGATGTTGAATGTTTTTCGGA
 S. ichnusae EU421129.1 -----
 S. innovationi KJ578793.1 -----
 S. intermedium AY171290.1 -----
 S. jeffreyense KC897093.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGCTTTCGGG
 S. jollieti AY171265.1 -----
 S. kari AY230173.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTMTCTGAGCGTTTTTCGGA
 S. khoisanae DQ314287.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGCTTTCGGG
 S. kraussei AY171264.1 -----
 S. kushidai AB243440.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCTTCTTCGGA
 S. lamjungense HM000101.1 -----
 S. leizhouense AY170340.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 S. litorale AB243441.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 S. loci GQ497740.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 S. longicaudum AY230177.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGTTTTTCGGG
 S. minutum GU647156.1 -----
 S. monticolum AF122017.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGTTGCTTAGAGCGTTTTTCGGA
 S. neocurtillae AF122018.1 ---GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGTTGCTTTGAACCTTCTTCGGA
 S. nepalense HQ190044.1 -----
 S. nyetense JX985266.1 -----
 S. oregonense AF122019.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 S. pakistanense AY230181.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGAA
 S. phyllophagae FJ410327.1 ---GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGCTTTCGGG
 S. poinari KF145173.1 -----CACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTACTTTGAAATCTTTCGGA
 S. pui GU395618.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTTCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 S. rarum DQ221116.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAAATGTTTCGAGAAAAGCGGGGACTGCTGATTTGAGAGCTTTCGGG
 S. riobrave DQ835613.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGAAGACTGTGATAGTGCCCTTTTTTCGGA
 S. robustispiculum AY355442.1 -----
 S. sacchari KC633095.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGGGACTGTTGCTTTGAGCGCTTTCGGG
 S. sangi AY355441.1 -----
 S. sasonense AY487919.1 -----
 S. scapterisci AY230183.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGATTGCGACAAATGAATGTTTTTCGGA
 S. scarabaei FJ263673.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTTTGAGCGTTTTTCGGA
 S. schliemanni HM778112.1 -----CTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGCTTTCGGG
 S. sichuanense DQ884965.1 -----
 S. silvaticum AY171255.1 -----
 S. surkhetense HQ190042.1 -----
 S. tami AY171280.1 -----
 S. texanum EF152568.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGGGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 S. thanhi AY355444.1 -----
 S. thesami AY171291.1 -----
 S. tielingense GU994201.1 -----
 S. tophus KJ701241.1 -----
 S. unicornum GQ497167.1 -----CCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCCGCTTTGAGCTTCTTCGGA
 S. vulcanicum GU929442.1 -----
 S. weiseri KJ696685.1 -----
 S. xinbinense -----CTGCCCGGGACTGAGTCTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 S. xueshanense FJ666052.1 -----GTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGGGATAACG-CTTTGTCCTTTTTTCGGA
 S. yirgalemense AY748450.1 -----
 C. elegans X03680.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTATCCCGGGACTGAATGATTCGAGAAAGAGTGGGGACTGCTGCTTCGAGG-TTTAACG
 C. latens JN636079.1 -----ATCAGAGA---TGGGGACGGTGGCTCCGAGGG-TTTAACG

C. nigoni JN636060.1 ---TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTATCCGGGACTGAACTGATTCGAGAAGAGTGGGGACTGTGCTTCGAGG--TTTAACG
 TP-SEL6 -----CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 TP-SEL1 Consensus Steinernema -----CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGA
 CL-BG2 Steinernema sp. -----ATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTGCCCGGGACTGAGTTGTTTCGAGAAAAGCGGAGACTGCTGCTCTGAGCGTTTTTCGGA

110 120 130 140 150 160 170 180 190 200
|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|

S. abbasi AY230158.1AGTAACAAGGTAGCTGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAT
 S. aciari AY787660.1 TGCAAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. affine AY171298.1
 S. akhursti DQ375757.2 TGGTCGTTG--CGACGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. apuliae HQ416968.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. arasbaranense FJ860039.1GCGA.C
 S. arenarium AY230160.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....R...TT.C.....
 S. ashiunense DQ354694.1 CGATCTTAA--CGGCGAAAACCGCCTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. asiaticum AY230184.1 CGTGACTTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....C
 S. australe FJ235125.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. backanense AY487918.1
 S. beddingi AY603397.1 TGCTCATTGT-TGGCGAAAACCGCCTTAATCGAAATGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....G...TT.C.....C.....
 S. bicornutum AY171279.1T.A.CTTAAC...T.TAATTGTTGG.....C
 S. boemarei FJ152414.1
 S. brazilense FJ410325.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. cameroonense JX985267.1TT.C.....
 S. carpocapsae FJ860033.1T.T.TC.C.....
 S. ceratophorum AY230165.1 AGTGCATTG--TTACGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAGAAGCC.....TT.C.-TA.....
 S. changbaiense JN865168.1 CGATCTTAA--CGGCGAAAACCGCCTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. cholashanense EF431959.1 CGATCGTTG--CGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. citrae FJ235074.1 CGATCGTTG--CGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. costaricense AY171276.1
 S. cubanum AY230166.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. cumgarensis AY487920.1
 S. diaprepesi AF122021.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. eapokense AY487921.1
 S. ethiopiense JN651413.1C
 S. feltiae DQ310469.1 CGATCGTTG--CGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. glaseri AY171288.1
 S. guangdongense AY170341.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. hebeiense DQ105794.1
 S. hermaphroditum JQ687355.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. huense KF857581.1 TGTTCTTTA--TTGCGAGAACCGCGTTAATCGAATCGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. ichnusae EU421129.1TT.C.....
 S. innovationi KJ578793.1TT.C.....
 S. intermedium AY171290.1
 S. jeffreyense KC897093.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. jollieti AY171265.1
 S. karii AY230173.1 CGCGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....C
 S. khoisanense DQ314287.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. kraussei AY171264.1
 S. kushidai AB243440.1 AGGTCGTTG--CGGCGAGAACCGCGTTAATCGAAACGGCTTGAACCGGGCAAAAAGTC.....TT.C.....
 S. lamjungense HM000101.1TT.C.....

S. leizhouense AY170340.1 CGTAAATTG--AGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC..G.....TT.C.....
 S. litorale AB243441.1 CGATCGTTG--CGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. loci GQ497740.1 CGTAAATTG--AGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. longicaudum AY230177.1 CGTGAATTG--AGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. minutum GU647156.1 -----TTGAACCGGGTAAAAGTC.....TT.C.....
 S. monticulum AF122017.1 CGACCTTAG--CGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. neocurtillae AF122018.1 TGATCGTTG--TGACGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. nepalense HQ190044.1 -----T.TC.C.....
 S. nyetense JX985266.1 -----
 S. oregonense AF122019.1 CGATCGTTG--CGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. pakistanense AY230181.1 AGTGCATTG--TTGCGAGAACC CGTGTAAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. phyllophagae FJ410327.1 TGCGAATTG--AGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. poinari KF145173.1 TGCTCATTGT--TGGCGGAAACC CGCTTAATCGAAATGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. pui GU395618.1 CGCGAATTG--AGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. rarum DQ221116.1 CTTAAATTT--TGGCGAGAACC CGCTTAATCGAAACGGC TTTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. riobrave DQ835613.1 AGTGCATTA--CTGCGAGAATC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. robustispiculum AY355442.1 -----
 S. sacchari KC633095.1 CGATCGTTG--TGACGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. sangi AY355441.1 -----
 S. sasonense AY487919.1 -----
 S. scapterisci AY230183.1 CGTTTTTTG--TTGCGAGAACC CGCGTTAATCGAATCGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. scarabaei FJ263673.1 CGATCCTTG--TGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. schliemanni HM778112.1 CGATCGTTG--CGACGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....A.....
 S. sichuanense DQ884965.1 -----TT.C.....
 S. silvaticum AY171255.1 -----
 S. surkhetense HQ190042.1 -----TT.C.....
 S. tami AY171280.1 -----
 S. texanum EF152568.1 CGATCGTTG--CGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. thanhi AY355444.1 -----
 S. thesami AY171291.1 -----
 S. tielingense GU994201.1 -----TT.C.....
 S. tophus KJ701241.1 -----
 S. unicornum GQ497167.1 GGCGAAAAG--TGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. vulcanicum GU929442.1 -----TT.C.....A.....
 S. weiseri KJ696685.1 -----
 S. xinbinense CGATCGTTG--CGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 S. xueshanense FJ666052.1 -----G.T.CC..AGTGAAC T.CCGAAGGATCAT.
 S. yirgalemense AY748450.1 AGTGCATTG--TTGGGCGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 C. elegans X03680.1 ACTTCGTTG--TGCGGAAACCATTTTTATCGCATTTGGTTTGAACCGGGTAAAAGTC.....A.CT.....CGC
 C. latens JN636079.1 ACTTCGTTG--TGCGGAAACCATTTTTATCGCATTTGGTTTGAACCGGGTAAAAGTC.....A.CT.....CG.
 C. nigoni JN636060.1 ACTTCGTTG--TGCGGAAACCATTTTTATCGCATTTGGTTTGAACCGGGTAAAAGTC.....A.CT.....CGC
 TP-SEL6 CGATCGTTG--CGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 TP-SEL1 Consensus Steinernema CGATCGTTG--CGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....
 CL-BG2 Steinernema sp. CGATCGTTG--CGGCGAGAACC CGCGTTAATCGAAACGGC TTGAACCGGGCAAAGTC.....TT.C.....

	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
S. abbasi AY230158.1	TGAGCT	TAACAATTTAAT						TTATACTGGTTTGTGCTTATTC	TGTAC	
S. aciari AY787660.1TTC...CG		TGAATATT			.GAT.G.A-AC	A.CG..A...		
S. affine AY171298.1A	T-A..TT..C.TTCTCATAATTAATTTTAAATTAT					GATAGAC...G..GAT.G.C..GCATC.AA...CA			
S. akhursti DQ375757.2A	..T.TT..C.C		AAAGA			AAAT..CGAGT..AA.C	TCG...CT		
S. apuliae HQ416968.1CCACGT	TTTTTCAT	CGTGCCTAAA			ATGATCG..G.T.G.A-AC	GGCAA-CAGGT		
S. arasbaranense FJ860039.1	G...GCGCC	T-G...TTT..C.TT.AC	CCGTTAATTTTACTTAA				CATAGAC.A.AT.GAT.G.C..ACATCAA...CA			
S. arenarium AY230160.1CC.AC		TGTGTGAT			G-ATCGC.G.T.G.A-AC	G.CA-CAGGT		
S. ashunense DQ354694.1	A.TACT..G.T		CTT			.GAGT..AAA.	CTCG...TA		
S. asiaticum AY230184.1T..T.ACTT		GATG			.G..TG.A-AC	GGCGT-C.CCT		
S. australe FJ235125.1TTC..	TCATTT	ATGAA			AGTGA-ACG.T.G..AC	G.CG...-T		
S. backanense AY487918.1	A.TATT..CCT					TT...T.A...C	.G.G...CT.		
S. beddingi AY603397.1A	T-A.G.TTG.C.TTCTCATAATTAATTTTAAATTAT					GATAGAC...A..ATC.G.C..ACAT.ATA...CA			
S. bicornutum AY171279.1	.TG	G.....					..AA	CGT-C..TT		
S. boemarei FJ152414.1C..C.	GT	GTTTTACAC			ATGATCAC.G.T.G.A-AC	GGCA-CAGG		
S. brazilense FJ410325.1TTCT.A.C	CGTTTCATTACGACGATGATGAA				AATTACGA.G.T.G.A-AC	G.CG...-T		
S. cameroonense JX985267.1A	A.TATGC...T.CTTT	TTGAATTTGAATTG				AAATTC GAG.G.AA.T	G.CGT-A.ACT		
S. carpocapsae FJ860033.1	TA.TATT..CCT					TT...AT.AA..-T	TCG...TT		
S. ceratophorum AY230165.1C.					T.AA	T..GTT		
S. changbaiense JN865168.1	A.TACT..G.T		CTT			.GAGTC.AAA.	CTCG...TT		
S. cholashanense EF431959.1T.C....C		TTGGATTC			AAATGAA.CGAG...AA.C	TCG...TT		
S. citrae FJ235074.1T.C....C		TTGGATTC			AAATGAA.CGAG...AA.	TCG...GT		
S. costaricensis AY171276.1TTT..G..T		TTTATTAA			T.G.A-AC	G.G...T.		
S. cubanum AY230166.1C	..CTCTCA..C	ATGT	GAGTGTAAT			GTAATCAC.G.T.G.A-AC	GCGG-CA-		
S. cumgarensis AY487920.1	A.TTTC..CC.					TT...AT.A...C	.T.G...T.		
S. diaprepesi AF122021.1C.	TCGTTGT	TTATACG			TTACGTA.CG.T.G.A-AC	G.CA...-T		
S. eapokense AY487921.1	A.TATT..CC					TT.A.AT.A...C	.T.G...T.		
S. ethiopiense JN651413.1T..T..C.T		GATGATTA			CG.C.TG.A-AC	TCG...CT		
S. feltiae DQ310469.1T.C....C		TTGGATTC			AAATGAA.CGAG...AA.	TCG...T.		
S. glaseri AY171288.1C	..CTCTCA..C	ATGT	GAGTATTAT			G-ATCAC.G.T.G.A-AC	GCGG-CA-		
S. guangdongensis AY170341.1T..T...TG		ATGAT-GAT			.G.T.G.A-AC	GGCA...CCTT		
S. hebeiense DQ105794.1T.C....T		TTGGATTC			AAATGAA.CGAG...AA.C	AT.G...TT		
S. hermaphroditum JQ687355.1T..T..C.T		ATGAT-GAT			.G.T.G.A-AC	GGCA...CCTT		
S. huense KF857581.1	A.TTTC..CC.					TT...AT.A...C	.T.G...CCTT		
S. ichnusae EU421129.1T.C....C		TTGGATTC			AAATGAA.CGAG...AA.	TCG...T.		
S. innovationi KJ578793.1TTC...C.T.C		ATTCATTCATTCATTTG			ATTGATTG.GAT.GAA-AC	G..G.-A.GTT		
S. intermedium AY171290.1A	T-A..TT..C.TTCTCATAATTAATTTTAAATTAT					GATAGAC...A..GAT.G.C..ACAT..A...CA			
S. jeffreyense KC897093.1T..T...CG		ATGAAAC			.GAT.G.A-AC	GGCA...TT		
S. jollieti AY171265.1T.C....C		TTGGATTC			AAATGAA.CGAGT..AA.	TCG...T.		
S. kariii AY230173.1TT.T.ACGT		GATT			.G..TTG.A-AC	TCG...CT		
S. khoisanae DQ314287.1T..T..C.TAC		ATGATTATAATGATT			A.GA..G.A..GC	GGCA..A.GTT		
S. kraussei AY171264.1T.C....C		TTGGATTC			AAATGAA.CGAG...AA.C	.T.G...TT		
S. kushidai AB243440.1A	T.TT..C.T		AAAGA			AAAT..CGAGT..AA.C	TCG...T.		
S. lamjungense HM000101.1A	..T..C..A.T.T		TTGTGATTAATGAT			.GAG.GAA-AC	GGCA...TT		
S. leizhouense AY170340.1C...T		GTGATGTT			.GAGTG.A-AC	GGCA..A...		
S. litorale AB243441.1T.C....C		TTGGATTC			AAATGAA.CGAG...AC..	TCG...ATT		
S. loci GQ497740.1C...T		GTGATGTT			.GAGTG.A-AC	GGCA..G...		
S. longicaudum AY230177.1T..T...TG		ATTTGAA			.G.T.G.A-AC	GGCA...G.		
S. minutum GU647156.1	A.TTTC..CC.					TT...AT.A...C	.T.G...T.		
S. monticolum AF122017.1	A.TACT..G.T		CTT			.AGAGT...AA.	CTCG...GTT		
S. neocurtillae AF122018.1TTT...T.TT					AAT...ATT..T.GC	GA		

```

S. nepalense HQ190044.1      .....-----A.TTTC..CC-----TT...AT.A...-C-----T.G.-...T.
S. nyetense JX985266.1      .....-----..T.CTTTG--TTGGATTGAATAAC-----ATAACTTC GAT.G.AA-.T--G.CGT-C..CT
S. oregonense AF122019.1    .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AA.C-----T.G.-...TT
S. pakistanense AY230181.1  .....-----...TCC...T.ATT-----GTGC--ATTA.T.GAAACG-----AT.--
S. phyllophagae FJ410327.1  .....C-----..CTC-----TCATACG-----AGTGTA-----TTATATAAG.G.G.GA--GC--G.GA...-
S. poinari KF145173.1      .....A-----T A...TT..C.TTCTCATAATTA-TTCGTTAATTAT-----GATAGAC...A..GAT.G.C..AC.T--A...CA
S. pui GU395618.1          .....-----..T..T.-.C-----ATGATAGAT-----AG.T.G...-AC--GGCA.-...TT
S. rarum DQ221116.1        .....A-----TA...AC.C..T-----TTGGGT-----T...ACTGAT..A-----ATCG.TAC.G.
S. riobrave DQ835613.1     .....-----...AC...G.T.GT-----GTGTTG...AT-----A..TG
S. robustispiculum AY355442.1 .....-----A.TACT..G.T-----CTT-----GAGT...AAA..CTCG.-...TT
S. sacchari KC633095.1     .....A-----ATTATTC...T.CTTTCG--TGGAATTTGAATTTT-----AAAAATTCAGAG.G.AA-.T--G.CGT-C.CCT
S. sangi AY355441.1        .....-----..T.C.....G-----TTCATT-----ATGAA.CGAG...AA.C-----TCG.-...T-
S. sasonense AY487919.1    .....-----ATTTTC..CC-----TT...AT.A...-T--TCG.-...T.
S. scapterisci AY230183.1  .....-----A.TTTC..CC-----AAACGATT-----C-----T.G.-...TT
S. scarabaei FJ263673.1    .....-----..TAT...CG..T-----CTTACTAT-----A-----T.G.A.-C--AG.G.-...C.
S. schliemanni HM778112.1  .....-----A.TA.C...T-----CTC-----G...AA-----
S. sichuanense DQ884965.1  .....A-----T A...TT..C.TTCTCATAATTAATTTTAAATTAT-----GATAGACA..A..GAT.G...AAATC..A.-TA
S. silvaticum AY171255.1   .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AA.C-----T.G.-...T.
S. surkhetense HQ190042.1  .....-----A.TTTC..CCT-----TTA..AT.A...-C--T.G.-...T.
S. tami AY171280.1         .....-----A.TTTC..CC-----TT...AT.A...-C-----T.G.-...T.
S. texanum EF152568.1     .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AAA.C-----TCG.-...CT
S. thanhi AY355444.1      .....-----..T.CT...T.CA-----GAAATGTT-----GAGTG.A-AC--GGCA.-A.C..
S. thesami AY171291.1     W.....A-----T A...TT..C.TTCTCATAGTT--TAACTAT-----GATAGAC...A..GAT.G.C..ACAT.ATC...CA
S. tielingense GU994201.1  .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AA.C-----T.G.-...TT
S. tophus KJ701241.1      .....-----C.T.A-----TTGAGCTTATCAATTTT-----TTTIGATA.GAT.G.A-AC--G..G.-A.GTT
S. unicornum GQ497167.1   .....-----..T.CCCTT-----TAAA-----AAATT--GAT.G.AA-.C--G.CG.-.AC-
S. vulcanicum GU929442.1  .....C-----...C..C-----CATTGTY-----GATGTGTC.G.T.G.A-AC--GGCA-CAGGT
S. weiseri KJ696685.1     .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AA..-TCG.-...TT
S. xinbinense              .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AA.C-----T.G.-...TT
S. xueshanense FJ666052.1  .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AA.C-----TCG.-...TT
S. yirgalemense AY748450.1 .....-----...A.C.A.TTGAT-----AT..TA.GATACT-----AT.CT
C. elegans X03680.1        C.T..CTCTGTGC--CCG.G.T.T-CC.CAAACCTTAAGATGCTCGACTGGC-----TTCAC--GGT.A.-.TGAG.GTCGA-AA.GT
C. latens JN636079.1      C.TT.GAAAGAGCA--TCGCG.TCT.CC.CAAACCTTAAGATGCGCTTCTCGTCAAGGTGG--CCTCACGG.TAT..T.GC.AGTG.GTCGA-AA.GT
C. nigoni JN636060.1     C...T.T--TGC--TCG.G.TTT.CC.CACCTTTTTAGATGCGCTTCTCGTCTGATC--TTTCATTA.GGT.GC.GC.CGTG.ATCGA-AA...
TP-SEL6                    .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AA..-GCG.-...T.
TP-SEL1 Consensus Steinernema .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAG...AA..-GCG.-...T.
CL-BG2 Steinernema sp.    .....-----..T.C.....C-----TTGGATTC-----AAATGAA.CGAGT...AA..-GCG.-...T.

