

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2022.02.004

新疆地区番茄潜叶蛾遗传多样性的 ISSR 分析

李爱梅¹, 付开赞², 丁新华², 何江², 吐尔逊·阿合买提², 冯宏祖^{1*}, 郭文超^{3*}

¹塔里木大学植物科学学院, 新疆阿拉尔 843300; ²新疆农业科学院植物保护研究所/农业农村部西北荒漠绿洲作物有害生物综合治理重点实验室, 新疆乌鲁木齐 830091; ³新疆农业科学院微生物应用研究所/新疆特殊环境微生物重点实验室, 新疆乌鲁木齐 830091

摘要:【目的】番茄潜叶蛾已成为世界性番茄的重要害虫,对番茄产业的发展造成了严重的威胁,研究其遗传多样性有利于揭示不同地理种群的遗传变异结构。【方法】采用 ISSR 分子标记技术分析了 20 个地理种群番茄潜叶蛾的遗传多样性和遗传结构特征。【结果】15 条引物扩增出 137 条 ISSR 条带,其中多态性条带占 96.35%,所有个体显示了各自独特的 ISSR 图谱。ISSR 的标记遗传多样性结果表明,20 个番茄潜叶蛾地理种群遗传距离大小范围为 0.0065~0.1623,遗传一致度范围为 0.8502~0.9935。种群变异来源分析表明,25.36%的遗传变异来自种群间,74.64%的变异来源于种群内部。UPGMA 系统发育分析结果表明,各地理种群的聚类与地理位置无较强的关联性。【结论】番茄潜叶蛾尚处在入侵早期阶段,且具备频繁入侵和多点的特征。防控上要注意加强检疫,阻绝多点入侵来源。

关键词: 番茄潜叶蛾; 遗传多样性; ISSR; 遗传分化; 地理种群



开放科学标识码
(OSID 码)

Inter-simple sequence repeat analysis of the genetic diversity of *Tuta absoluta* (Meyrick) in Xinjiang

LI Aimei¹, FU Kaiyun², DING Xinhua², HE Jiang², AHMAT · Tuerxun²,
FENG Hongzu^{1*}, GUO Wenchao^{3*}

¹College of Plant Science, Tarim University, Alar, Xinjiang 843300, China; ²Institute of Plant Protection, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Integrated Crop Pest Management in Northwestern Desert Oasis, Ministry of Agriculture, Urumqi, Xinjiang 830091, China; ³Institute of Microbiology Application, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences/Xinjiang Key Laboratory of Microbiology for Special Environments, Urumqi, Xinjiang 830091, China

Abstract: 【Aim】 *Tuta absoluta* is an important pest of tomatoes worldwide and seriously threatens the development of the tomato industry. Understanding its genetic diversity can reveal variations in the genetic structure of geographically different populations. 【Method】 Inter-simple sequence repeat (ISSR) molecular markers were used to analyze the genetic diversity and genetic structure characteristics of 20 geographical populations of *T. absoluta*. 【Result】 A total of 137 ISSR bands was amplified using 15 ISSR primers, among which 96.35% were polymorphic bands. All individuals showed unique ISSR patterns. Genetic diversity analysis of ISSR markers revealed that the genetic distance ranged from 0.0065 to 0.1623 in 20 geographical populations and genetic consistency ranged from 0.8502 to 0.9935. According to the analysis of the source of population variation, 25.36% of the genetic variation arose from among populations and 74.64% from within the population. In unweighted par group method with arithmetic mean phylogenetic analysis, the clustering of each geographic population had no strong correlation with geographic location. 【Conclusion】 Studies of *T. absoluta* invasion are still in early stages; however, and frequent invasions from different regions are commonly observed. Quarantine may be necessary to block further invasion events from different regions.