```

310 320 330 340 350 360 370 380 390 400

```

S. abbasi AY230158.1      G-TTGTCTCTAGGAATTGG--TGCTTACTGTGA-AACGGC-ATTCACT--GGTTTCGAGAGGCGTTT--GGAG--CAGTTGT--ATG
S. aciari AY787660.1     .....A.CG...C--TTCT.GAT.GC-----T..G.A-----T...T..C-----C...-
S. affine AY171298.1     ..-CCACT--..T.C.AC.T--TT.GT.AAAC-----T..T.T-----TT.T...CC-----
S. akhursti DQ375757.2   A-C..T-----...CG.GT--CA.T..CT.AACT-----T..G.A-----T.T.T..T..C-----
S. apuliae HQ416968.1   CGA...T-----...A.TG.C.CTT--T.G.T.G--CT-----TC.G.A-----TGT...T..C-----
S. arasbaranense FJ860039.1 ..CCA.T-----..T.C.AC.T--TT.GT.AAAC-----T..T.T-----TT.T..T.CC-----
S. arenarium AY230160.1  TG...T-----...A.TG.C.CTTTT-C.G.T.ACCA-----T..G.A-----T..T..T..C-----
S. ashuicnense DQ354694.1 A-C..T-----...A.CG.GTT--TT.T.ACT.GT.C-----T..G.A-----T.T.T..AT..C-----
S. asiaticum AY230184.1 ..T-----...A.CG.C--AT.C.GT.GA-----T..G.A-----T.T.T..AT..C-----
S. australe FJ235125.1  AT.C..T-----...CG.C--AT.C.G.T.ACA-----T.CG.A-----T.T..T..C-----
S. backanense AY487918.1 ..T-----...A.C...A--C-TTGAC.CA.A-----T..G.AA-----T.A.AAT-----
S. beddingi AY603397.1  A-.CACT-----..G.T.C.A..T--TT.GT.AAAC-----T.ATG..-----TT.T..T.CC-----

```

S. bicornutum AY171279.1 CTAA.AA-----TGT..C.C...TTAACT.CA.T.AAT.....T..GGA.-----T.T...T.AC-----C...
S. boemarei FJ152414.1 TG...T...A.TG.C.ACATT.C.GA..GAAC.....TC.G.A.....T.T...T..C.....C...
S. braziliense FJ410325.1 -T...T...CG.ATTGCAT.C.G.T.ACAT.....T.CG.A.....T.T...T..C.....C...
S. cameroonense JX985267.1 .A.....A.CG.CT...T.G.TTCAACGC.....T..G.TTC.....TG...AT..C.....
S. carpocapsae FJ860033.1 ---.T...A.CT..AA--C-TTGAT..C.A.....T..G.AA.....T.CC.AT.....
S. ceratophorum AY230165.1 CTA.TAG---TG...C.CTTTATGT..A...AAT.....T.CG.T.....T.T...A..AC.....
S. changbaiense JN865168.1 T...T...A.CG.GTT--TT.T.ACT.GT.A.....T..G.TC.....T.T..AT.....
S. cholashanense EF431959.1 ---.T...G.A.CGA.T..TA.T..CT.AACT.....T..G.A.....T.T...T..C.....
S. citrae FJ235074.1 ---.T...A...CG..T..TA.T..CT.AACT.....T..G.A.....T.T...T..C.....
S. costaricense AY171276.1 A...T...A...C.C...T.G.TTGC.T.....T..A.A.....TGT..AT.....
S. cubanum AY230166.1 TG.C..T...TG.C.TGA--C.G.T.GA-C.....T..G.A.....T.T...T..C.....C...
S. cumgarensis AY487920.1 ---.T...A.C...A--C-TTG.TTCCC.....T..G.A.....T...T..A.....C...TCA
S. diaprepesi AF122021.1 CCAC..T...A.TG.C.--AT.C.G.T.AC.....T.CG.A.....T.T...T..C.....C...
S. eapokense AY487921.1 ---.T...A.C...A--C-TCTG.....T..G.A.....T...T..A.....C...T.A
S. ethiopiense JN651413.1 C--G..T...A...CG...AT.T.GGT.AC.....T..G.A.....TGT..AT..C.....C...
S. feltiae DQ310469.1 ---.T...A.A.CG..T..TA.T..CT.AACT.....T.G.A.....T.T...T..C.....
S. glaseri AY171288.1 TG.C..T...TG.C.CGA--C.G.T.GA-C.....T..G.A.....T.T...T..C.....C...
S. guangdongense AY170341.1 --C..T...TG.C.--AT.T.G.T.GCA.....T..G.A.....T.T...T..C.....C...
S. hebeiense DQ105794.1 ---.T...TA.A.TG.-T..TA.T..CT.A.CT.....TA.G.A.....T.T...T..C.....
S. hermaphroditum JQ687355.1 --C..T...TG.C.--AT.T.G.T.GCA.....T..G.A.....T.T...T..C.....C...
S. huense KF857581.1 ---.T...A.C...A--C-TTG.T...T..G.A.....T...T..A.....C...TCA
S. ichnusae EU421129.1 ---.T...G.A.CG..T..TA.T..CT.AACT.....T..G.A.....T.T...T..C.....
S. innovationi KJ578793.1 CAGA..T...A.CG.C.--AT.T.G.T.GCCA.....T..G.A.....T.T...T..CC.....C...
S. intermedium AY171290.1 .CA.T...T.C.AC.T..TT.GT.AAAC.....T.T.T.....TT.T...CC.....
S. jeffreyense KC897093.1 T...CT...A.TG.C.C-ACT.T.GGT.ACA.....T..G...T.T...T..CC.....C...
S. jollieti AY171265.1 ---.T...G.A.CG..TT-CA.T..CT.AACT.....T..G.A.....T.T...T..C.....
S. kariii AY230173.1 T-G..T...A...CG...AT.T.AGT.AC.....T..G.A.....TGT..AT..C.....C...
S. khoisanensis DQ314287.1 -GC..T...A.TGCC--AT.C.G.T.GC.....T..G...T.T...T..CC A...C...
S. kraussei AY171264.1 ---.T...G.A.CGA-T..TA.T..CT.AACA.....TA.G.AG.....TGT..T..C.....
S. kushidai AB243440.1 A-C..T...CG..C..CA.T..CT.AA.T.....T..G.A.....TGT...T..CC.....
S. lamjungense HM000101.1 ---.CT...TG.C.--AT.T.G.T.GCGC.....T..G.A.....T.T...T..C.....C...
S. leizhouense AY170340.1 ---.CT...A.TG.CCT-GT.T.GCT.GC.....T..G.A.....T.T...AT..C.....C...
S. litorale AB243441.1 ---...A.A.CG..TA--A.T..CT.AACT.....TA.G.A.....T.T...T..C.....
S. loci GQ497740.1 ---.CT...A.TG.CCT-GT.T.GCT.GC.....T..G.A.....T...AT..C.....C...
S. longicaudum AY230177.1 ---.CA...TG.C.--AT.T.G.T.GCA.....T.YG.A.....T.T...T..C.....C...
S. minutum GU647156.1 ---.T...A.C...A--C-T.GAT..T.....T..G.A.....T...T..A.....C...T.A
S. monticolum AF122017.1 .-G..T...A.CG.GTT--TT.T.ACT.AC...T..G.TC.....T.T..AT.....
S. neocurtillae AF122018.1 T...T...CT.CAA...TT.A.A.AACT.....T..A.AC.....T.T...AT..G...A...
S. nepalense HQ190044.1 ---...A.C...A--C-T.GAT.CC.A..T...T.CG..A.....T.T.C..AT..C...
S. nyetense JX985266.1 ---.T...A.CG.CT...C.G.TTCAAC.A...T..G.TTC.....TG...AT..C...
S. oregonense AF122019.1 ---...G...C.A.T..TA.T..CT.ATCT.....TA.G.A.....T.T...T..C...
S. pakistanense AY230181.1 .CCCA.TGTA...A.T...C.T-GCT.AT..TAAC.T.A.....T.AG...GT.....
S. phyllophagae FJ410327.1 TG.A..T...TG.CA--TGAC.G...CAAC.....T..G.A.....T.T...T..C.....C...
S. poinari KF145173.1 A..CACT...T.C.AC.T...TT.GT.AAAA.....T.T.T.....TT.T...CC.....
S. pui GU395618.1 --C..T...TG.C.--AT.T.G.T.GCA.....T..G.A.....T.T...T..C.....C...
S. rarum DQ221116.1 --C.CT...T.G..A..TAGAT.GA...T..G.A.....TGC..AT..CA.....
S. riobrave DQ835613.1 AT.C.ATCT--GACAA...C.A-AGC.T.AACTA...A...T..G.TC.....TGA...A..A...
S. robustispiculum AY355442.1 A-C..T...A.CG.GTT--TT.T.ACT.GTC.....T..G.TC.....T.T..AT.....
S. sacchari KC633095.1 ---.T...A.CG.CT...T.G.CTCA-C.A.....TC.GTTC.....TG...AT..C...
S. sangi AY355441.1 ---.T...A.CGC-T..AA.T..CT.AACT.....TA.G.A.....T.T...T..C...
S. sasonense AY487919.1 ---.T...A.CG...A--C-TTGAT..C.A.....T..G.AA.....T.T..AT.....
S. scapterisci AY230183.1 ---.T...A.C...A--CGTTCCG.ACT.A.....T..G.AA.....TGT..AT.....

S. ethiopiense JN651413.1	A.....GG....G...A.ACACGT.GCT.				
S. feltiae DQ310469.1	A....A....GG....G...A...TGGTGGCTCCTT				
S. glaseri AY171288.1	A.....GG....AG...A.....C..GTC	TCGAC		GC	
S. guangdongense AY170341.1	A.....GG....AG...A.....CCTA.GC	CAGACGTC	TTGTGTTTCTAGC		
S. hebeiense DQ105794.1	A...AA....GG....G...A....GT				
S. hermaphroditum JQ687355.1	A.....GG....AG...A.....CCTA.GC	CAGACGTTGTCTGTTTCTAGC			
S. huense KF857581.1	A....A....GG....GAG....T..T...C	TAAGCAGTTCGTTGTTTCTTGA			
S. ichnusae EU421129.1	A.....GG....G...A....GT				
S. innovationi KJ578793.1	A.....GG....G...A.....	GTCGTCCGTC	TTTTTTTT		
S. intermedium AY171290.1	AT....A.....A...G.GT...CTTTTGC				
S. jeffreyense KC897093.1	A.....GG....A...A...T...	CAATGCGCT			
S. jollieti AY171265.1	A....A....GG....G...A....GT				
S. kariii AY230173.1	A.....GG....G...A.ACACGT.GCT.				
S. khoisanae DQ314287.1	A.....G....AG...A...A...CCTA.GC	CAGACGCGGTCTATACCCCGTTTCTA		A	C
S. kraussei AY171264.1A....GG....G...A....GT				
S. kushidai AB243440.1	A.....GG....G...A....GT	TT			
S. lamjungense HM000101.1	A.....GG....AG...A.....CCTA.GC	CAGACGTCGTCTGTTTCTAGGC			
S. leizhouense AY170340.1	A.....GG....AG...A...A...CCT.AAG	CT	AGGTGTCGCTAGTCTCTTGA		C
S. litorale AB243441.1	A....A....GG....G...A....GT				
S. loci GQ497740.1	A.....GG....AG...A...A...CCT.AAG	CT	AGGTGTCGCTAGTCTCTTGA		C
S. longicaudum AY230177.1	A.....GG....AG...A...T...	CGCTTTGCT			
S. minutum GU647156.1	A..C.A....GG....GAG....T..T...C	TTTGACGTTGTCGTTTCTTGA			
S. monticolum AF122017.1	A....A....GG....GA...A....GTC				
S. neocurtillae AF122018.1	A....A....GT....C...A...A...C				
S. nepalense HQ190044.1	A....A....GC....GA...A...T...C.T..GC	TAAGCGTTTCGTTGTTTCTTGA			
S. nyetense JX985266.1	A.....CGT....G...A...T...CA..GGC	TTGCAGCG		TGCGAG	
S. oregonense AF122019.1	A....A....GG....G...A....GT				
S. pakistanense AY230181.1	AT....T....GG....TA....A...GC.T...				
S. phyllophagae FJ410327.1	A.....GG....AG...A.....C.T				C
S. poinari KF145173.1	AT....A.....A...G.GT.C.CTTTTGC				
S. pui GU395618.1	A.....GG....AG...A.....CCTA.GC	CAGACGT	GAACGC	TTCTAGC	
S. rarum DQ221116.1	AA....A...CGT....G...A...AAGATC				
S. riobrave DQ835613.1	AT.....G....GA....T.AGC.A..A				
S. robustispiculum AY355442.1	A....A....GG....GA...A....GTC				
S. sacchari KC633095.1CGT....G...A....G...GC	TTGAATCGCCGTTTCTTGATTCAAG			
S. sangi AY355441.1	A....A...G..G...G.G.A....GT				
S. sasonense AY487919.1	AA....A....GT....GA...A...T...C.T.ATC	TAAGCGTTTCGTCGTTTCTTGA			
S. scapterisci AY230183.1	A....A....GT....A...A...C.A..C.				
S. scarabaei FJ263673.1A....G....GA...A....G..TGAAGT	GCAATTGCT	GTATTG		
S. schliemanni HM778112.1	A....A....GG....G...A....GTC				
S. sichuanense DQ884965.1	.T....A.....A...G.GT.C.CTTTTGC				
S. silvaticum AY171255.1A....GG....G...A....GT				
S. surkhetense HQ190042.1	A.G.CAA....GT....GA...A...A...C.T.ATC	TAAGCGTATCGTTGCTTCTTGA			
S. tami AY171280.1	A....A....GG....AG....T..T...C	TTTGACGTTGTCGTTTCTTGA			
S. texanum EF152568.1	A....A....G....G.G.A....GT				
S. thanhi AY355444.1	A.....GG....AG...A...A...CCT.ACG	CACTGGGAGTGTGCTTGTCTCTTGA			C
S. thesami AY171291.1	AT....A....GA....G.GT...CTTTTGC				
S. tielingense GU994201.1	A....A....G....G...A....GT				
S. tophus KJ701241.1	A.....GG....G...A.....	GTTGTCTGC			
S. unicornum GQ497167.1	AT....A....G....G.G..C.A...GA..GC	TTGGCTTCTCAGTTTCTTGTGAGAG			
S. vulcanicum GU929442.1	A.....GG....AG...A.....GCAT	CGCACTT		GCTG	
S. weiseri KJ696685.1	A....A....GG....G...A....GT				

S. kraussei AY171264.1	---C.TCT.G--A.CT.....A.	-TCT.	CTAC.A.....GT.C..A
S. kushidai AB243440.1	CG.CGCTTT---CT.....AG	-TCT.	CT.C.A.....GT.TACA
S. lamjungense HM000101.1	-G...GGT---ATG.....	.G...AG	-TCA.	TCGGA.A.C.....GT.CAC
S. leizhouense AY170340.1	-GC..GGT---ATG.....AG	-TCA.	TCGGA.A.C.....GT.CAC
S. litorale AB243441.1	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TTA..A.....GT.C..A
S. loci GQ497740.1	-GC..GGT---ATG.....AG	-TCA.	TCGGA.A.C.....GT.CAC
S. longicaudum AY230177.1	-GA..GT-----AG	-TCA.	TCGGA.A.C.....GT.CAC
S. minutum GU647156.1	ATGC...GC---ATG.....AG	-TCT.	C..A.....T.T..
S. monticolum AF122017.1	-AA...T..TT---CT.....A.	A-TAT.	C-AA.A.....GA.C.AA
S. neocurtillae AF122018.1	---G.TTT---GATGC.....A.	-TCT.	CTAG.A.....T.
S. nepalense HQ190044.1	TTGC...GT---ATG.....AG	-TCT.	C..A.....T.C...
S. nyetense JX985266.1	---CCGGTTCGATG-----AG	-TCT.	.GA.A.....GT.C..
S. oregonense AF122019.1	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	ATAC.A.....GT.C..A
S. pakistanense AY230181.1	---A...AA-GTAGC.....GT	..T	GCT-TGGCA-CGC.AA..T.CA
S. phyllophagae FJ410327.1	-A..CG.C---ATG.....	.G...AG	-TCA.	TCGGA.A.C.....GT.CAC
S. poinari KF145173.1	---...T.C---A.CGA.A...AG	ACTG...C.....T.C...
S. pui GU395618.1	-G...GGC---ATG.....	.G...AG	-TCAN	TCGGA.A.C.....GT.CAC
S. rarum DQ221116.1	-A..CG.TT---G.TCAGA.T	.G...AG	C-TCA.	CGG..AGC.....TTCTA.C
S. riobrave DQ835613.1	---CTTT.T-GTAG.....A.	-TCT.	GCA.....GT.CG.AA
S. robustispiculum AY355442.1	-AAA..T.TTT---GCT.....AA.	A-TAT.	C-AA.AT.T...GA.C.AA
S. sacchari KC633095.1	---CCGGTTCGACG-----AG	-TCT.	.GA.A.....GT.CA.
S. sangi AY355441.1	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	A.AC.A.....GT.C..A
S. sasonense AY487919.1	ATGC...GT---ATG.....AG	-TCT.	C..A.....T.C...
S. scapterisci AY230183.1	---...GC---ATT.....R.AG	-TCA.	C..A.....T.C...
S. scarabaei FJ263673.1	---CGCG.AAGACG-----AG	-TCT.	.AC.A.....GT.T..A
S. schliemanni HM778112.1	-A...TC.AT---CT.....AG	-TAT.	C-AC.A.....T.C.AA
S. sichuanense DQ884965.1	---A.T.C---A.CAA.A...AG	..A.	ACTG.....T...AA
S. silvaticum AY171255.1	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TTA..A.....GT.C..A
S. surkhetense HQ190042.1	TCGC...GT---ATG.....AG	-TCT.	C..A.....T.TC..
S. tami AY171280.1	ATGC...GC---ATG.....A.	-TCT.	C..A.....T.T..
S. texanum EF152568.1	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TTA..A.....GT.C..A
S. thanhi AY355444.1	-GCC..GT.TTGATG-----AG	-TCA.	TCGGA.A.C.....GT.CAC
S. thesami AY171291.1	---...TTTT---A.CAA.A...AG	ACTG...C.....T...AA
S. tielingense GU994201.1	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	CTAC.A.....GT.C..A
S. tophus KJ701241.1	-G---G.C---ATG.....	.G...AG	-TCA.	TCGGA.A.C.....T.CAC
S. unicornum GQ497167.1	---CT...CGTAG-----	C...A.	-TCA.	.A.A.....T.T-C
S. vulcanicum GU929442.1	-CGG.G.C---ATG.....AG	-TCA.	TCGGA.A.C.....GT.CAC
S. weiseri KJ696685.1	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TTA..A.....GT.C..A
S. xinbinense	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TTA..A.....GT.C..A
S. xueshanense FJ666052.1	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TT..A.....GT.C..A
S. yirgalemense AY748450.1	---...GCAG.....	TCGGTAGC-CGC.AGT.T.TA
C. elegans X03680.1	GG.GGCT.TAT-GC.TCT..GC.TCTTCTT.GCG.AG	AGGA	AGT.A.	TTGACGA.A.T..T.ATGA.CG-T---GGTTCGG
C. latens JN636079.1	GG.GGCTTTAT-GC.TCA.CT.GTTCAGTATTCGT.C.G	AGCG	AGTCA.	TTGACGACA.C...AATGA.CG.GTTC---GATTAGG
C. nigoni JN636060.1	GC...ATGT.A-TCCT.CG.G..ATGGTGGCTA..CGCA.CACGGGACCTCTCG.GG.C			CTGTTGA.A.T..TAATGA.CGGAT---GCTGCC
TP-SEL6	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TTA..A.....GT.C..AA
TP-SEL1 Consensus Steinernema	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TTA..A.....GT.C..AA
CL-BG2 Steinernema sp.	---C.TGT---CT.....A.	-TCT.	TTA..A.....GT.CC-AA

	610	620	630	640	650	660	670	680	690	700
S. abbasi AY230158.1	ATC	CATATYGT	TTAACGTTGTTATG	TGTTGTTA	CACCAGTTGCA	GGT				
S. aciari AY787660.1	TA.C	.CTA.TAT..	TCC.A.C.GCA	AT...G.AA	.TGTTGC..				
S. affine AY171298.1	ATAC.A.	TAT..A.A...TGA...	.T.AAA..TT	ATTA...T.TG..T.	T..				
S. akhursti DQ375757.2	AAA.A	CTA.AAA...A.TAC	.T.GAC.	A.....CC.T.	..				
S. apuliae HQ416968.1	AA.C	C.TA.CAA...T.A.CATGAATCAAACAAGCT		TT.GAGCTAG	AC				
S. arasbaranense FJ860039.1	ATAC.A.	TAT..A.A...TGA...	.T.GAA..TT	ATTA...T.TG..T.	T..				
S. arenarium AY230160.1	AA.C	C.TA.CAA...TCA.CAACGAACA.GT	.GCAAGCAC	TTTGGTGCC.	..				
S. ashiunense DQ354694.1	ACA.AA	CT..CA	A...A.....AA	G.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. asiaticum AY230184.1	ATC.A	.CTA.T.A...T.CT.	TGA.G..GTG	C..T-GCGAATGGTGCAA					
S. australe FJ235125.1	AA.A	CCTA.CAA...T.AT.T.C-AT.CAAAACGCCATA		TTT..T.T	.A				
S. backanense AY487918.1	..	GCTAA.A	AA.....TG	T.T.GA.A.TT	GT.T..T.CTTT	.A.				
S. beddingi AY603397.1	TAAA.A.	TAT..A.A...GA...	.T.GAA..CT	ATTA...T.TG..T.	T..				
S. bicornutum AY171279.1	ACA..	CTG.A.A...CCT.A	.T.GAC.TAA	A.G.TT.AC.TT	..				
S. boemarei FJ152414.1	AA.C	C.TA.CAA...T.TGCAAAATAACAT..GCAAACGC	ATT...GC..TGTA.A	..					
S. brazilense FJ410325.1	AA.A	CCTA.CAA..AA.A.AAAC-ATA.CATA..TATAA		CT..AT.T	.A.				
S. cameroonense JX985267.1	TAA.	CTA.CGT	GTT..AC.GA	C.G.ACCAGC.	GTA...				
S. carpocapsae FJ860033.1	G..T	GCTAACA	AA.....TG	T.TCGA.A.TT	GTGT..C.C.TT	.A.				
S. ceratophorum AY230165.1	TA..	CTA.A.A...CCT.A	.T.GAC.TAA	A.GTTAAC.TT	..				
S. changbaiense JN865168.1	ACA.AA	.CT..AA	A...A.....AA	A.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. cholashanense EF431959.1	AAA.A	CT..AAA...CAA	.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. citrae FJ235074.1	AAA.A	CT..AAA...CAA	.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. costaricense AY171276.1	CAA.A	CT..TATGACAATTTTAA..CACC.A		TA.GTTTCA.T	..				
S. cubanum AY230166.1	AA.C	CCTA.CAAA..T.ACACAT-ATGACACG..TCA		GTG.TGCT	..				
S. cumgarensis AY487920.1	A..T	GCTAACA	AA.....TG	T.T.GA..TTT	GTGT..C...TT	.A.				
S. diaprepesi AF122021.1	AA.A	CCTA.CAA...T.CCATACTAAGC.CCA..TGTA		TTT.TGTT	..				
S. eapokense AY487921.1	G..T	GCTAA.A	AA.....TG	T.T.GA.A.TT	GT.T..C...TT	.A.				
S. ethiopiense JN651413.1	ATA.C	TCTA.T.A...T.CCC	ATGAA..A.GTG	C..T-GCG.ATGGTGCAA					
S. feltiae DQ310469.1	AAA.A	CT..AAA...CAA	.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. glaseri AY171288.1	AA.C	CCTA.CAAA..T.ACACACGATGACAAGC.TC		GTG.TGCT	..				
S. guangdongense AY170341.1	AA.C	CCTA.TAA...AC	TG.A.G.C.GCT	C..TGC-G.ATG	..				
S. hebeiense DQ105794.1	AAA.A	CT..A.A...CAA	.T.GAA.	G.....G....	..				
S. hermaphroditum JQ687355.1	AA.C	CCTA.CAA...T.AC	TG.A.G.A.GCT	C..TGC-GAATG	..				
S. huense KF857581.1	G..T	GCTAACA	AA.....TG	T.T.GA..TTT	GTGT..C.C.TT	.A.				
S. ichnusae EU421129.1	AAA.A	CT..AAA...CAA	.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. innovationi KJ578793.1	CAAC.C	CCTA.AAAA..AAAACA	AAAACG-AA.CTTTGCGT	AC..TGT-ACTG-T..T					
S. intermedium AY171290.1	ATAT.A.	TAT...A...TGA...	.T.GAA..AT	ATTA...T.TG..T.	..				
S. jeffreyense KC897093.1	AAA.C	CCTA.CAA...T.C.A	TT.ACA.A.GCT	C..AAC.CAA.CTT...					
S. jollieti AY171265.1	AAA.A	CT..AAA...CAA	.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. kariii AY230173.1	AAA.C	TCTA.T.A...T.CTC	ATATGA.C.GTG	C..T-GCG.ATGGTGCAA					
S. khoisanae DQ314287.1	AAA.C	CCTA.TAA...T.C.	TAAA.ATA.GCT	C..TGC-G.ATG	..				
S. kraussei AY171264.1	AAA.A	CT..AAA...AACAA	.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. kushidai AB243440.1	AAT.A	CTA.AAA...A.CAC	.T.GAGAG	A...T.CAAT	..				
S. lamjungense HM000101.1	AA.C	.CTA.TAA...TCAC	TG.A.G.A.GCT	C..TGC-G.ATG	..				
S. leizhouense AY170340.1	AAC.C	CCTA.TAT...A	ATCT.G.C..TACG	GT-AT...AGCA.TGATTC..					
S. litorale AB243441.1	AAA.A	CT..AAA...CAA	.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. loci GQ497740.1	AAC.C	CCTA.TAT...TA	ATCT.G.C..TACG	GT-AT...AGCA.TGATTC..					
S. longicaudum AY230177.1	AAA.C	CCTA.TAA...TAC	TTGA.G.A.GCT	C..TGC-G.A	T...				
S. minutum GU647156.1	G..T	GCTAACA	AA.....TG	T.T.GA..TTT	GTGT..C...TT	.A.				
S. monticolum AF122017.1	ACA.AA	CT..CA	A...A...A.AAT	A.T.GAC.	G.....CC.T.	..				
S. neocurtillae AF122018.1	TTT.AT	TAC.AT.	.A..T....	.T.AA...TTG	ACTAT...T..ATT	..				

S. backanense AY487918.1	..C...AT..	A..T.TT.....	C	G
S. beddingi AY603397.1	A.TG.TGA.	CAC..T.T.TGGT..
S. bicornutum AY171279.1	A...A	.G.CT.GT.....	C	G
S. boemarei FJ152414.1	G..AT	TA.C.G.T.TT..G	C	T
S. brazilense FJ410325.1	A...C	AA..C..T.CT..G	C	T
S. cameroonense JX985267.1	...T.AC	TGAC.T.TT.....	C	T
S. carpocapsae FJ860033.1	C...TT..	A..T.TT.....	C	G
S. ceratophorum AY230165.1	AA...A	.A..T.GT.....	C	G
S. changbaiense JN865168.1	..A.T	AAA.GAT.T.TT.....	C	T
S. cholashanense EF431959.1	..GC.T	AAA.GAT.T.TGT...	C	T
S. citrae FJ235074.1	..GC.T	AAA.GAT.T.TGT...	C	T
S. costaricense AY171276.1	C...CT.A.	.AT.T.TT.....	C	T
S. cubanum AY230166.1	GT.A	CA.C.G.T.TT..G	C	T
S. cumgarensis AY487920.1	C...AT.A	A..T.TT.....	C	G
S. diaprepesi AF122021.1	CG.AAA	C..G.T.T.CT.C.G	C	T
S. eapokense AY487921.1	C...AT..	A..T.TT.....	C	G
S. ethiopiense JN651413.1	AA.GACTA	.T.TT..TG	C	T
S. feltiae DQ310469.1	..C.T	AAA.GAT.T.TGT...	C	T
S. glaseri AY171288.1	GT.AT	CA.C.G.T.CT..G	C	T
S. guangdongense AY170341.1	C.AAC	A..AG.T.TT..G	C	T
S. hebeiense DQ105794.1	..C.T	AAA.GAT.T.TGT...	A
S. hermaphroditum JQ687355.1	C.AAT	A.CA..T.TT.....	C	T
S. huense KF857581.1	C...AT.C	A...TT.....	C	G
S. ichnusae EU421129.1	..GC.T	AAA.GAT.T.TGT...	C	T
S. innovationi KJ578793.1	C.AAAGCAAAAC	AAA..AG.C.TT.....	C	T
S. intermedium AY171290.1	A.TACTGA.	TA...T..TGT...
S. jeffreyense KC897093.1	C.AAC.AC	..AGAT.TT.....	C	T
S. jollieti AY171265.1	..GC.T	AAA.GAT.T.TGT...	C	T
S. karii AY230173.1	AA.GACTA	.T.TT..TG	C	T
S. khoisanense DQ314287.1	C.AAT	AA.CAA..A..T.TT.....	C	T
S. kraussei AY171264.1	..A.T	AAA.GAT.T.TGT...	C	T
S. kushidai AB243440.1	.G..TT..	GAA.GAT.T.TT.....	C	T
S. lamjungense HM000101.1	C.AAT	..G.T.TT.....	C	T
S. leizhouense AY170340.1	..AAC.AA	AC..T.TT..TG	C	T
S. litorale AB243441.1	..GC.T	AAA.GAT.T.TGT...	C	T
S. loci GQ497740.1	..AAC.AA	A..A..T.TT..TG	C	T
S. longicaudum AY230177.1	C.AAC.	.AG.T.TT.....	C	T
S. minutum GU647156.1	C...AT.C	A..T.TT.....	C	G
S. monticolum AF122017.1	..A.T	AAA.GAT.T.TT.....	C	T
S. neocurtillae AF122018.1	..AATCAA	ATC..T..TT.....	C	T
S. nepalense HQ190044.1	C...AT.C	A..T.TT.....	C	G
S. nyetense JX985266.1	C..T.AC	.GAC.T.TT.....	C	T
S. oregonense AF122019.1	..C.T	AAA.GAT.T.TGT...	C	T
S. pakistanense AY230181.1	TG.C.TGAA	TGG.GCGT.A	A
S. phyllophagae FJ410327.1	.T.A.	CA.C.G.T.TT..G	C	T
S. poinari KF145173.1	A.TA.TGA.	TA...T..TGT...
S. pui GU395618.1	CA.AAC	A..T.T.TT.....	C	T
S. rarum DQ221116.1	...TT	AATGAC.T.TT.....	C	..A
S. riobrave DQ835613.1	A.GA.TGAA	AT...GTT	G
S. robustispiculum AY355442.1	..A.T	AAA.GAT.T.TT.....	C	T
S. sacchari KC633095.1	C.A.T.AC	.GAC.T.TT.....	C	T
S. sangi AY355441.1	..C.T	AAG..T.TGT...	C	T

S. sasonense AY487919.1
S. scapterisci AY230183.1
S. scarabaei FJ263673.1
S. schliemanni HM778112.1
S. sichuanense DQ884965.1
S. silvaticum AY171255.1
S. surkhetense HQ190042.1
S. tami AY171280.1
S. texanum EF152568.1
S. thanhi AY355444.1
S. thesami AY171291.1
S. tielingense GU994201.1
S. tophus KJ701241.1
S. unicornum GQ497167.1
S. vulcanicum GU929442.1
S. weiseri KJ696685.1
S. xinbinense
S. xueshanense FJ666052.1
S. yirgalemense AY748450.1
C. elegans X03680.1
C. latens JN636079.1
C. nigoni JN636060.1
TP-SEL6
TP-SEL1 Consensus Steinerinema
CL-BG2 Steinerinema sp.

```

-----C...AT.C-----AT.T.T-----T-----C-----G-----
S. scapterisci AY230183.1 .C...AT..-----G..G.T-----T-----C-----G-----
S. scarabaei FJ263673.1 .C...T.A-----GAC.T.T-----T-----C-----T-----
S. schliemanni HM778112.1 .CGA.T-----AAA AT.T.T.T-----T-----C-----T-----G-----
S. sichuanense DQ884965.1 .T.TA.TGA-----TA...T.-T-----T-----T-----T-----
S. silvaticum AY171255.1 .C.T-----AAA GAT.T.T-----GT-----C-----T-----
S. surkhetense HQ190042.1 .C...AT.C-----AT.T.T-----T-----C-----G-----
S. tami AY171280.1 .AC...AT.C-----A..T.T-----T-----C-----G-----
S. texanum EF152568.1 .C.T-----AAA -AT.T.T-----GT-----C-----T-----
S. thanhi AY355444.1 .AAT.AA-----T.T.T-----T-----TG-----C.GT-----AGT.T-----
S. thesami AY171291.1 .ACTA.TGA-----TA...T.-T-----GT-----C-----T-----
S. tielingense GU994201.1 .A.T-----AAA GAT.T.T-----GT-----C-----T-----
S. tophus KJ701241.1 .C.AAA-----AAAC.AT.T.T-----T-----C-----T-----
S. unicornum GQ497167.1 .C.A.T.AA-----TGAC.T.T-----T-----C-----T-----
S. vulcanicum GU929442.1 .GTGAT-----AA.C.G.T.T-----T.-G-----C-----T-----
S. weiseri KJ696685.1 .GC.T-----AAA GAT.T.T-----GT-----C-----T-----
S. xinbinense .C.T-----AAA GAT.T.T-----GT-----C-----T-----
S. xueshanense FJ666052.1 .GC.T-----AAA GAT.T.T-----GT-----C-----T-----
S. yirgalemense AY748450.1 .A.GA.TGAA-----TA...GT-----T-----C-----G-----
C. elegans X03680.1 GACATGCGGTGATT..TG.TGAGATTT---GC..C.CG.T..TA.G...TA.C.TC.G.GA.G.ATCGGT.G.A.C.AGT.....G...CA
C. latens JN636079.1 GGCCCAAGGTGATT..TG.TGAGATCT---AGG.C.CG.T..TA.G...TA.C.TC.A.GA.G.ATCGGT.G.A.C.AGT.....G...CA
C. nigoni JN636060.1 GGCTTGCGGTGATT..TG.TGAGTTCCT-AGGG..C.CG.T..TA.C...TA.C.TC...GA.G.ATCGGT.G.A.C.AGT.....G...CA
TP-SEL6 .GC.T-----AAA GAT.T.T-----GT-----C-----T-----
TP-SEL1 Consensus Steinerinema .GC.T-----AAA GAT.T.T-----GT-----C-----R-----T-----
CL-BG2 Steinerinema sp. .GC.T-----AAA GAT.T.T-----GT-----C-----T-----

```

810 820 830 840 850 860 870 880 890 900

S. abbasi AY230158.1
S. aciari AY787660.1
S. affine AY171298.1
S. akhursti DQ375757.2
S. apuliae HQ416968.1
S. arasbaranense FJ860039.1
S. arenarium AY230160.1
S. ashunense DQ354694.1
S. asiaticum AY230184.1
S. australe FJ235125.1
S. backanense AY487918.1
S. beddingi AY603397.1
S. bicornutum AY171279.1
S. boemarei FJ152414.1
S. brazilense FJ410325.1
S. cameroonense JX985267.1
S. carpocapsae FJ860033.1
S. ceratophorum AY230165.1
S. changbaiense JN865168.1
S. cholashanense EF431959.1
S. citrae FJ235074.1
S. costaricense AY171276.1
S. cubanum AY230166.1
S. cumgarensis AY487920.1

```

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
G-CTAGAACC GTTATGTAG -CGTGAATTGCA -GACATATTGAGC -GCTAAAATTTT -GAACGC AAATGGCACTAACAGG -TTTATATCT -GTTA -GT
S. aciari AY787660.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----
S. affine AY171298.1 .A.A.....T.G-----T..T-----T-----C-----C-----G-----
S. akhursti DQ375757.2 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----C-----G-----
S. apuliae HQ416968.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----A-----
S. arasbaranense FJ860039.1 .A.A.....T.G-----T..T-----T-----C-----C-----G-----
S. arenarium AY230160.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----A-----
S. ashunense DQ354694.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----T-----
S. asiaticum AY230184.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T.G-----A-----
S. australe FJ235125.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----C-----G-----
S. backanense AY487918.1 .A.A.....T.G-----T..T-----T-----C-----C-----G-----
S. beddingi AY603397.1 .A.A.....T.G-----T..T-----T-----T-----C-----C-----G-----
S. bicornutum AY171279.1 .A.A.....C-----A-----T-----T-----A-----
S. boemarei FJ152414.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----A-----
S. brazilense FJ410325.1 .A.C.....T.G-----A-----G-----T-----A-----
S. cameroonense JX985267.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----A-----
S. carpocapsae FJ860033.1 .A.A.....T.G-----T-----T-----
S. ceratophorum AY230165.1 .A.A.....T-----A-----T-----T-----A-----
S. changbaiense JN865168.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----A-----
S. cholashanense EF431959.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----T-----
S. citrae FJ235074.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----
S. costaricense AY171276.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----G-----
S. cubanum AY230166.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----T-----A-----
S. cumgarensis AY487920.1 .A.A.....T.G-----A-----T-----G-----

```

S. diaprepesi AF122021.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....A.....
S. eapokense AY487921.1	-.A.A.....T.G.--.....G.....
S. ethiopiense JN651413.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.G.....A.....
S. feltiae DQ310469.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. glaseri AY171288.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. guangdongense AY170341.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. hebeiense DQ105794.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. hermaphroditum JQ687355.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. huense KF857581.1	-.A.A.....T.G.--.....G.....
S. ichnusae EU421129.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. innovationi KJ578793.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----TT.....A.....
S. intermedium AY171290.1	-.A.A.....T.G.--.....T..T-----T.....C.....G.....
S. jeffreyense KC897093.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....C.....A.....
S. jollieti AY171265.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. kariii AY230173.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.G.....A.....
S. khoisanae DQ314287.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. kraussei AY171264.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. kushidai AB243440.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. lamjungense HM000101.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. leizhouense AY170340.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. litorale AB243441.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. loci GQ497740.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. longicaudum AY230177.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. minutum GU647156.1	-.A.A.....T.G.--.....G.....
S. monticolum AF122017.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. neocurtillae AF122018.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----C.....
S. nepalense HQ190044.1	-.A.A.....T.G.--.....G.....C.....
S. nyetense JX985266.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----
S. oregonense AF122019.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. pakistanense AY230181.1	-.G.A.....A-----A.....G.....T.....A.....C.....
S. phyllophagae FJ410327.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. poinari KF145173.1	-.A.A.....T.G.--.....T..T-----T.....C.....C.....G.....
S. pui GU395618.1	C.A.A.C.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. rarum DQ221116.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----C..T.....GT.....C.....AC.....
S. riobrave DQ835613.1	-.A.A.C.....GT.....A-----G.....T.....
S. robustispiculum AY355442.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. sacchari KC633095.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----
S. sangi AY355441.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....A.....
S. sasonense AY487919.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----C.....G.....
S. scapterisci AY230183.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----G.....T.....C.....
S. scarabaei FJ263673.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----G.....G.....G.....
S. schliemanni HM778112.1	-.A.A.T.....T.G.--..A.....G.....A-----T.....
S. sichuanense DQ884965.1	-.A.A.....T.G.--.....T..T-----T.....C.....C.....G.....
S. silvaticum AY171255.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. surkhetense HQ190042.1	-.A.A.....T.G.--.....C.....C.....
S. tami AY171280.1	-.A.A.....T.G.--.....G.....
S. texanum EF152568.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. thanhi AY355444.1	.G.A.A.....T.T.GC.....A.....A.C.....TGA.....T.....GT.....T.A.....
S. thesami AY171291.1	-.A.A.....T.G.--.....T..T-----T.....C.....C.....G.....
S. tielingense GU994201.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....
S. tophus KJ701241.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----TT.....A.....
S. unicornum GQ497167.1	-.A.A.....T.G.--.....A-----T.....

	1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080	1090	1100
S. abbasi AY230158.1	GCATTTACCTATTGGCATG	ATTGCTA	CGATAGTACAATG	AACCTTTCT	GTTCTTAAGT	
S. aciari AY787660.1	G-----	AGTG.AC.T..C.C..TG..	.AC..TGT	TTAATGG.....	G.GG..CG	A..GC.C	
S. affine AY171298.1	-----	C.GTG.GCTA.G...T.AGCT	T....CTA	AA	...CG..TT..T	G....G..	CGCA.	
S. akhursti DQ375757.2	-----	TTGGG.AC.T.C.C..T...A	C..AATT	ATT..T	CGTG..CGC	AC	
S. apuliae HQ416968.1	-----	G.AC.T..C..TG..C..C..	GCGT	GCAGTT	TTC.G..TGCCT	GCGA.AGT	ATAATGG.G.C	
S. arasbaranense FJ860039.1	-----	C.GCG.GCTA.G...T.AGCT	T....CAG	AA	...CG..TT..T	G....G..	CGCA.	
S. arenarium AY230160.1	-----	G.AC.T..C..TG..	.G..GTGC	C-GCT	TA	GCGC	GCGA.AGT	ATAATGG.G.C	
S. ashiunense DQ354694.1	-----	AAAAGG.AC.T.T.C.....	A-A.TAATT	G...TT..T	C.AGAGCAG	T.C	
S. asiaticum AY230184.1	A-----	AGGG.AC.T..C..T...-	.AC..CTTT	YGTGGGTG...	G.AG.G.	
S. australe FJ235125.1	-----	G.AC.T..C.C..T...-	GAC..GTT	TTAATGT....	G.AAGCG	T.AGGCG..C	
S. backanense AY487918.1	-----	GT.A.G.AC.T..C..T...-	...TT	T...T..CT...	G.TG.C.GGT..C	
S. beddingi AY603397.1	-----	C.GTG.GC.A.G...T.AG.T	T....CAG	AA	...CG..TT..T	GG....G..GCA.	
S. bicornutum AY171279.1	-----	TAGCAAC...A.....C.....	...TA.CCT..A..TG..	
S. boemarei FJ152414.1	-----	G.AC.T..C..TG..	.C...	GTG	.T	TTAC	GCGA.AGT	ATAATGG.GAC	
S. brazilense FJ410325.1	-----	G.AC.T..C.C..T...-	.AC..GTTG	TTAATGT....	GCGAACGG	CT.AGGCG..C	
S. cameroonense JX985267.1	-----	TGG..AC.T..C..T...TG.A..	GTGCG	CGT	.TC.T.C.TGC	G.TAG...	AATGA...G	
S. carpocapsae FJ860033.1	-----	GT.A.G.AC.T..C..T...-	...TT	T...T..CT...	G.TG.C.GG	CT..C	
S. ceratophorum AY230165.1	-----	TAATTCT...A.....C.....	...T.CTT...A..TG..CT.GTC.TT..	
S. changbaiense JN865168.1	-----	GAAAGG.AC.T.T.C.....	A-A.TAATT	G...TT..T	CGAGAGCGG	T.C	
S. cholashanense EF431959.1	-----	CCGATCG.G.AC.T.T.A..T...	..AATT	TT	T...T..CT..T	CGT..CCTA	ATCG...C	
S. citrae FJ235074.1	-----	TG.G.AC.T.T...A...-	..AAT	T	...T..CT..T	CGT..CCTA	ATCG..AC	
S. costaricensis AY171276.1	-----	G.G.AC.T..C..T...ATCG...	TTTTCT...GTTGC	CTCT..TCGG..A	
S. cubanum AY230166.1	-----	G.AC.TCG..C..TG..	.AC...CCC	CCGGCA	.T	GGG.	GCGA.AGT	GCAATGG.CA.	
S. cumgarensis AY487920.1	-----	GT.A.G.AC.T..C..T...-	...TT	T...T..CT...	G.TG.C.GGT..C	
S. diaprepesi AF122021.1	-----	G.AC.T..C..TG..	.AC..TC	AATGGCT...	G.GG.CG	T.AGGCG...	
S. eapokense AY487921.1	-----	GT.A.G.AC.T..C..T...-	...TT	T...T..CT...	G.TG.C.GGT..C	
S. ethiopiense JN651413.1	A-----	AG.G.AC.T..C..T...-	.AC..CTGT	TTCTGGTG...	G.GGCG.	
S. feltiae DQ310469.1	-----	TCG.G.AC.T.T...A...-	..AATT	T	...T..CT..T	CGT..CCTA	ATCG..AC	
S. glaseri AY171288.1	-----	G.AC.TCG..C..TG..	.AC.T.CCC	CCGGCA	.T	GGG.	GCGA.AGT	GCAATGG.CAA	
S. quangdongensis AY170341.1	-----	GAC.T..C..T...G.C..A.TTGA	AAAATG	GTT...G.AG.G	T	
S. hebeiense DQ105794.1	-----	TTG.G.AC.T.T..C..T...-	.CACTT	AT	T...T..TT..GT	CGT...CTA	AAGA..AC	
S. hermaphroditum JQ687355.1	-----	.AC.T..C..TG..	GAC..CGTC	AATGGTT...	G.GG..	TTA..GCG..C	
S. huense KF857581.1	-----	GT.A.G.AC.T..C..T...-	...TT	T...T..CT...	G.TG.C.GGTG.C	
S. ichnusae EU421129.1	-----	CG.G.ACGT.T...T...-	..AATT	TT	...T..CT..T	CGT..CCTA	ATCG..AC	
S. innovationi KJ578793.1	AAATTTTGAT.G.G.AC.T..C..TG..	G.C..TT	TG	CT...	G.AGCA	CTGA.GTACG..C	
S. intermedium AY171290.1	-----	C.GTG.GCTA.G...T.AG.T	T....CAA	AA	...CG..TT..T	G....G..GCT.	
S. jeffreyense KC897093.1	-----	G.AC.T..C..T...-	.CC...TTT	TGT...	GTG.G.	GTC...C	
S. jollieti AY171265.1	-----	TTAATCG.G.AC.T.T...T...-	..AA	T	T...T..TT..T	C.T..CCTAAC	
S. kariii AY230173.1	A-----	AA.G.AC.T..C..T...-	.GC..CTAT	TT-TGGTG...	G.GG..C	
S. khoisanae DQ314287.1	-----	AG.G.AC.T..C..T...-	.CC..GTTT	TGT...	G.GG..GTGTG	CTGC.AAGCG..C	
S. kraussei AY171264.1	-----	CTGATCG.G.AC.TGT.A..T...	..AACT	TT	T...T..CT..T	CGT..C.TA	ATG..AC	
S. kushidai AB243440.1	-----	CGGTTGGG.AC.T.C.C..T...G	C..AATT	ATG...T	CGTG..CGC	AC	
S. lamjungense HM000101.1	ACCTTTT-C.GTG.GTT.G.C...C..	...TG-CA	AG	CT...	G.TG..	CTA..GCG..C	
S. leizhouense AY170340.1	T-----	.G.G.AC.T..C..TG..	.AC..TTT	AATGTGG.A...	GTGG..CT	G.TGCG...	
S. litorale AB243441.1	-----	TG.G.AC.T.T...A...-	..AATT	AT	T...T..CT..T	CGT..CCTA	ATCG..AC	
S. loci GQ497740.1	T-----	.G.G.AC.T..C..TG..	.AC...TTT	AATGTGG.A...	GTGG..CT	G.TGCG...	
S. longicaudum AY230177.1	-----	.AC.T..C..T...G.C..A.TG	A.A.ACG.G.A	G.G..A	ATGG...Y	
S. minutum GU647156.1	-----	GT.A.G.AC.T..C..T...-	...TT	T...T..T...	G.TG.C.GGT..C	
S. monticolum AF122017.1	-----	AGAG.G.AC.T.T.C.....C	AATAAATT	G...TT..T	TT.GAGCAG	T.C	
S. neocurtillae AF122018.1	-----	CTTT.CGG.A.G...T	T..A	TT...	.TG..GT.GAC	

S. backanense AY487918.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.CT.TGCGTA-GTG..TGG-----T...TG-----G...-----A..
S. beddingi AY603397.1 .GTC.AC..TTAATTTA .C.C.GA..G..GTG.GG.T.T.TACGTT- G..CA. CC.-----A.AG.A.
S. bicornutum AY171279.1 ---.A..AG .ACA..T..-.....A.T G C... ..G...
S. boemarei FJ152414.1 .GTCAT..AGTA .G.T.CT..-.....GT.-CCGTG .G... TGG . C.A... ..
S. brazilense FJ410325.1 G...CTTTCGCTA-----CG.TCC...-...A...GT.-CTGTG .G..T A.G TG GC... ..
S. cameroonense JX985267.1 GAAA. GCT.....-...A.A.-TCGTG .G.A.A .G AC.CGCG GGTTTCG...A..
S. carpocapsae FJ860033.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.CA.TGCGTA-GTG..TG-----T...TG-----G...-----A..
S. ceratophorum AY230165.1A...G .AC...T..-.....C.....A.G
S. changbaiense JN865168.1 G.AC.. T.C.AGAA.-...GCTAAA.T.CTGCGC-AG... ..T-----G...GA-----
S. cholashanense EF431959.1 GAGC.AT. C...AATT.-G.TGCG.A.TAA G .A.CG.
S. citrae FJ235074.1 GAGC.ATT-----T..AA.TT.-G.TGCT.T.TA. T.... .AG-----..CGT-----
S. costaricense AY171276.1 GGTAACCT.....G...GT.CT-GTG .G.A.T A.. T GG.CG-G TGT
S. cubanum AY230166.1 GA..ATT-TGT-----CC..C...-...AC...GT.-CCGTG .G... A.G . C.... ..
S. cumgarensis AY487920.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.CT.TGCGTA-GTG..TG-----A...TA-----GG...A..
S. diaprepesi AF122021.1 G...CTTTCGCTA-----CGCT.CT..-...A...GT.-CTGTG .G... ACG TG GC.A.
S. eapokense AY487921.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.CT.TGCGTA-GTG..TG-----A...TA-----G...A..
S. ethiopiense JN651413.1 -----C .GCC.CTA.-...A...-T.AGTGTG .G..TT .G GC.AA.
S. felidae DQ310469.1 GAGC.ATT-----T..TA.TT.-G.TGC.AT.TA. T.... .G .CG.
S. glaseri AY171288.1 GG...TT-GTC-----G...C...-...AC...GT.-CCGTG .G... A.G . C.... ..
S. guangdongense AY170341.1 -----GC.ACT.CT..-...A...GT.-CTGT G.G... .G GC.A.
S. hebeiense DQ105794.1 GAGC.ATT-----..TG-TTT-G.TGC.CT.TA. T.... .C .CCG.
S. hermaphroditum JQ687355.1 G...CTTTCGCT A..ACT.CT..-...A...GT.-CTGT G.G..A .G G... ..
S. huense KF857581.1 .GT..CTTCGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.GACT.TGCGTA-GTG..TG-----A...TA-----GG...A..
S. ichnusae EU421129.1 GAGC.ATT-----T..TA.TT.-G.TGC..T.TA. TG... .G .CG.
S. innovationi KJ578793.1 G.T.CATGCGTTACGTGA-G.GCT.CT..-...A...GT.-CCGTG G.G..A .G G.... ..
S. intermedium AY171290.1 AGTC.AC..TTAATTTA .C.C.GA..G..GTG.GG.TGT.TGCGCT- A..CA. .A. A.AG.A. A...
S. jeffreyense KC897093.1 GCG...TTTCTTTCGCTA-G.ACCGCT..-...A...GT.-CCGTT G.G..A .G G..A.
S. jollieti AY171265.1 GAGC.AT.TA.TT.-G.TGC..T.CA. A.... .G .CG.
S. kari AY230173.1 -----TCCTTTG G.GACT.CTA.-...A...-T.AGTGTG .G..A .G GC.AA.
S. khoisanense DQ314287.1 G.T.CTTTCGCTAGCGGC GT.ACT.CT..-...A...GT.-CTGT G.G..A .G G.... ..
S. krausse AY171264.1 GAGC.AT. T...AATT.-G.TGCT.T.TA. A.... .G .CG.
S. kushidai AB243440.1 GAGC.AT.AATT.-G.TGCG.TTG- GTGAG .G CG.
S. lamjungense HM000101.1 G.T.CTTTCGCTA-----G.ACT.CT..-...A...GT.-CTGT G.G..A .G G.GA.
S. leizhouense AY170340.1 G...CTTTCGCACTAGTT GG.ACTGCT..-.....GT.-CTGTG .G... .G AA.
S. litorale AB243441.1 GAGC.ATT-----..CTA.TT.-G.TGC..T.TA. TG... .G .CG.
S. loci GQ497740.1 G...CTTTCGCACTAGTT GG.ACTGCT..-.....GT.-CTGTG .G... .G AA.
S. longicaudum AY230177.1 G.GC .ACT.CT..-...A...GT.-CTGT G.G... .G GY.
S. minutum GU647156.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.CT.TGCATA-GTG..TG-----A.G .TA-----GG...A..
S. monticolum AF122017.1 G.AC.. T.C.AGAA.-...GCTAAA.T.TGCG-AG... ..T-----G...GA-----
S. neocurtillae AF122018.1 -AT...CTATATATCG G.CA.T.A.GTA.G .T.TAA.TA .A..
S. nepalense HQ190044.1 .G...CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.CT.TGCGTA-GTG..TG-----T...GTG-----G...A..
S. nyetense JX985266.1 GGAG.TTTCGCTTC-----ACT..T..-.....A.A.-TCGTG .G.A.A .G AC.CGCG GGTTTCG...A..
S. oregonense AF122019.1 GAGC.AT. T...AATT.-GGTGCG.T.TA.GG .CG.
S. pakistanense AY230181.1 .A .AC.ATTGG...AA...TT-GCAAAG.ATT GTTTCGA TTGGCACGA TGTC-AA..
S. phyllophagae FJ410327.1 GCT.GC...A.G...T.-CTGTG .G... A.G . C... ..
S. poinari KF145173.1 AGTC.AC..TTAATTTA .C.T.GA..G..GTG.GG.T.T.TGCGCT- A..CA. CA. A.AG.A.
S. pui GU395618.1 -----CG.GCT.CT..-...A...GT.-CTGT G.G... .G GC.A.
S. rarum DQ221116.1 CG...CTA.C-----G...T..-.....GT.TTG .AA. C.AG-----GCC.A .T
S. riobrave DQ835613.1 ..ACG TT..AC.AT.T...AA...CTTTGCAAG G.ATT GTTT.G. TTGGCGCG TGCC-AA..
S. robustispiculum AY355442.1 G.AC.. T.C.AGAA.-...GCTAAA.T.CTGCGC-AG... ..T-----G...GA-----
S. sacchari KC633095.1 C.T..CGGAG-----ACT..T..-.....A.A.-TCGTG .G.A.A .G AC.CGCG GGTTTCG...A..
S. sangi AY355441.1 GAGC.AT.-----T...AATT.-G.TGCG.T.TA.CGTGC-.C..G-----G...CG.-----

S. sasonense AY487919.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.CT.TGCGTA-GTG..TG-----T...TG-----G...-----A..

S. scapterisci AY230183.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.GACT.TGCTTA-GTA..TGG-----T...TG-----G...-----A..

S. scarabaei FJ263673.1 .GTG.T-----G...CT..-...-...GT.CTTGTG..G.A.A-----...G-----GA..G-G-TGTG-A....

S. schliemannii HM778112.1 .AAC.AGGA-----T..A.AA...TC.TAA..G.TT.CGC-AAG...-----T.T-----G...GA-----

S. sichuanense DQ884965.1 .GTC.AC..TTAATTTA-----C.C.GA..G..GTG.GG.T.T.TGCGTT--G..CAT-----CA..-----AG.A..-----

S. silvaticum AY171255.1 GAGC.AT.-----T..TAATT..-G.TGCG.T.TA.-----...A-----...G-----...CG.-----

S. surkhetense HQ190042.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.TT.TGCATA-GTG..TG-----T...GTG-----G...-----A..

S. tami AY171280.1 .GT..CTTTGCTA-----GAC..CT..-A...A.T.G.CT.TGCGTA-GTG..TG-----AC...TA-----GG...-----A..

S. texanum EF152568.1 GAGC.AT.-----T...AATT..-G.TGC..T.TA.-----A....-----...-----...CG.-----

S. thanhi AY355444.1 -----GCTAT--G.ACT.CT..-...GT.ACTGTG..G...-----...G-----AA...-----

S. thesami AY171291.1 AGTC.AC..TTAATTTG-----C.C.GA..G..GTG.GG.T.T.TGCGCT--A..CA..-----CA..-----A.AG.A..-----

S. tielingense GU994201.1 GAGC.AT.-----T...AATT..-G.TGCG.T.TA.-----T....-----...G-----...CG.-----

S. tophus KJ701241.1 G.T.CATGCGTTACGTGA-G.GCT.CT..-...A...GT..CGGT--G.G..A-----...G-----G....-----

S. unicornum GQ497167.1 AGTC.CTTTCGCTGA-----GA.A.CTA..-...GT..CTGTG..G.A..-----...G-----G...A-----GTTAA....

S. vulcanicum GU929442.1 -----

S. weiseri KJ696685.1 GAGC.ATT-----T..AA.TT..-G.TGC..T.TA.-----T....-----...G-----...CG.-----

S. xinbinense GAGC.AT.-----T...AATT..-G.TGCG.T.TA.-----T...T-----...G-----...CG.-----

S. xueshanense FJ666052.1 GAGC.AT.-----C...AATT..-G.TGCG.A.TAA-----...-----...G-----A.CG.-----

S. yirgalemense AY748450.1 G.G-----T...C.ATTT...AAG..-CTG-GCAAA-GAAAC.-GTTT.G-----TTGGTGGC..TC--TTGCT--T.

C. elegans X03680.1 G.AA..TGACGC-----GC.AC..TTA...GG.G..GCTG-CCAAATGGC.TCC-GACT.GACT-----CG.CTGATCATCAA.A.

C. latens JN636079.1 G.AA..TGACGC-----GC.AC..ATA...AR.GT..GCTG-CCAAATGGC.TCC-.ACT.GACTTCT-ATGATG.AC..G-AAACATCAA.A.

C. nigoni JN636060.1 G.AA..TGACGC-----GC.AC..TT...AG.GA..GCTG-CCAAATGGC.TCC-.ACT.GACTTCT-ATGGTG.CCGAGTGAACATCAA.A.

TP-SEL6 GAGC.ATT-----T..TA.TT..-G.TGC..T.TA.-----T.C...-----...G-----...CG.-----

TP-SEL1 Consensus Steineriema GAGC.ATT-----T..TA.TT..-G.TGC..T.TA.-----T.C...-----...G-----...CG.-----

CL-BG2 Steineriema sp. GAGC.ATT-----T..TA.TT..-G.TGC..T.TA.-----T.C...-----...G-----...CG.-----

1210 1220 1230 1240 1250 1260 1270 1280 1290 1300

S. abbasi AY230158.1 GTGTTTCTTGCC--GACTGACTT--ATACACTTCC-----GTGTATG--TAGACTGTTTGTGTCATGTCAGTTAAA--AA

S. aciari AY787660.1 .C..C.....AG..A...G...G..CG-----TTGC..A...A--AT-GT.TC..GAA-G.TAGTA-----GT.G

S. affine AY171298.1 A..C.....G...A...C--G.T..AG..TAAGC-----TTTTAGCTTAGA.T.G.TTATT--GCT.C.AA..G..AGTTGGCTGTTAT.C

S. akhursti DQ375757.2 .C.....-G.....G...GGACGTA-----ACAGTAC..A...GC.TC.A.TG--G.CAGTTC.TC.ATTGTT

S. apuliae HQ416968.1 ...C.....AG..A...G...G..GGA-CT--TAACCGTCTCGTA.A..CT--GT-GT.TC.GGAA-G.TAGT..G-----CC

S. arasbaranense FJ860039.1 A..AC.....AG..A...C--G.T..AG..TAAGC-----TTTTAGCTTAGA.T.G.TTATT--GCT.C.AA..G..AGTTGGCTGCTAT.C

S. arenarium AY230160.1-AG..A...G...CAA-GC--T--TTGT..AC..A--CT-G..TC..GAA-G.TAGTA-GT.--GCC

S. ashunense DQ354694.1 .C.....T...G...MG--G...GG-----ATTC..ACG..GTGT-----T.C.ACAA-----

S. asiaticum AY230184.1 ...C.....T...AG.CA...G...G-----CTTT..AC..A--CT-GT.TCCAGAA-G.TGGTT--GGTC.

S. australe FJ235125.1 ...C.....AG.....G...GT.ACA..T--TA-ACTGTCT-C..A.G.A--A-G..TC..GAA-G.CAGT..G-----CC

S. backanense AY487918.1 .C.....T--A.....T.G...AAG.A-----A...AT--CGT.TC..AAA-G.CAGCTC-----

S. beddingi AY603397.1 A..C.....-AG.CA...C--G.T..AG..TAAGC-----TATCAGCTTAAA.T.G.TTATT--GCT...AA..G..AGTTGGCTGTTAT.C

S. bicornutum AY171279.1 .CT.C..A...T-----G...GGG.A-----AATGTGC.....T--..A...CGAAA.G.TGG...C.GTTCGA..

S. boemarei FJ152414.1-AG..A...G...GG.G.GA-CT--TCGTTGTCTCGC..A..A--CT-G..TC..GAA-G.TAGCA--T.TAGTTCG

S. brazilense FJ410325.1-AG.....G...GT.GCA.AGT--TACAGTGTTC-C..A.G.A--A-G..TC..GAA-G.CGGCA--G-----CC

S. cameroonense JX985267.1 .C.....T--A...G...GCG...GCT-----TCGT...CC..TT..AAC...A-G.CAGG--..C-TG-C

S. carpcapsae FJ860033.1 .C.....T--A.....T...AAG.A-----A...AT--CGT.TC..AAAAG.CAGCTC-----

S. ceratophorum AY230165.1 .CT.C.....AG.....G...GGG.A-----AATGTGC.....T--..A...AA..G.TGA...C.GTTCGA..

S. changbaiense JN865168.1 .C.....T...G.....G...GGGA-----ATTC..ACG..GTGT-----..C.ACAA-----

S. cholashanense EF431959.1 .C.....-...T...G...GGACGTA-----ACAGTAC..A...GC.TC.A.T...W.CAGWTGC-CCTTAACT

S. citrae FJ235074.1 .CT.....A...-...A...G..AAC.TA-----ACAGTAT..A...TT.CT..C--TG-T.CAG.TGCTCTTAAAGG

S. costaricense AY171276.1 .C.....-AT...T...G...GT..AG-----GC..A.G.A--G-T.TCA.GAA-GACAGT..C.CTGTGCC

S. cubanum AY230166.1 .C..C.....AG.....G...G--CGA-TT--CA--TTTGC..A.G.A--A-G..TC..AAA-G.CAGT..TTG--TC.

S. cumgarensis AY487920.1 .C.....T--A.....T.G...AG.A-----A...AT--CGT.TC..AAA-G.CAGCT-----

S. diaprepesi AF122021.1 C --AGT. --G. . . . G.AG.A. --G --TA ACTGTCT-C. . . A.G.A --A G. . . TC. . . GAA G. CGGCT --G ----CC
S. eapokense AY487921.1 . C. T A. T. G. . . . AAG.A A. . . . AT CGT.TC. . . GAA G. CAGCT
S. ethiopiense JN651413.1 C TA AG.C. G. GTG CTTC. . . AC. . . A CT-GT.TC.AGAA G. CGGT GGTC
S. feltiae DQ310469.1 . T. T.G G. . . . AAC.TA ACAGTTC. TT.TC.GAA. . . T. T.CAG. . GCCCTTACA. .
S. glaseri AY171288.1 C --AG. --G. . . . G. . . . AA TT TTTGC. . A.G.A A G. . . TC. . . GAA G. CAGT. --TTG--CC.
S. guangdongense AY170341.1 . C. . C. --AG. --G.G.GGACA GCGTT-C. . . CG.A GT.TC.AGAA G. CGGTA GCCACG-TG
S. hebeiense DQ105794.1 . C. A. G. . . . AAC.TT CCAGTTC. CATAATG. --G T.CAG.AGG-C TACAC.
S. hermaphroditum JQ687355.1 . C. . C. A. G. G. GGACA GCGTTT. . . CG.A A GT.TC.AGAA G. CAGCA GCCACG-TG
S. huense KF857581.1 . C. T T. G. . . . AAG.A A. . . . AT TCGT.TC. . GAA G. CAGCT
S. ichnusae EU421129.1 . CT. T. G. . . . AAC.TA ACAGTTC. . A. . . TT.TC. . A. . CG. . CAG.CGCCCTTACAG-
S. innovationi KJ578793.1 C --AG. --G. . . . GAGC.T GTGCTTC. . . CG.A A T.TC. . GAA G. CAGTA.AGCCATGTC.
S. intermedium AY171290.1 A. . C. --AG. A. . . C G.T. . AG. . TAAGCC TTTTGGTTTAGA.T.G.TTAC GCT.C.CA. . . . AGT.GGTT.TTAT.C
S. jeffreyense KC897093.1 . C. . C. --AG. --G. . . . GAAC.TA CAAATTC. . A. ATTGTCTC. . GAA G. CAGTACAGCCATGTC.
S. jollieti AY171265.1 . C. TA. G. . . . GGACGTA ACAGTAC. . A. . . . TT.CA.AGT. . A TCAGG.CA. C
S. kari AY230173.1 A AGTC. G. GTG CTTT. . AC. . A C. . GT.TCCAGAA G. CGGC GGTC
S. khoisanae DQ314287.1 AG. G. . . . GAAC.TT ACACTTC. . A. . . A ATCGT.TC. . GAG G. CAGTA.AGCCATGTC.
S. kraussei AY171264.1 . C. A. G. . . . GGACGTA ACAGTAC. . A. . . GC.TC.A.T. --A T.CAG.TGC-CCTAATGT
S. kushidai AB243440.1 . C. G. . . . GGACGTA ACGGTAC. . A. . . GC.TC.A.TG --G CAGTTC.TC.AGTGTG
S. lamjungense HM000101.1 . C. . C. --AG. --G.G.GGACA GTG-TTC. . . CG.A --AG T.TC.AGAA G. CAGT. -A.CCAGTG.
S. leizhouense AY170340.1 C --AG. A. . . . G.T. . AG. . TAAAGC TTTTGGTTTAGA.T.G.TTAC GCT.C.CA. . . . AGT.GGTT.TTAT.C
S. litorale AB243441.1 . CT. TG. G. . . . AAC.TA ACGGTAT. . A. . . TT.TC. . . AA T.CAG. . ACC -TACAG-
S. loci GQ497740.1 C --AG. A. . . . G. . . . G.GGA.T TTGC. . A. . . A A G. . . TC. . . GAA G. TAGTA GT.
S. longicaudum AY230177.1 . C. . C. --AG. --G.G.GGACAG. TTCGTTT. . . CG.A --A GT.TC.AGAA G. CGGTA GCCAYTTT.
S. minutum GU647156.1 . C. T A. T. G. . . . AAG.A A. . . . AT CGT.TC. . AAA G. CAGCT
S. monticolum AF122017.1 . C. T G. GG ATTC. . ACG. . GTGT T.C.ACAA
S. neocurtillae AF122018.1 . C. T TGTC.A.A.C T.AC. . TGTCAC ACAATTAAT. TACT G.T.C. . A AAGTTAGTTTTTTT.
S. nepalense HQ190044.1 . C. T A. T. G. . . . AAG.A A. . . . AT CGT.TC. . AAA G. CAGCTC
S. nyetense JX985266.1 C T. A. . . . G. . . . GCG. . . . GCT TCGT. . . CC. . . TT. . . . C.A G.CAGG C.TCACT
S. oregonense AF122019.1 . C. TC. G. . . . GTA ACC. . A. . . GC.TC.A.T. --G . . CAG.TGC-CCTTAGCT
S. pakistanense AY230181.1 . . AC.G --GTAT . CA.ATT. GTATACGTAGACA TA.TCGGTT-AAA GTCAG. . C.A --AACT. . TGT -CT.T
S. phyllophagae FJ410327.1 . C. T.C GC.T. . . . G TATCTTGATACA. . . . G.A . . . GT.TC.G.A. . . C.GT. -C -CT
S. poinari KF145173.1 A. . CC. --AG. A. . . C G.T. . AG. . TAAGC TTTTGGTTTAGA.T.G.TTATT GCT.C.AA. . . . AGTTGGCTGTAT.C
S. pui GU395618.1 . C. AG. G.G.GGA-G TTGCTTC. . . CG.A . . . GT.TC. . GAA G. CAGTA GCCATGATG
S. rarum DQ221116.1 C. . G.G.GGA. T. . GG. . A AC. . . . ATA G . . . CT.C.AAA G. CAGTT. . G.C --T.G
S. riobrave DQ835613.1 TG.C. GTAT-ACGA. . T. . C GTGTATGTAATG AA. . TC. . AG.TC.TAAC.A --TATT. . . GT --TAGT
S. robustispiculum AY355442.1 . C. T G. GG ATTC. . ACG. . GTGT T.C.ACAA
S. sacchari KC633095.1 . C. . C. T. A. . . . G. . . . GCG. . . . GCT TCGT. . . CC. . . TT. . . . C.A G.CAGG C-TCA-T
S. sangi AY355441.1 . C. C. G. . . . GGACGTA ACAGTAC. . A. . . GC.TC.A.T --G G.CAGTTA. CCATGCT
S. sasonense AY487919.1 . C. T A. T. G. . . . AAG.A A. . . . AT CGT.TC. . AAA G. CAGCTC
S. scapterisci AY230183.1 . C. T R. G. AAGTA R. AT TCGT.TC. . AAAG G. CAGTT. G
S. scarabaei FJ263673.1 . C. TT. G. . . . GTG.GAT TGTATGC. . A.G.A G T.TCA.GAA .ACAGT. -C.CTGCCTTC
S. schliemanni HM778112.1 . C. C. T. A. G. G. GAA. . A TATATTC. . ACG. . GT.T C.CAAC.G.
S. sichuanense DQ884965.1 A. . CC. --AG. A. . . C G.T. . AG. . TAAGC TTTTAGCTTAGA.T.G.TTATT GCT.C. . A. . G. . AGTAGGCTGTAT.C
S. silvaticum AY171255.1 C A. C. G. . . . GGACGTA ACAGTGC. . A. . . A GC.TC.A.T. --A T.CGG.TGC-TCTAAAGT
S. surkhetense HQ190042.1 . C. T A. T. G. . . . AAG.A T. AT CGT.TC. . AAA G. CAGCTC
S. tami AY171280.1 . C. T A. T. G. . . . AAG.A A. . . . AT TCGT.TC. . GAA G. CAGCT
S. texanum EF152568.1 . C. . C. G. . . T. G. . . . GGACGTA ACAGTAC. . A. . . GC.TC.A.T. --G . . CAGCTAC --CGTTT
S. thanhi AY355444.1 C --AG. A. . . . G. . . . G.GA.A TTGC. . A. . . A A GT.TC. . GAA G. TAGTA GT.
S. thesami AY171291.1 A. . C. --AG. A. . . C G.T. . AG. . TAGGC TTTTAGCTTAGA.T.G.TTATT GCT.C.AA. . G. . AGTTGGCTGTAT.C
S. tielingense GU994201.1 . C. A. G. . . . GGACGTA ACAGTAC. . A. . . GC.TC.A. . . . T.CAGCTGGCCCTAAACT
S. tophus KJ701241.1 C --AG. --G. . . . GAGC.T GTGCTTC. . . CG.A A T.TC. . GAA G. CAGTA.AGCCATGTC.
S. unicornum GQ497167.1 . C. . C. --A. --G. . . . GT.CGT AACT. . . . CG.A --. . TG. . TC. . GAA G. CAG.C. . . . CATGA.C

S. vulcanicum GU929442.1TG.. G...AAC.TA	ACAGTAT..A...T TT.CT.AAT	G.CAGC.GC CCTTAAGG
S. weiseri KJ696685.1	.C.....T.. G...GGACGTA	ACAGTAC..A... GT.TC.A.T....	T.CAGT.GC CCTAAA.T
S. xinbinense	.C.....T.. G...GT	TTT..A... GC.TC..T....	T.CAGGTGG CCCTATGT
S. xushanense FJ666052.1	..AC. TGT.CACA.G.	GTGTATATAGACT	GAAT.G.T GA..TTA..G.A. AA.T...GT AAT.T
S. yirgalemense AY748450.1A A.T ..CG..T...ATG..GT	GAAG.TACTGCATCT	AT..CAGAAT GTGTCGTC.C.CCT.TC
C. elegans X03680.1A.A A.A ..CG..T...TGG.G	AAT.CTATTCTCT	T..CAGACC GG.TCGTC.C.CGATC..AATAA.GGGGTTTCGT
C. latens JN636079.1A...ATA ACG..T..C	G... AGATYTAGGGCATT	C..Y..ACC GGCTCGTC.C.C...GC..AATAC.G.GGTTTCGT
C. nigoni JN636060.1T.. G...AAC.TAA	CGGTTG..A... TT.TC.A.A.	TG..CAG..GCCCTTACAG-
TP-SEL6T.. G...AAC.TAA	CGGTTG..A... TT.TC.A.A.	TG..CAG..GCCCTTACAG-
TP-SEL1 Consensus SteinernemaT.. G...AAC.TAA	CGGTTG..A... TT.TC.A.A.	TG..CAG..GCCCTTACAG-
CL-BG2 Steinernema sp.T.. G...AAC.GGAG	ACGGTTG..A... TT.TC.A.A.	TC-T.CAG..GCCCTTACAG-

	1310	1320	1330	1340	1350	1360	1370	1380	1390	1400
S. abbasi AY230158.1	CTTTTAC	TAATTCACCGCG	TTTGTGATTAGTGTGCTTTTGTCT	AAGATGTT	TTGTTATCGATTT	TG	CTATTACAACCTCAA			
S. aciari AY787660.1	TCA.	TTG.TGTGTG.A	AACACG.C.AC.AA.GCGCT.	TAGAA.C	AAT.CGAT.T...	C.	A...G.....			
S. affine AY171298.1	T.C..T	AT..TGCTT.TAG.GAA..CG.GAAT.GT.A.GCAT.	TT...C.CTGTGAGT...G..AAAT.GC-TTC	A.T...G...---						
S. akhursti DQ375757.2	.ACA	TT.C.G.TT.AGACACG.TTCGTT....AGAAA..	GC.CAAAA	G..AACT...	C..T...G.....					
S. apuliae HQ416968.1	ACG.G	CGT-TG..TG.A.AG..C.TC..G-ACGCAAC	T.GAACGT-GTTGA..T.CGAT.T...	C.-A...G.....						
S. arasbaranense FJ860039.1	T.A..T	ATT-TGCTT.TAG.GAA..CG.GAAT.GC.A.GCAT.	TT...C.CTGTGAGT...G..AAAT.GCCTTC	A.T...G.....						
S. arenarium AY230160.1	ACG.G	GTG..G..TG.C..G..CG.C.CG-GCGCAAC	T.GAACAC-AACATT..T.CGAT.T...	C.-A...G.....						
S. ashunense DQ354694.1		G...GT..A	C. A	TG.AA	TGA.AACT...	C..T...G.....				
S. asiaticum AY230184.1	.ACAC	CGTG..T.GT..A.C.GC...ACGG.GGCGC	CAG.	GAT.CGAT.T...	C.-A...G.G.....					
S. australe FJ235125.1	AA..G	TT.GTT.TGCC.AGG.C...ACACG..CG.AAC	T.AGAA.C.T A	A.T.CGAT.T...	C.-A...G.....					
S. backanense AY487918.1	T.AA	C...TGGTTTT-C..ACTCGCTT...C.G..AACT	GT.C.A.G	CAC..CC.ATCT...	C.-A.C.					
S. beddingi AY603397.1	T.A..T	A.T-TGCTT.TAG.GAA..TG.GAAT.GC.A.GCAA.	TT...C.CTAAGAGT..AG..AAAT.GC-TTC	A.T...G.....						
S. bicornutum AY171279.1	.AC.GT	C.T..A..TA.C..A.G.GAC...C.....	T...A.T-TGACA.AT.CGATTT...	C.-T..G						
S. boemarei FJ152414.1	ACA.G	CGT..G..TGCC..G..CGAC.CG-GCGCAAC	T.GAACACCAGTTCA..T.CGAT.T...	C.-A.A						
S. brazilense FJ410325.1	A..G	GT-T..AACG.AAG-.G.C.CGA-ACG.AAC	T.GAACGT- A	AAT.CGAT.T...	C.-A...G.....					
S. cameroonense JX985267.1	TAAGCG	AGTCG.C.ACGTT.C.AG.T	CTACTGCT	ACG A						
S. carpocapsae FJ860033.1	T.AA	C...GTGGTTTT-C..ACTTGATT...C.G.CAATT.	GT.C.A.G	CTC..C..ATCT...	C.-A.C..G.....					
S. ceratophorum AY230165.1	.AA.GT	C.T...A..T..C...A.G.TAC.....	C...AA.T	AAACA.T.CGATAT...	C...G.G.....					
S. changbaiense JN865168.1		G...GT..A	AC. A.A	TG.AA	TGA.AATT...	C..AT...G.....				
S. cholashanense EF431959.1	TACA	C.C..G..A.A-ACACG.TTCGTT....AA.AAT.	GC.CAAGA	AA-G.AACT...	C..T...G.....					
S. citrae FJ235074.1	TGC.	...G..A.A-ACACG.ATCGTT....AA.AATT	GC.CAAGA	AA-G.AACT...	C..T...G.....					
S. costaricense AY171276.1	T..G.	TGACAC.ACACG...CG.TGG.T.AC..TACG.C.TT	GAA.CT	T.CGATTTA...	C..AT...G.....					
S. cubanum AY230166.1	GCAAG	CGT..G.GCTT.AC.G.T-CG.C.CGCAACG.AGC	T.GAAC	TTCG.GT.CGAT.T...	C..A..G..G.....					
S. cumgarensis AY487920.1	T.A..	C...TGGT.TT-C..ACTTGATT...C.G..ACT	T.C.A.G	CTC..C..ATCT...	C.-A.C.					
S. diaprepesi AF122021.1	A-CA	GT-TCGAC.TT.GC.GG-.GA-CGA-ACGCAAC	T.GAAC.T	GCTCGAT.CGAT.T...	C.-A...G.....					
S. eapokense AY487921.1	T.A..	...TGGTTTT-C..ACTTGATT...C.G..ACT	GT.C.A.G	CTC...C.ATCT...	C.-A.C.					
S. ethiopiense JN651413.1	.AC..	G..G.GT..AAA..G..ACGAA.GCGC	AA	AT.CGAT.T...	C.-A...G.G.....					
S. feltiae DQ310469.1	TACA	C.C.TG..A.A-ACACG.ATCGTT...C.AGGAATT	GC.CAAGA	AA-G.AACT...	C..T...G.....					
S. glaseri AY171288.1	GCAAG	CGT-TG.GC.TG.AC.G.T-CG.C.CGCGACG.AGC	T.GAAC	TTCG.GT.CGAT.T...	C.-A..G..G.....					
S. guangdongense AY170341.1	G.GA	C...G.TT.T..CCG.TT.CAACGGA.GCACTT	G.AAC.	ATG-AAT.CGAT.T...	C.-A...G.....					
S. hebeiense DQ105794.1	TA..	C..G..A.A-CCA.GAC-CGGT...AGAGATT	GC.CAAGA	A.A.AACT...	C..T..					
S. hermaphroditum JQ687355.1	G									
S. huense KF857581.1	T.A..	C...TGGTTTT-C..ACTTGATT...C.G..ACT	GT.C.A.G	CTC...C.ATCT...	C.-A.C..G.....					
S. ichnusae EU421129.1	TACG	C.C.TG..A.A-ACACGATTGTT...C.AGGAATT	GC.C.AGA	AA-G.AACT...	C..T...G.....					
S. innovationi KJ578793.1	.G.GA	T...AACG...CG.TGA.CACAGC.GACGCA.	GTAGAAC	TTAGAAA.CGAT.T...	C..G...G.....					
S. intermedium AY171290.1	T.A..T	ACT-.CTT.TAG.GAA..TGCGAAT.GCTA.GC.T.	GTT...C.CTGTGAGT...G..AAAT.GC-TTC	A.T...G...---						
S. jeffreyense KC897093.1	.CAA	GGCG..G.A..T..C..CG.CAACGG..GCACTT	G.AAC.	T-AG-.CGAT.T...	C.-A...G.....					
S. jollieti AY171265.1	.ACA	C...A.A-ACACG.TTCGTT....A..AATA	GC.CAAGA	AA-G.AACT...	C..T...G.....					

S. kari AY230173.1 .AA..-----G...GT...---AAA..CG..ACGAA.GCGC-----AA-----AT.CGAT.T...--C--A...G.G.....
S. khoisanae DQ314287.1 T.GA-----..T...A.CG...CG.TGA.CAGCGGA.GCACAT-----TTGAAC-----TAA.CGAT.T...--C--G...G.....
S. krausse AY171264.1 TACA-----C.C...G..A.A-ACACG.TTCGTT....AA.AATT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
S. kushidai AB243440.1 .AC-----TTC..GTTT.AAACACG.CTCGTT....AGGAAA-----GC.CAAAA-----..G-.AACT...--C--T...G.....
S. lamjungense HM000101.1 TGA-----C...G.AT.T..CCGCTGG.C..CGA..G..CTT-----TAGAAC-----TGTGA.T.CGAT.T...--C--A.AC..G.....
S. leizhouense AY170340.1 .C....--CTTG..T.AT..C...A...CGAT.ACAG..GCA.TA-----TGAA.C-----AAT.CGAT.T...--C--A...G.....
S. litorale AB243441.1 TA.C-----..C..G..A.A-ACACGACTCGTT....AGAAATT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
S. loci GQ497740.1 .C....--CTTG..T.AT..C...A...CGAT.ACAG..GCA.TA-----TGAA.C-----AAT.CGAT.T...--C--A...G.....
S. longicaudum AY230177.1 G...--..G.C...TT.T..CCG.TGG.CAACGGA.G.AC.T-----GAAC.T-----T-GAAT.CGAT.T...--C--A...G.....
S. minutum GU647156.1 T.A...--C...TGGTTTT--C..ACTTGATT...C.G...ACT-----GT.C.A.G-----CT...C.ATCT...--C--A.C...G.....
-----..G...GT..A-----AC..A-----TG.GA-----..TGA.AATT...--C--A.T...G.....
S. monticulum AF122017.1 TCA..T--ATG--TT.ACTAAG.ATG.TT..TACTGGTTGACAA..--TT..C.TTGTAAAT..ACG..GTT..C-----G.T...G.....
S. neocurtillae AF122018.1 T.AG.--C...TGGTTTT--C..ACTTGATT...C.G...AACT-----GT.C.A.G-----CTC..CC.ATCT...--C--A.C...G.....
S. nepalense HQ190044.1 TAAGCG--AGTCG.C.ACCTT.C.AG.T-CTACTGCT-----ACG AATTG..CGA-----A.TG..AACT...--CGT.T...G.....
S. nyetense JX985266.1 TAC-----C.C..G..A.A-ACACG.TTCGTT....AG.AAT..--GC.CAAAA-----A.TG..AACT...--CGT.T...G.....
S. oregonense AF122019.1 TCAAC-TG-----TTCG...A.TGACTTC--CCT..G-----C.TAGATGCTAAA.GC.CGATATC.A--TTGA..AG.G.....
S. pakistanense AY230181.1 A-.G--..GT-.G.G-.TT.AC.G--.CG.CACG--C.ACGC--T-.GAA.GT--TAT-A.T.CGAT.T...--C--A..G..G.....
S. phyllophagae FJ410327.1 T-A..T--ATT--GCTT.TAG.GAA..TG.GAAT.GC.A.GCA..--TT..C.C.TGTGAGT...G..AAAT..C-TTC--A.T...G.....
S. pui GU395618.1 A.GA-----C...G.TT.T..CCG.TGG.CAACGA..GCATT-----GAAC.--TAGTGAT.CGAT.T...--C--A...G.....
S. rarum DQ221116.1 G-AC.G--A..G.TG.TT.ACGA.TG...GC.ACAGA...GCCA-----AAC.AAG-----CGATT...--TC...G.....
S. riobrave DQ835613.1 T.AAC.TG-----TTTCG..AACT.ACGTAA.CCT..G-----C.TAGATTAAAAA...ACCATATGA.AT--TT..G..G.....
-----..GC..GT..A-----C..A-----TG.AA-----..TGA.AATT...--C--A.T...G.....
S. robustispiculum AY355442.1 TAAGCG--AGTCG.T.ACCTT.C.AG--CTACTG.C-----ACG GATTG.--CGAATC...--C--G...G.....
S. sacchari KC633095.1 AG.A-----CGC..TG..A.A-ACACG.CTCGTT....C.AG.AGT-----GC.CAAAA-----..G-.AACT...--C--T...G.....
S. sangi AY355441.1 T.A...--C...T.GTTTT--C..ACTTG.TT...C.G...AACT-----GT.C.A.G-----CTC..CC.ATCT...--C--A.C...G.....
S. sasonense AY487919.1 T.AAC--C...TG.TTAA--C..GCTTAATT...CAG..AATT-----GT.C.T.G-----CT...C.ATTT...--CT--A.C...G.....
S. scapterisci AY230183.1 T.GG.--TGACAC.ACACG.C.CG.TGG.C.GC.ATACG.CTT-----GAA.CA-----T.CGATTTA...--C--AT...G.....
-----C.GAG...ATT-----T.AAA.T-----CAAAA-----..CAA.AACT..C A.AAT...G.....
S. sichuanense DQ884965.1 T-AC.T--ATT--TGCTT.TAG.GAACATG..AA..GC.A.GCAAA--TT..C.C.TGTGAGT..AG..AAAT.GC-TTC--A.T...G.....
S. silvaticum AY171255.1 TACG-----G.C..G..A.A-ACACG.TTCGTT....AA.AAT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--GT...G.....
S. surkhetense HQ190042.1 T.AA.--CG...T-GTTTT--C..ACTTGATT...C.G...AACT-----GC.C.A.G-----CTC..CC.ATCT...--C--A.C...G.....
S. tami AY171280.1 T.A...--C...TGGTTTT--C..ACTGCTT...C.G...ACT-----GT.C.A.G-----CTC...C.ATCT...--C--A.C...G.....
S. texanum EF152568.1 TACA-----CG...G..A.A-ACACG.TTCGTT....AA.AATT-----GC.CAAAA-----..AACT...--C--T...GGG...T..
-----C.G-----CT.G.GTCAT-----..CGAT.ACAA..GCA.TA-----TGAA.C-----AAT.CGAT.T...--C--A...G.....
S. thanhi AY355444.1 T-A..T--ATT--TGCTT.TAG.GAA..TG.GAAT.GC.A.GCAA--TT..C.C.TATGAGT...G..AAAT.GA-TTC--A.T...GG.....
S. thesami AY171291.1 TACA-----CT..TG..A.A-ACACG.TTCGTT....AA.AAT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
S. tielingense GU994201.1 .G.GA-----T.....AACG...CG.TGA.CACAGC.GACGCA-----GTAGAACC-----TTTGAAA.CGAT.T...--C--G...G.....
S. topus KJ701241.1 TAGG.G--ATGACTC.ACATG.C.CG.TGG.TA.CG.TTGC.AAT-----TGC..A.G-----AATTG..T.CGATCG...--C--A...G.....
-----TAC-----..C..G..A.A-ACACGACTCGTT....AGAAATT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
S. weiseri KJ696685.1 TACA-----C.C..G..A.A-ACACG.TTCGTT....AA.AAT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
S. xinbinense TACA-----C.C..G..A.A-ACACG.TTCGTT....AA.AAT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
S. xueshanense FJ666052.1 TACA-----C.C..G..A.A-ACACG.TTCGTT.T.A.AG.AAT-----GC.CAAAA-----A.G-.AACT...--C--T...C.A..T..
.GGCATGC-----TTTG...A.TTACTT...TT..G-----TCAG.ATTCCCGA-----AGATGAA--TGAAT..G.....
S. yirgalemense AY748450.1 .AG.CTCG.GTG.GTGTGATA.C.AATTAAAT.TCGAT.GA...GGCG--C..AGAAGAGAGACG..GCGT.TC..G--CTA..CT...G.....
C. elegans X03680.1 TG.C-----G...CC.TACCT.TCG.GG-----AAGGATGACGACG..GCGT.TC..G--ATCG..T...G.....
C. latens JN636079.1 T.G-----C.AA.GA.CT.CGGAT-----C.AAAACAAA--ACGT.GCGT.TC..G--CTAT.AT...G.....
C. nigoni JN636060.1 TACA-----C.C.TG..A.A-ACACGATTCTGTT...C.AGGAATT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
TP-SEL6 TACA-----C.C.TG..A.A-ACACGATTCTGTT...C.AGGAATT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
TP-SEL1 Consensus *Steinernema* TACA-----C.C.TG..A.A-ACACGATTCTGTT...C.AGGAATT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....
CL-BG2 *Steinernema* sp. TACA-----C.C.TG..A.A-ACACGATTCTGTT...C.AGGAATT-----GC.CAAGA-----AA G-.AACT...--C--T...G.....

	1410	1420	1430	1440	1450	1460	1470	1480	1490
S. abbasi AY230158.1	TTTAAGT	GAGATT	ACCCGCT	GAACTTA	AAGCATATC	ATTAGCGG	GAGGA		
S. aciari AY787660.1	C.C..CA..GC			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		
S. affine AY171298.1									
S. akhursti DQ375757.2	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTT		
S. apuliae HQ416968.1	C.C...C...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. arasbaranense FJ860039.1	C.C.GCAAG.C.AC..G		AC.T	AGCATAA.					
S. arenarium AY230160.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. ashiunense DQ354694.1	C.C...CA..		CTG.CCC		G.A.....	AAAGAAACA	AGCATTGT		
S. asiaticum AY230184.1	C.C...CA..GC			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. australe FJ235125.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAAC				
S. backanense AY487918.1									
S. beddingi AY603397.1	C.C...CA..GC			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		
S. bicornutum AY171279.1									
S. boemarei FJ152414.1									
S. brazilense FJ410325.1	C.C...CA..GC			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAAAAGGGC	
S. cameroonense JX985267.1									
S. carpocapsae FJ860033.1	...G..CA								
S. ceratophorum AY230165.1	...C...A			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. changbaiense JN865168.1	C.C...CA			G.A.....	AA				
S. cholashanense EF431959.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGATGAAA	
S. citrae FJ235074.1	C.C...CA			G.A.....	A.CTAGGA	TTCCCTATAA			
S. costaricensis AY171276.1	C								
S. cubanum AY230166.1	C.C...CA...C		M	G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGMAA	
S. cumgarensis AY487920.1									
S. diaprepesi AF122021.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		
S. eapokense AY487921.1									
S. ethiopiense JN651413.1	C.C...CA..GC								
S. feltiae DQ310469.1	C.C...CA			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		
S. glaseri AY171288.1									
S. guangdongense AY170341.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		
S. hebeiense DQ105794.1									
S. hermaphroditum JQ687355.1									
S. huense KF857581.1	...G..CA			G.A.....					
S. ichnusae EU421129.1	C.C...CA								
S. innovationi KJ578793.1	C.C...CA...C			G...AGC	GA.GAAAA				
S. intermedium AY171290.1									
S. jeffreyense KC897093.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. jollieti AY171265.1	C								
S. kariii AY230173.1	C.C...CA..GC			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. khoisanae DQ314287.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		
S. kraussei AY171264.1	C								
S. kushidai AB243440.1	C.C...CA			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. lamjungense HM000101.1	C								
S. leizhouense AY170340.1	C.C...CA..GC			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		
S. litorale AB243441.1	C.C...CA			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. loci GQ497740.1	C.C...CA..GC			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGATGAAA	
S. longicaudum AY230177.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTTCCCTTAGT	TACGGCGAGTGAAA	
S. minutum GU647156.1	...G..CA			G.A.....	AAAGAAACT	TAA			
S. monticolum AF122017.1	C.C...CA			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		
S. neocurtillae AF122018.1	C.C...CA...C			G.A.....	AAAGAAACT	TAAGTAGG	ATTT		

S. nepalense HQ190044.1	...G..CA.....
S. nyetense JX985266.1	-----
S. oregonense AF122019.1	C.C...CA...C.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTT
S. pakistanense AY230181.1	..G.G.CA.....T.....G.A...A...AAAGAACTAACGAGGATTCCTTAGTAAACGGCGAGTGAAA
S. phyllophagae FJ410327.1	C.C...CA...C.....T.....G.A.....AAAGAACTAACTATGATTT
S. poinari KF145173.1	C.C...CA..GC.....G.A.....AAAGAACTAACTA
S. pui GU395618.1	C.C...CA...C.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTT
S. rarum DQ221116.1	C.C...CA..GC.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTT
S. riobrave DQ835613.1	...G.A.A.....T.....G.A...A...AAAGAACTAACTAGGATTT
S. robustispiculum AY355442.1	-----
S. sacchari KC633095.1	C.C...CA...C.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTTCCCTTAGTAAACGGCGAGTGAAA
S. sangi AY355441.1	-----
S. sasonense AY487919.1	-----
S. scapterisci AY230183.1	...G..CA.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTTCCCTTAGTAAACGGCGAGTGAAA
S. scarabaei FJ263673.1	C.C...CA.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTTCCCTTAGTAAACGGCGAGTGAAA
S. schliemanni HM778112.1	C.C...CA.....G.A.....AAAGAACT
S. sichuanense DQ884965.1	C.C...CA..GC.....A
S. silvaticum AY171255.1	C.
S. surkhetense HQ190042.1	...G..CA.....
S. tami AY171280.1	-----
S. texanum EF152568.1	CCA..ACA.A.A.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTT
S. thanhi AY355444.1	-----
S. thesami AY171291.1	-----
S. tielingense GU994201.1	C.C...CA...C.....
S. tophus KJ701241.1	C.C...CA..
S. unicornum GQ497167.1	C.C...CA.....G.A.....AAAGAACT
S. vulcanicum GU929442.1	-----
S. weiseri KJ696685.1	C.C...CA.....GCTGACT
S. xinbinense	C.C...CA...C.....G.A.....AA
S. xueshanense FJ666052.1	C.....CA.A.A...CG.....A...AACC
S. yirgalemense AY748450.1CA..G.....A.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTT
C. elegans X03680.1	C.C.GTC.T.....AAAGAACTAAAAAGGATTCCTTAGTAAACGGCGAGTGAAACGGGAA
C. latens JN636079.1	C.C.GTC.T.....AAAGAACTAAAAAGGATTCCTTAGTAAACGGCGAGTGAAACGGGAA
C. nigoni JN636060.1	C.C.GTC.T.....AAAGAACTAAAAAGGATTCCTTAGTAAACGGCGAGTGAAACGGGAT
TP-SEL6	C.C...CA.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTTCTTAC
TP-SEL1 Consensus Steinernema	C.C...CA.....G.A.....AAAGAACTAACTAGGATTCCTA
CL-BG2 Steinernema sp.	C.C...CA.....G.A.....

(11). Allineamento multiplo del locus ITS di 18 isolati siciliani di *Steinernema feltiae*, 25 isolati esteri, 3 *Steinernema* sp. siciliani e tre isolati di *S. ichnusae*, *S. litorale* e *S. weiseri*



	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200
S. feltiae CT-BP8	TGGACATTTTGGTA	CTCCCTAGT	CGAGTAACT	AGATTAAAGAAGT	CTGTTATGACT	CGCGTTCTT	AAAAAA	CTTCAATTAAC	GTTTGATCA	ATTTG
S. feltiae CT-EPL6	-
S. feltiae CT-EPV12	-
S. feltiae CT-MSP16	R.....	C.....	-
S. feltiae CT-MSP17	-
S. feltiae CT-PR10	-
S. feltiae CT-VPS7	-
S. feltiae PA-FIC7	-
S. feltiae PA-FIC8	R.....	-
S. feltiae PA-FIC9	-
S. feltiae PA-FIC10	R.....	M.....	-
S. feltiae SR-SP7	Y.....	-
S. feltiae SR-SP8	G.....	C.....	-
S. feltiae TP-BC9	G.....	C.....	-
S. feltiae TP-LP10	G.....	C.....	-
S. feltiae ME-MAL5	G.....	C.....	-
S. feltiae SR-SSR10	G.....	C.....	-
S. feltiae Switzerland AY17124	-
S. feltiae Indonesia AY230185.	GG.....	G.....	C.....	-
S. feltiae Poland MK294320.1	GG.....	G.....	C.....	-
S. feltiae USA AF121050.2	GG.....	G.....	C.....	-
S. feltiae China AY170336.1	GG.....	G.....	C.....	-
S. feltiae Czech Republic KM01	GG.....	G.....	C.....	-
S. feltiae UK AY230169.1	GG.....	G.....	C.....	-	R.....
S. feltiae Finland KM016371.1	GG.....	G.....	C.....	-
S. feltiae Jordan EU200355.1	GG.....	G.....	C.....	-	R.....
S. feltiae Japan AY230178.1	GA.....	T.....	G.....	T.....	-
S. feltiae Canada DQ310470.1	GG.....	G.....	C.....	-
S. feltiae Turkey MN861044.1	GG.....	G.....	C.....	-
S. feltiae Russia KT809344.1	GA.....	T.....	G.....	-
S. feltiae South Korea MN09339	GG.....	T.....	G.....	C.....	-
Steinernema sp. TP-SEL1	GA.....	T.....	G.....	A.....	-	A.....
Steinernema sp. TP-SEL6	GA.....	T.....	G.....	A.....	-	A.....
Steinernema sp. CL-BG2	GA.....	T.....	G.....	C.....	A.....	-
S. ichnusae EU421129.1	GA.....	T.T.....	-
S. litorale OP415628.1	GA.....	T.....	G.....	A.....	-
S. weiseri LR745522.1	GA.....	T.....	G.....	-

	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
S. feltiae CT-BP8	ACTGCACCAGCCGTAGG	TGTACTTAAAGATTATCAAGTCTTGT	CGGTGGATCACTCGGTCGTAGTTCGATGAAAAACGGGGCAAAAACC	GTTATTTG						
S. feltiae CT-EPL6
S. feltiae CT-EPV12
S. feltiae CT-MSP16
S. feltiae CT-MSP17
S. feltiae CT-PR10
S. feltiae CT-VPS7
S. feltiae PA-FIC7
S. feltiae PA-FIC8
S. feltiae PA-FIC9
S. feltiae PA-FIC10
S. feltiae SR-SP7
S. feltiae SR-SP8
S. feltiae TP-BC9
S. feltiae TP-LP10
S. feltiae ME-MAL5
S. feltiae SR-SSR10
S. feltiae Switzerland AY17124
S. feltiae Indonesia AY230185.	R
S. feltiae Poland MK294320.1
S. feltiae USA AF121050.2
S. feltiae China AY170336.1	C
S. feltiae Czech Republic KM01
S. feltiae UK AY230169.1	R
S. feltiae Finland KM016371.1	T
S. feltiae Jordan EU200355.1	R
S. feltiae Japan AY230178.1
S. feltiae Canada DQ310470.1
S. feltiae Turkey MN861044.1
S. feltiae Russia KT809344.1
S. feltiae South Korea MN09339	G
Steinernema sp. TP-SEL1	G	R
Steinernema sp. TP-SEL6	G
Steinernema sp. CL-BG2	G
S. ichnusae EU421129.1	G
S. litorale OP415628.1	G
S. weiseri LR745522.1	G

	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500
S. feltiae CT-BP8	AACCTGCAGTCTGCTGTGACTGTTTTTTCGATTAGTTATTG	-ATTTTTTATTGAGTACCTTTTTGGAATGTGAATT	-T	-GATTGCTAATTCGTTT						
S. feltiae CT-EPL6										
S. feltiae CT-EPV12										
S. feltiae CT-MSP16										
S. feltiae CT-MSP17										
S. feltiae CT-PR10										
S. feltiae CT-VPS7										
S. feltiae PA-FIC7										
S. feltiae PA-FIC8										
S. feltiae PA-FIC9										
S. feltiae PA-FIC10										
S. feltiae SR-SP7										
S. feltiae SR-SP8										
S. feltiae TP-BC9										
S. feltiae TP-LP10										
S. feltiae ME-MAL5										
S. feltiae SR-SSR10										
S. feltiae Switzerland AY17124					GW		A			
S. feltiae Indonesia AY230185.					-G		C			
S. feltiae Poland MK294320.1					-G		C			
S. feltiae USA AF121050.2					-G		C			
S. feltiae China AY170336.1					-G		C			
S. feltiae Czech Republic KM01					-G		C			
S. feltiae UK AY230169.1		Y	Y	Y	-G		CK			
S. feltiae Finland KM016371.1					-G		C			
S. feltiae Jordan EU200355.1		Y	Y	Y	-G		CK			
S. feltiae Japan AY230178.1					GT		C			
S. feltiae Canada DQ310470.1					-G		C			
S. feltiae Turkey MN861044.1					-G		C			
S. feltiae Russia KT809344.1					GT		C			
S. feltiae South Korea MN09339					-G		C			
Steinernema sp. TP-SEL1						A	G	A	T	TC
Steinernema sp. TP-SEL6						A	G	A	T	TC
Steinernema sp. CL-BG2						A	G	A	T	TC
S. ichnusae EU421129.1						C	C	G	T	TC
S. litorale OP415628.1						A	C	A	A	TT
S. weiseri LR745522.1						C	C	A	TG	GA

	510	520	530	540	550	560	570	580	590	600
S. feltiae CT-BP8	CCTAATCGAAACGAGCTATTTTTTATTTCTGTGCAATGTATTTTTGGTGTTCGGCGTTTTTCTTGCCGACTGATTGGTACAAACTTAA									CAGTTCGTA
S. feltiae CT-EPL6	---
S. feltiae CT-EPV12	---
S. feltiae CT-MSP16	---
S. feltiae CT-MSP17	---
S. feltiae CT-PR10	---
S. feltiae CT-VPS7	---
S. feltiae PA-FIC7	---
S. feltiae PA-FIC8	---
S. feltiae PA-FIC9	---
S. feltiae PA-FIC10	---
S. feltiae SR-SP7	---
S. feltiae SR-SP8	---
S. feltiae TP-BC9	---
S. feltiae TP-LP10	---
S. feltiae ME-MAL5	---
S. feltiae SR-SSR10	---
S. feltiae Switzerland AY17124	G	---
S. feltiae Indonesia AY230185	---
S. feltiae Poland MK294320.1	---
S. feltiae USA AF121050.2	---
S. feltiae China AY170336.1	---
S. feltiae Czech Republic KM01	---
S. feltiae UK AY230169.1	Y	W	WY
S. feltiae Finland KM016371.1	---
S. feltiae Jordan EU200355.1	Y	W	WY
S. feltiae Japan AY230178.1	---
S. feltiae Canada DQ310470.1	---
S. feltiae Turkey MN861044.1	---
S. feltiae Russia KT809344.1	---
S. feltiae South Korea MN09339	---
Steinernema sp. TP-SEL1	T	T G G
Steinernema sp. TP-SEL6	T	T G G
Steinernema sp. CL-BG2	G	T	GG GA G G
S. ichnusae EU421129.1	T	T G G
S. litorale OP415628.1	T	T C AT
S. weiseri LR745522.1	A	T	CG GT AT

	610	620	630	640	650	660	670	680
S. feltiae CT-BP8	TATTTTTCAGAA	TTTTTCAGAGGCC	TTACAATACAT	CACTTGACACA	CAACACGATTC	CGTTTGTTCG	GAGGAATTGCG	CAAGAAAGAACT
S. feltiae CT-EPL6
S. feltiae CT-EPV12
S. feltiae CT-MSP16
S. feltiae CT-MSP17
S. feltiae CT-PR10
S. feltiae CT-VPS7
S. feltiae PA-FIC7
S. feltiae PA-FIC8
S. feltiae PA-FIC9
S. feltiae PA-FIC10
S. feltiae SR-SP7
S. feltiae SR-SP8
S. feltiae TP-BC9
S. feltiae TP-LP10
S. feltiae ME-MAL5
S. feltiae SR-SSR10
S. feltiae Switzerland AY17124	TA.
S. feltiae Indonesia AY230185.	TA.
S. feltiae Poland MK294320.1	TA.
S. feltiae USA AF121050.2	TA.
S. feltiae China AY170336.1	TA.
S. feltiae Czech Republic KM01	TA.
S. feltiae UK AY230169.1	TA.
S. feltiae Finland KM016371.1	TA.
S. feltiae Jordan EU200355.1	TA.
S. feltiae Japan AY230178.1	A.
S. feltiae Canada DQ310470.1	TA.
S. feltiae Turkey MN861044.1	TA.
S. feltiae Russia KT809344.1	TA.
S. feltiae South Korea MN09339	TA.
Steinernema sp. TP-SEL1	GA.	G.
Steinernema sp. TP-SEL6	GA.	G.
Steinernema sp. CL-BG2	C.	G.
S. ichnusae EU421129.1	A-TCGA-	C.	G.	T
S. litorale OP415628.1	A.TAA-	A.G.	C.A.	C.G.
S. weiseri LR745522.1	A.G-	C.	AGG.	T.A.C.

(12). Allineamento multiplo del locus ITS di *S. apuliae* TP-SEL4, alcune specie appartenenti al *Glaseri* group e *C. elegans* come outgroup

```

      10      20      30      40      50      60      70      80      90      100
      |.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
S. apuliae HQ416968.1  TTGAGCTTA---ACACCACGT---TTTTTCATCGTGCGTAAAATGATCGTTGTTCCGG---AACGGCAACAGGTTCGATGTTTCT---AAGTGTCCG
S. apuliae TP-SEL4 OR759013  .....C.....T.....T..G.T.....C.....A.....T.....
S. arenarium AY230160.1  .....C.....T.....GT..TTTAC.C.....AC.....CT.....A
S. boemarei FJ152414.1  .....C.....CTCT..A.ACG.GT..TA.T.T...AAG...G..A GCT..TG..T.CT.TA.....G.....AT
S. phyllophagae FJ410327.1  .....C.....CTCT..A.ACATGT.A.T...TG.A..AC.....G GCACT.TC.....G.....T
S. cubanum AY230166.1  .....C.....CTCT..A.ACATGT.A.TA.T.TG...AC.....G GCACT.TC.....G.....
S. glaseri AY171288.1  .....C.....T.....TCG..GT...TTA..CGT.ACCTA.C.....A..CT..C.C.....
S. diaprepesi AF122021.1  .....TTCAT...TCA...A.G...GTGA AC.....G..A.G CT..ATTC.....G.C...
S. australe FJ235125.1  .....TTCCT.TCACGTTTCA..A.GA..ATGA.G...ATTA..A.....A.G CT..TT.....G.C..ATT
S. brazilense FJ410325.1  .....C.....TT.A...A.T...CG..TG.GTC.....C.....
S. vulcanicum MF491477.1  .....C.....TT.A...A.T...CG..TG.GTC.....C.....
C. elegans X03680.1 outgroup  CC.T..C.CTGTGCC.GTG.TA.CCACAAACC.T.AGA...TCG.CTG.C.TCAC.G..A.TTG.GT.T.G.A.T...A.C..C.AGTTG.GA..C.A.

```

```

      110      120      130      140      150      160      170      180      190      200
      |.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
S. apuliae HQ416968.1  T-TT-CGTTCGCT-AACGGCT-CTGA-ATGGTTCTGTAGGTG-TCTGGAGCAGTT---GTATGAGCGTGACTGTG-GTGAAGGACATTTGA
S. apuliae TP-SEL4 OR759013  ...TC...A..CA.....T.....A.....C.....G.....
S. arenarium AY230160.1  CA..TC..AA..AAC.....A.....C.....G.....
S. boemarei FJ152414.1  G-AC...A.CAAC.....T.....A.....C.....G.....
S. phyllophagae FJ410327.1  G-AC...TCGAC.....T.....A.....C.....G.....
S. cubanum AY230166.1  G-AC...TCGAC.....T.....A.....C.....G.....
S. glaseri AY171288.1  -A.TC...A..-TC.....A.....C.....G.....A.....A.
S. diaprepesi AF122021.1  -A.TC...A..A-TC.....A.....C.....G.....A.....A.
S. australe FJ235125.1  GCA.TC...A..AT-TC.....A.....C.....T.....G.....
S. brazilense FJ410325.1  ...C.....A..CG.....T.....A.....C.....G.....
S. vulcanicum MF491477.1  AACAACT.GCAAGAGT.GT.A..GT.C..CCC...AACG..GCA..TAT..CAA.A.TAC.TTTGT..CA.G..T.A.TGA..A...AAGTG...C
C. elegans X03680.1 outgroup

```

```

      210      220      230      240      250      260      270      280      290      300
      |.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
S. apuliae HQ416968.1  CAT---CATTCCACT-CTG-GAATG---GGTGAGAATT---AAAGA
S. apuliae TP-SEL4 OR759013  ...TGTC---TG.CG...AT...AY.A.....T...
S. arenarium AY230160.1  ...CG---C.GGT.CATC.CT.GC..GC.....
S. boemarei FJ152414.1  ...C---GTCATTC..ACG AT.A.....G...
S. phyllophagae FJ410327.1  Y..C---G.GTCT..ACGGA TGA.....G...
S. cubanum AY230166.1  ...C---G.GTCT..ACGC GT.A.....G...
S. glaseri AY171288.1  ...CCTATGCCAGACGT---TAG.TGTCTCT..C..TT..GT.A.....
S. diaprepesi AF122021.1  ...CGCGTACCGGACGT---GCAA-GTCTCT..T..TC..GT.A.....
S. australe FJ235125.1

```

```

S. brazilense FJ410325.1   ...C-----CTAT..-ATG..-GT.T-----
S. vulcanicum MF491477.1  ...TGCG-----CS...TG...-CGG...-AC.A.....
C. elegans X03680.1 outgroup TG.TCTGCAGTAGACGTTGTTTCACGAGTCGTCTCAACACAACCG.TA.GTGTCTC...GT.GC.ATATGC.TCT..GC..CTTCTTCTTTGGGAG.G..

          310      320      330      340      350      360      370      380      390      400
S. apuliae HQ416968.1    GGTCACTCGGAGAC-----CCGCCGTTCA-----CAAACCTA-----CCATTAACATTT-----TTAACATGAATCAAACAAGCTTTCGAG
S. apuliae TP-SEL4 OR759013 .....G.
S. arenarium AY230160.1 .....C...ACG...T.T.GCA...
S. boemarei FJ152414.1 .....TTGCAA...A.C.TTT...AAA...CA
S. phyllophagae FJ410327.1 .....C-----A.....A.....TTTCAT-T.G.T.A-AGC---A
S. cubanum AY230166.1 .....C-----A..C.....A.....CACAT-.G.C..GTATCAGTTGA
S. glaseri AY171288.1 .....C-----A..C.....A.....CACACG..G.C.AGCATC-GTTGA
S. diaprepesi AF122021.1 .....A.....A.....CCATACT.AGCTC..TATG.ATTTA
S. australe FJ235125.1 .....T.....A.....TTT-C.T....ACGC.A.ATTTA
S. brazilense FJ410325.1 .....A.....A-----A-----A...A.AC.TAGC.TAT.TA.AA.TCA
S. vulcanicum MF491477.1 .....C.....G.....TT.AAC..TTTG.....CCAT..
C. elegans X03680.1 outgroup A..T...T.AC..TAGTCTTGATGAT..TG...GGTTTCGGC.G.G..A.GGCG...AA...CA.AAGCACC.TTTCAT.T.TG..TC..TACA.TGA

          410      420      430      440      450      460      470      480      490      500
S. apuliae HQ416968.1    CTA-----GACT--TTGACT-----AACTGTTATCAAGTCTT--ATC-----GGTGGATCACTCGGTTTCGTAGTTCCG
S. apuliae TP-SEL4 OR759013 .....T.....
S. arenarium AY230160.1 .....ACTTTGGT.C.-G...TATA-----A.....
S. boemarei FJ152414.1 .....T.CACGCGTTTG.AAG...TATA-----T.....
S. phyllophagae FJ410327.1 .....TAT-----GCTTTAGA-----C.....
S. cubanum AY230166.1 .....TGC-----G...TTA-----C.....
S. glaseri AY171288.1 .....TGC-----G...TTATA-----C.....
S. diaprepesi AF122021.1 .....TGG-----GCGAATA-----C..TGT.ATC.....C
S. australe FJ235125.1 .....-..-----GACGA.TT-----T.....
S. brazilense FJ410325.1 .....A...-----A.ATA.TC-----A..ACA...C.....
S. vulcanicum MF491477.1 .....A.TGTGGT.C.G-G...TA-----A.....
C. elegans X03680.1 outgroup T.GCCAAAA.T..TCAC.GACATGCGGTG.TT...G.TG..AT..GC...TCGATAATACGTACTAGCTTCAGC.A.....GG.T.CA...AGTA...

          510      520      530      540      550      560      570      580      590      600
S. apuliae HQ416968.1    ATGAAAAACGGGGCAAAAAACCGTTATTTGGCGTGAATTGCAGACATATTGAACGCTAAAATTTTGAACGCAAAATGGCACTATCAGGTTTATATCTGTTAG
S. apuliae TP-SEL4 OR759013 .....
S. arenarium AY230160.1 .....A...
S. boemarei FJ152414.1 .....A...
S. phyllophagae FJ410327.1 .....A...
S. cubanum AY230166.1 .....A...
S. glaseri AY171288.1 .....A...
S. diaprepesi AF122021.1 .....A...
S. australe FJ235125.1 .....A...
S. brazilense FJ410325.1 .....C.....G.....A...
S. vulcanicum MF491477.1 .....A...
C. elegans X03680.1 outgroup .....G...CA..TTGCTG...C..AC.AC.....GCT.A..GT.G.G...C.....-A...C.A.T..GC--CTC.A...G.

```


	910	920	930	940	950	960	970	980	990	1000
S. apuliae HQ416968.1	TGTTTCTGGAAGTTAGTG	GC	CACGTG	CGTTGACTGTATAG	TCATCG	TG	ACGCAACTGGAACGT	GTTGATTTT	CGATGTT	
S. apuliae TP-SEL4 OR759013G.....	
S. arenarium AY230160.1	C.....T.....AGTA..TGT..C.....C.G..GG..	C..G.....AC-AACAT.....T.....	
S. boemarei FJ152414.1	..C.....T.....CATATAGT	TCGACATG	CGACTGCCT.G.GA..	C..G.....ACCAG.TCA...T.....	
S. phyllophagae FJ410327.1T.G.A.CT..CC	T.T..TT..AGCTT	CG.T..GG.A	C.CT..G.....T..TA..	
S. cubanum AY230166.1	A.C...TA...C...TTGT.AG	A.A.C.TT.AGCTT	CG.T..GG..	C.CA..T.G.....T..CG..G..	
S. glaseri AY171288.1	A.C...T...C...TTGC.AG	A.A.C.TTT.AGCCTG	CG.T..GG..	C.CG..T.G.....T..CG..G..	
S. diaprepesi AF122021.1	A.C...T...CG.CTGCCA	A..TT..ACCTT..CGGG	TGA	C..A.....T..C.CGA..	
S. australe FJ235125.1	A.C...T...C...GCCAA	TT...TTA...CTGC...GG.C.T.A.A	C..G...T...A...T..A...	
S. brazilense FJ410325.1	A.C...T...CG.CAGCCA	T...TT--C.AC...AG--TGG..	C..A...T.....A--A..	
S. vulcanicum MF491477.1	C.....T.....ATG.....C.G..GA..	C..G.....AC-AACAT.....	
C. elegans X03680.1 outgroup	.CC..TC.A.TAC.G.GATTTC.TCTAGT.T...	TGT..GTTGATATCGAA.T.ATTTTCGAT..ATG..GCG..AG.A.AGAGACGG.G--.TGTC.								

S. apuliae HQ416968.1 TTCGAATT
S. apuliae TP-SEL4 OR759013
S. arenarium AY230160.1
S. boemarei FJ152414.1A
S. phyllophagae FJ410327.1G
S. cubanum AY230166.1G
S. glaseri AY171288.1G
S. diaprepesi AF122021.1
S. australe FJ235125.1
S. brazilense FJ410325.1
S. vulcanicum MF491477.1
C. elegans X03680.1 outgroup	.G.T...C

ANALISI STATISTICHE

Analisi statistica delle Distanze Evolutive Medie in *S. feltiae*

ANOVA: Single Factor

DESCRIPTION	Alpha 0,05								
<i>Group</i>	<i>Count</i>	<i>Sum</i>	<i>Mean</i>	<i>Variance</i>	<i>SS</i>	<i>Std Err</i>	<i>Lower</i>	<i>Upper</i>	
SICILIA	153	0,169741	0,001109	1,8E-06	0,000274	0,000503	0,000123	0,002096	
NCBI	300	3,030469	0,010102	5,72E-05	0,017101	0,000359	0,009397	0,010806	
TOT	903	8,700372	0,009635	3,88E-05	0,034969	0,000207	0,009229	0,010041	

ANOVA

<i>Sources</i>	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>	<i>P value</i>	<i>Eta-sq</i>	<i>RMSSE</i>	<i>Omega Sq</i>
Between Groups	0,010186	2	0,005093	131,6473	5,74E-53	0,1629	0,813885	0,161563
Within Groups	0,052344	1353	3,87E-05					
Total	0,06253	1355	4,61E-05					

TUKEY HSD/KRAMER alpha 0,05

<i>group</i>	<i>mean</i>	<i>n</i>	<i>ss</i>	<i>df</i>	<i>q-crit</i>
SICILIA	0,001109	153	0,000274		
NCBI	0,010102	300	0,017101		
TOT	0,009635	903	0,034969		
		1356	0,052344	1353	3,314

Q TEST

<i>group 1</i>	<i>group 2</i>	<i>mean</i>	<i>std err</i>	<i>q-stat</i>	<i>lower</i>	<i>upper</i>	<i>p-value</i>	<i>mean-crit</i>	<i>Cohen d</i>
SICILIA	NCBI	0,008992	0,000437	20,58025	0,007544	0,01044	-4,62519E-13	0,001448	1,445701
SICILIA	TOT	0,008526	0,000385	22,17226	0,007251	0,0098	-4,62519E-13	0,001274	1,370684
NCBI	TOT	0,000467	0,000293	1,592015	-0,000505	0,001438	0,498339465	0,000971	0,075017

N.B.: Evidenziate in grigio le differenze statistiche

Analisi statistica delle Distanze Evolutive Medie in *S. kraussei*

ANOVA: Single Factor

DESCRIPTION	Alpha		0,05					
<i>Group</i>	<i>Count</i>	<i>Sum</i>	<i>Mean</i>	<i>Variance</i>	<i>SS</i>	<i>Std Err</i>	<i>Lower</i>	<i>Upper</i>
Sicilia	10	0,024227	0,002423	4,16E-06	3,74E-05	0,003781	-0,00501	0,009855
NCBI	154	2,627929	0,017064	0,000152	0,023223	0,000963	0,015171	0,018958
Totale	253	3,529373	0,01395	0,000143	0,035919	0,000752	0,012473	0,015428

ANOVA

<i>Sources</i>	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>	<i>P value</i>	<i>Eta-sq</i>	<i>RMSSE</i>	<i>Omega Sq</i>
Between Groups	0,00250418	2	0,001252	8,759304	0,000188	0,040598	0,645137	0,03588
Within Groups	0,059178818	414	0,000143					
Total	0,061682998	416	0,000148					

TUKEY HSD/KRAMER

<i>group</i>	<i>mean</i>	<i>n</i>	<i>ss</i>	<i>df</i>	<i>q-crit</i>
Sicilia	0,002422705	10	3,74E-05		
NCBI	0,017064475	154	0,023223		
Totale	0,01395009	253	0,035919		
		417	0,059179	414	3,326174

Q TEST

<i>group 1</i>	<i>group 2</i>	<i>mean</i>	<i>std err</i>	<i>q-stat</i>	<i>lower</i>	<i>upper</i>	<i>p-value</i>	<i>mean-crit</i>	<i>Cohen d</i>
Sicilia	NCBI	0,014642	0,002759	5,307183	0,005465	0,023818	0,000585	0,009176	1,224646
Sicilia	Totale	0,011527	0,002726	4,229074	0,002461	0,020594	0,008285	0,009066	0,964157
NCBI	Totale	0,003114	0,000864	3,604356	0,00024	0,005988	0,029992	0,002874	0,260489

N.B.: Evidenziate in grigio le differenze statistiche

Analisi statistica delle Distanze Evolutive Medie in *H. bacteriophora*

ANOVA: Single Factor

DESCRIPTION		Alpha 0,05							
<i>Group</i>	<i>Count</i>	<i>Sum</i>	<i>Mean</i>	<i>Variance</i>	<i>SS</i>	<i>Std Err</i>	<i>Lower</i>	<i>Upper</i>	
SICILIA	10	0,036348	0,003635	5,19E-06	4,67E-05	0,001173	0,001329	0,00594	
NCBI	190	0,649487	0,003418	1,49E-05	0,00282	0,000269	0,002889	0,003947	
TOT	295	1,044472	0,003541	1,33E-05	0,003908	0,000216	0,003116	0,003965	

ANOVA

<i>Sources</i>	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>	<i>P value</i>	<i>Eta-sq</i>	<i>RMSSE</i>	<i>Omega Sq</i>
Between Groups	1,92E-06	2	9,62E-07	0,069884	0,932512	0,000284	0,029251	-0,00377
Within Groups	0,006775	492	1,38E-05					
Total	0,006776	494	1,37E-05					

Analisi statistica delle Distanze Evolutive Medie tra *Steinernema* sp. Sicilia, *S. feltiae* Sicilia, *S. feltiae* NCBI, *S. ichnusae*, *S. litorale*, *S. weiseri*

ANOVA: Single Factor

DESCRIPTION	Alpha 0,05								
	Group	Count	Sum	Mean	Variance	SS	Std Err	Lower	Upper
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> Sicilia		54	2,342462	0,043379	2,04E-05	0,001083	0,000683	0,042029	0,044729
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> NCBI		76	3,543432	0,046624	2,75E-05	0,00206	0,000576	0,045486	0,047762
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. ichnusae</i>		3	0,092308	0,030769	2,98E-05	5,96E-05	0,002897	0,02504	0,036499
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. litorale</i>		3	0,155987	0,051996	4,29E-05	8,59E-05	0,002897	0,046266	0,057725
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. weiseri</i>		3	0,142097	0,047366	4,25E-05	8,49E-05	0,002897	0,041636	0,053095

ANOVA

Sources	SS	df	MS	F	P value	Eta-sq	RMSSE	Omega Sq
Between Groups	0,00111	4	0,000278	11,02558	9,26E-08	0,247624	1,599345	0,223907
Within Groups	0,003373	134	2,52E-05					
Total	0,004484	138	3,25E-05					

TUKEY HSD/KRAMER

group	mean	n	alpha 0,05			
			ss	df	q-crit	
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> Sicilia	0,04337893	54	0,001083			
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> NCBI	0,046624112	76	0,00206			
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. ichnusae</i>	0,030769424	3	5,96E-05			
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. litorale</i>	0,051995661	3	8,59E-05			
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. weiseri</i>	0,047365665	3	8,49E-05			
		139	0,003373	134	3,910731	

Q TEST

group 1	group 2	mean	std err	q-stat	lower	upper	p-value	mean-crit	Cohen d
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> Sicilia	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> NCBI	0,003245	0,000631	5,139333	0,000776	0,005715	0,003584	0,002469	0,646785
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> Sicilia	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. ichnusae</i>	0,01261	0,002104	5,991753	0,004379	0,02084	0,000398	0,00823	2,513153
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> Sicilia	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. litorale</i>	0,008617	0,002104	4,094477	0,000387	0,016847	0,035249	0,00823	1,717368
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> Sicilia	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. weiseri</i>	0,003987	0,002104	1,894407	-0,00424	0,012217	0,667075	0,00823	0,794581
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> NCBI	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. ichnusae</i>	0,015855	0,002088	7,591845	0,007688	0,024022	3,36E-06	0,008167	3,159937
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> NCBI	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. litorale</i>	0,005372	0,002088	2,572108	-0,0028	0,013539	0,367151	0,008167	1,070583
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. feltiae</i> NCBI	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. weiseri</i>	0,000742	0,002088	0,355085	-0,00743	0,008909	0,999113	0,008167	0,147796
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. ichnusae</i>	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. litorale</i>	0,021226	0,002897	7,327476	0,009898	0,032555	7,79E-06	0,011329	4,23052
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. ichnusae</i>	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. weiseri</i>	0,016596	0,002897	5,729162	0,005268	0,027925	0,000807	0,011329	3,307733
Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. litorale</i>	Steinernema sp. Sicilia vs <i>S. weiseri</i>	0,00463	0,002897	1,598314	-0,0067	0,015959	0,790297	0,011329	0,922787

N.B.: Evidenziate in grigio le differenze statistiche

Analisi statistica delle Prove di patogenicità su *Galleria mellonella*

ANOVA: Single Factor

DESCRIPTION	Alpha 0,05								
	Group	Count	Sum	Mean	Variance	SS	Std Err	Lower	Upper
BC9 25°C		6	42	7	5,2	26	0,393965	6,215985	7,784015
BC9 10°C		6	60	10	0	0	0,393965	9,215985	10,78402
BG2 25°C		6	51	8,5	1,1	5,5	0,393965	7,715985	9,284015
BG2 10°C		6	57	9,5	0,3	1,5	0,393965	8,715985	10,28402
EPL17 25°C		6	27	4,5	1,1	5,5	0,393965	3,715985	5,284015
EPL17 10°C		6	60	10	0	0	0,393965	9,215985	10,78402
FFG5H 25°C		6	60	10	0	0	0,393965	9,215985	10,78402
FFG5H 10°C		6	0	0	0	0	0,393965	-0,78402	0,784015
FIC8 25°C		6	45	7,5	1,9	9,5	0,393965	6,715985	8,284015
FIC8 10°C		6	39	6,5	4,3	21,5	0,393965	5,715985	7,284015
LP10 25°C		6	57	9,5	0,3	1,5	0,393965	8,715985	10,28402
LP10 10 °C		6	57	9,5	0,3	1,5	0,393965	8,715985	10,28402
LP12H 25°C		6	60	10	0	0	0,393965	9,215985	10,78402
LP12H 10°C		6	0	0	0	0	0,393965	-0,78402	0,784015
SEL6 25°C		6	54	9	0,4	2	0,393965	8,215985	9,784015
SEL6 10°C		6	60	10	0	0	0,393965	9,215985	10,78402

ANOVA

Sources	SS	df	MS	F	P value	Eta-sq	RMSSE	Omega Sq
Between Groups	1014,656	15	67,64375	72,63758	3,98E-40	0,931598	3,479406	0,917988
Within Groups	74,5	80	0,93125					
Total	1089,156	95	11,4648					

TUKEY HSD/KRAMER		alpha		0,05	
<i>group</i>	<i>mean</i>	<i>n</i>	<i>ss</i>	<i>df</i>	<i>q-crit</i>
BC9 25°C	7	6	26		
BC9 10°C	10	6	0		
BG2 25°C	8,5	6	5,5		
BG2 10°C	9,5	6	1,5		
EPL17 25°C	4,5	6	5,5		
EPL17 10°C	10	6	0		
FFG5H 25°C	10	6	0		
FFG5H 10°C	0	6	0		
FIC8 25°C	7,5	6	9,5		
FIC8 10°C	6,5	6	21,5		
LP10 25°C	9,5	6	1,5		
LP10 10 °C	9,5	6	1,5		
LP12H 25°C	10	6	0		
LP12H 10°C	0	6	0		
SEL6 25°C	9	6	2		
SEL6 10°C	10	6	0		
		96	74,5	80	5,003

Q TEST

<i>group 1</i>	<i>group 2</i>	<i>mean</i>	<i>std err</i>	<i>q-stat</i>	<i>lower</i>	<i>upper</i>	<i>p-value</i>	<i>mean-crit</i>	<i>Cohen d</i>
BC9 25°C	BC9 10°C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767
BC9 25°C	BG2 25°C	1,5	0,393965	3,807446	-0,47101	3,471006	0,354005141	1,971006	1,554383
BC9 25°C	BG2 10°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
BC9 25°C	EPL17 25°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
BC9 25°C	EPL17 10°C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767
BC9 25°C	FFG5H 25°C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767
BC9 25°C	FFG5H 10°C	7	0,393965	17,76808	5,028994	8,971006	-6,57252E-14	1,971006	7,253789
BC9 25°C	FIC8 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BC9 25°C	FIC8 10°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BC9 25°C	LP10 25°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
BC9 25°C	LP10 10 °C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
BC9 25°C	LP12H 25°C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767
BC9 25°C	LP12H 10°C	7	0,393965	17,76808	5,028994	8,971006	-6,57252E-14	1,971006	7,253789
BC9 25°C	SEL6 25°C	2	0,393965	5,076595	0,028994	3,971006	0,043111235	1,971006	2,072511
BC9 25°C	SEL6 10°C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767
BC9 10°C	BG2 25°C	1,5	0,393965	3,807446	-0,47101	3,471006	0,354005141	1,971006	1,554383
BC9 10°C	BG2 10°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BC9 10°C	EPL17 25°C	5,5	0,393965	13,96063	3,528994	7,471006	1,39999E-13	1,971006	5,699405
BC9 10°C	EPL17 10°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
BC9 10°C	FFG5H 25°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
BC9 10°C	FFG5H 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
BC9 10°C	FIC8 25°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
BC9 10°C	FIC8 10°C	3,5	0,393965	8,88404	1,528994	5,471006	1,89012E-06	1,971006	3,626894
BC9 10°C	LP10 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BC9 10°C	LP10 10 °C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BC9 10°C	LP12H 25°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
BC9 10°C	LP12H 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
BC9 10°C	SEL6 25°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
BC9 10°C	SEL6 10°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
BG2 25°C	BG2 10°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
BG2 25°C	EPL17 25°C	4	0,393965	10,15319	2,028994	5,971006	3,77484E-08	1,971006	4,145022
BG2 25°C	EPL17 10°C	1,5	0,393965	3,807446	-0,47101	3,471006	0,354005141	1,971006	1,554383
BG2 25°C	FFG5H 25°C	1,5	0,393965	3,807446	-0,47101	3,471006	0,354005141	1,971006	1,554383
BG2 25°C	FFG5H 10°C	8,5	0,393965	21,57553	6,528994	10,47101	-6,57252E-14	1,971006	8,808172
BG2 25°C	FIC8 25°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
BG2 25°C	FIC8 10°C	2	0,393965	5,076595	0,028994	3,971006	0,043111235	1,971006	2,072511
BG2 25°C	LP10 25°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
BG2 25°C	LP10 10 °C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
BG2 25°C	LP12H 25°C	1,5	0,393965	3,807446	-0,47101	3,471006	0,354005141	1,971006	1,554383
BG2 25°C	LP12H 10°C	8,5	0,393965	21,57553	6,528994	10,47101	-6,57252E-14	1,971006	8,808172
BG2 25°C	SEL6 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BG2 25°C	SEL6 10°C	1,5	0,393965	3,807446	-0,47101	3,471006	0,354005141	1,971006	1,554383
BG2 10°C	EPL17 25°C	5	0,393965	12,69149	3,028994	6,971006	1,17218E-11	1,971006	5,181278
BG2 10°C	EPL17 10°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BG2 10°C	FFG5H 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BG2 10°C	FFG5H 10°C	9,5	0,393965	24,11382	7,528994	11,47101	-6,57252E-14	1,971006	9,844427
BG2 10°C	FIC8 25°C	2	0,393965	5,076595	0,028994	3,971006	0,043111235	1,971006	2,072511
BG2 10°C	FIC8 10°C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767
BG2 10°C	LP10 25°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
BG2 10°C	LP10 10 °C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
BG2 10°C	LP12H 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BG2 10°C	LP12H 10°C	9,5	0,393965	24,11382	7,528994	11,47101	-6,57252E-14	1,971006	9,844427
BG2 10°C	SEL6 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
BG2 10°C	SEL6 10°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
EPL17 25°C	EPL17 10°C	5,5	0,393965	13,96063	3,528994	7,471006	1,39999E-13	1,971006	5,699405
EPL17 25°C	FFG5H 25°C	5,5	0,393965	13,96063	3,528994	7,471006	1,39999E-13	1,971006	5,699405
EPL17 25°C	FFG5H 10°C	4,5	0,393965	11,42234	2,528994	6,471006	6,80125E-10	1,971006	4,66315
EPL17 25°C	FIC8 25°C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767

EPL17 25°C	FIC8 10°C	2	0,393965	5,076595	0,028994	3,971006	0,043111235	1,971006	2,072511
EPL17 25°C	LP10 25°C	5	0,393965	12,69149	3,028994	6,971006	1,17218E-11	1,971006	5,181278
EPL17 25°C	LP10 10 °C	5	0,393965	12,69149	3,028994	6,971006	1,17218E-11	1,971006	5,181278
EPL17 25°C	LP12H 25°C	5,5	0,393965	13,96063	3,528994	7,471006	1,39999E-13	1,971006	5,699405
EPL17 25°C	LP12H 10°C	4,5	0,393965	11,42234	2,528994	6,471006	6,80125E-10	1,971006	4,66315
EPL17 25°C	SEL6 25°C	4,5	0,393965	11,42234	2,528994	6,471006	6,80125E-10	1,971006	4,66315
EPL17 25°C	SEL6 10°C	5,5	0,393965	13,96063	3,528994	7,471006	1,39999E-13	1,971006	5,699405
EPL17 10°C	FFG5H 25°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
EPL17 10°C	FFG5H 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
EPL17 10°C	FIC8 25°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
EPL17 10°C	FIC8 10°C	3,5	0,393965	8,88404	1,528994	5,471006	1,89012E-06	1,971006	3,626894
EPL17 10°C	LP10 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
EPL17 10°C	LP10 10 °C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
EPL17 10°C	LP12H 25°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
EPL17 10°C	LP12H 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
EPL17 10°C	SEL6 25°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
EPL17 10°C	SEL6 10°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
FFG5H 25°C	FFG5H 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
FFG5H 25°C	FIC8 25°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
FFG5H 25°C	FIC8 10°C	3,5	0,393965	8,88404	1,528994	5,471006	1,89012E-06	1,971006	3,626894
FFG5H 25°C	LP10 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
FFG5H 25°C	LP10 10 °C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
FFG5H 25°C	LP12H 25°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
FFG5H 25°C	LP12H 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
FFG5H 25°C	SEL6 25°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
FFG5H 25°C	SEL6 10°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
FFG5H 10°C	FIC8 25°C	7,5	0,393965	19,03723	5,528994	9,471006	-6,55032E-14	1,971006	7,771916
FFG5H 10°C	FIC8 10°C	6,5	0,393965	16,49893	4,528994	8,471006	-6,59472E-14	1,971006	6,735661
FFG5H 10°C	LP10 25°C	9,5	0,393965	24,11382	7,528994	11,47101	-6,57252E-14	1,971006	9,844427
FFG5H 10°C	LP10 10 °C	9,5	0,393965	24,11382	7,528994	11,47101	-6,57252E-14	1,971006	9,844427
FFG5H 10°C	LP12H 25°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
FFG5H 10°C	LP12H 10°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
FFG5H 10°C	SEL6 25°C	9	0,393965	22,84468	7,028994	10,97101	-6,57252E-14	1,971006	9,3263
FFG5H 10°C	SEL6 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
FIC8 25°C	FIC8 10°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
FIC8 25°C	LP10 25°C	2	0,393965	5,076595	0,028994	3,971006	0,043111235	1,971006	2,072511
FIC8 25°C	LP10 10 °C	2	0,393965	5,076595	0,028994	3,971006	0,043111235	1,971006	2,072511
FIC8 25°C	LP12H 25°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
FIC8 25°C	LP12H 10°C	7,5	0,393965	19,03723	5,528994	9,471006	-6,55032E-14	1,971006	7,771916
FIC8 25°C	SEL6 25°C	1,5	0,393965	3,807446	-0,47101	3,471006	0,354005141	1,971006	1,554383
FIC8 25°C	SEL6 10°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
FIC8 10°C	LP10 25°C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767
FIC8 10°C	LP10 10 °C	3	0,393965	7,614892	1,028994	4,971006	7,82046E-05	1,971006	3,108767
FIC8 10°C	LP12H 25°C	3,5	0,393965	8,88404	1,528994	5,471006	1,89012E-06	1,971006	3,626894
FIC8 10°C	LP12H 10°C	6,5	0,393965	16,49893	4,528994	8,471006	-6,59472E-14	1,971006	6,735661
FIC8 10°C	SEL6 25°C	2,5	0,393965	6,345743	0,528994	4,471006	0,002360609	1,971006	2,590639
FIC8 10°C	SEL6 10°C	3,5	0,393965	8,88404	1,528994	5,471006	1,89012E-06	1,971006	3,626894
LP10 25°C	LP10 10 °C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
LP10 25°C	LP12H 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
LP10 25°C	LP12H 10°C	9,5	0,393965	24,11382	7,528994	11,47101	-6,57252E-14	1,971006	9,844427
LP10 25°C	SEL6 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
LP10 25°C	SEL6 10°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
LP10 10 °C	LP12H 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
LP10 10 °C	LP12H 10°C	9,5	0,393965	24,11382	7,528994	11,47101	-6,57252E-14	1,971006	9,844427
LP10 10 °C	SEL6 25°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
LP10 10 °C	SEL6 10°C	0,5	0,393965	1,269149	-1,47101	2,471006	0,999927581	1,971006	0,518128
LP12H 25°C	LP12H 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
LP12H 25°C	SEL6 25°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256
LP12H 25°C	SEL6 10°C	0	0,393965	0	-1,97101	1,971006	1	1,971006	0
LP12H 10°C	SEL6 25°C	9	0,393965	22,84468	7,028994	10,97101	-6,57252E-14	1,971006	9,3263
LP12H 10°C	SEL6 10°C	10	0,393965	25,38297	8,028994	11,97101	-6,57252E-14	1,971006	10,36256
SEL6 25°C	SEL6 10°C	1	0,393965	2,538297	-0,97101	2,971006	0,910967244	1,971006	1,036256

Analisi statistica delle Prove di patogenicità per *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP

ANOVA: Single Factor

DESCRIPTION						Alpha	0,05		
<i>Group</i>	<i>Count</i>	<i>Sum</i>	<i>Mean</i>	<i>Variance</i>	<i>SS</i>	<i>Std Err</i>	<i>Lower</i>	<i>Upper</i>	
<i>S. apuliae</i> TP-SEL4	10	82	8,2	2,4	21,6	0,377859	7,406147	8,993853	
<i>S. feltiae</i> EPP	10	97	9,7	0,455556	4,1	0,377859	8,906147	10,49385	

ANOVA

<i>Sources</i>	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>	<i>P value</i>	<i>Eta-sq</i>	<i>RMSSE</i>	<i>Omega Sq</i>
Between Groups	11,25	1	11,25	7,879377	0,01166	0,304465	0,887659	0,255935
Within Groups	25,7	18	1,427778					
Total	36,95	19	1,944737					

Analisi statistica delle Prove di scavenging per *S. apuliae* TP-SEL4 e *S. feltiae* EPP

ANOVA: Single Factor

DESCRIPTION						Alpha	0,05		
<i>Group</i>	<i>Count</i>	<i>Sum</i>	<i>Mean</i>	<i>Variance</i>	<i>SS</i>	<i>Std Err</i>	<i>Lower</i>	<i>Upper</i>	
TP-SEL4 vs <i>G. mellonella</i>	10	89	8,9	1,655556	14,9	0,518545	7,848342	9,951658	
TP-SEL4 vs <i>T. molitor</i>	10	85	8,5	1,833333	16,5	0,518545	7,448342	9,551658	
EPP vs <i>G. mellonella</i>	10	79	7,9	2,766667	24,9	0,518545	6,848342	8,951658	
EPP vs <i>T. molitor</i>	10	75	7,5	4,5	40,5	0,518545	6,448342	8,551658	

ANOVA

<i>Sources</i>	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>	<i>P value</i>	<i>Eta-sq</i>	<i>RMSSE</i>	<i>Omega Sq</i>
Between Groups	11,6	3	3,866667	1,438017	0,247771	0,107011	0,379212	0,031806
Within Groups	96,8	36	2,688889					
Total	108,4	39	2,779487					