Key words: *Tuta absoluta*; genetic diversity; ISSR; genetic differentiation; geographic population

收稿日期 (Received): 2021-07-03 接受日期 (Accepted): 2021-09-05

基金项目: 自治区创新环境(人才、基地)建设专项(PT2028); 新疆农业科学院科技创新重点培育专项(xjkcpy-002)

作者简介: 李爱梅, 女, 硕士研究生。研究方向: 病虫害综合防治。E-mail: 1641140295@qq.com

* 通信作者 (Author for correspondence), 冯宏祖, E-mail: fhzzky@163.com; 郭文超, E-mail: gwc1966@163.com

南美番茄潜叶蛾 *Tuta absoluta* (Meyrick), 别名番茄潜叶蛾、番茄潜麦蛾、番茄麦蛾, 属鳞翅目 Lepidoptera 麦蛾科 Gelechiidae, 原产于南美洲的秘鲁, 是世界性的检疫入侵害虫(李栋等, 2019)。该虫的传播速度快, 截至 2021 年 2 月 11 日, 已入侵 105 个国家(南美洲 10 个、北美洲 3 个、欧洲 31 个、非洲 35 个、亚洲 26 个), 成为世界性番茄 *Solanum lycopersicum* L. 的重要害虫。在我国, 新疆伊犁、云南临沧、贵州、四川、广西、湖南及江西等地, 相继发现该虫危害(陆永跃, 2021)。在云南省弥渡县, 大棚里的番茄植株被害率高达 100%, 果实被害率达 19.33%, 最高可达 40%(尹艳琼等, 2021)。番茄潜叶蛾的寄主范围较广, 可危害包括茄科、豆科、锦葵科、苋科、旋花科、藜科、菊科、十字花科以及禾本科在内的近 40 种植物, 但主要危害茄科植物, 特别嗜食番茄(包括鲜食番茄、加工番茄和樱桃番茄/圣女果)(Campos *et al.*, 1976; Cisneros & Mujica, 1998; Pereyra & Sánchez, 2006)。番茄潜叶蛾幼虫潜入叶片并取食叶肉, 还会钻入果实内危害, 成虫喜在植株幼嫩的叶片上产卵, 但随着该植株的危害程度加剧, 产卵偏好有所减弱(阿米热·牙生江等, 2021)。番茄潜叶蛾具有很高的生物潜能, 对不同气候条件的适应性等方面存在差异(Vargas, 1970), 可能存在着更深层次的分化。但关于我国番茄潜叶蛾的种群分化以及遗传多样性的研究还未见报道。

近些年, 随着分子生物学技术、分子标记种类及其监测技术的不断发展, ISSR(简单重复序列区间 inter simple sequence repeat)分子标记方法由于操作简单、成本较低、耗时短等, 已成为物种遗传变异监测的重要方法之一(Campos *et al.*, 2017), 被广泛应用于鉴定种质资源、筛选稀有品种以及探索各种群遗传多样性等(Essadki *et al.*, 2006; Gupta *et al.*, 2008; Reddy *et al.*, 2002)。

番茄潜叶蛾是农业上的重要害虫, 该虫的入侵直接导致在一个生长季节内番茄地块杀虫剂的使用次数由 12 次突增到 30 次以上(张桂芬等, 2018; Gontijo *et al.*, 2013), 杀虫剂的过度使用, 导致该虫对多种杀虫剂产生了抗药性。研究发现, 杀虫剂的使用可引起昆虫遗传多样性及遗传分化(褚栋等, 2008)。新疆地区各地理种群的番茄潜叶蛾对不同类型的杀虫剂产生了抗药性, 因此, 对新疆地区不同地理种群的番茄潜叶蛾进行遗传多样性的研究

有利于了解不同区域的番茄潜叶蛾基因及遗传分化情况对不同地理种群的影响。然而, 迄今为止有关新疆地区番茄潜叶蛾的基因流及遗传分化情况的研究较少。本研究拟采用 ISSR 分子标记技术对所采集到的 20 个不同地理种群的番茄潜叶蛾进行遗传多样性分析, 旨在明确不同地理环境下番茄潜叶蛾对其适应性引起的遗传变化, 为番茄潜叶蛾的综合治理提供参考。

1 材料与方法

1.1 实验材料

番茄潜叶蛾样品采自新疆喀什地区喀什市、伽师县、疏附县、巴楚县、疏勒县、叶城县、莎车县, 伊犁特克斯县、霍城县、霍尔果斯市、伊宁市、新源县、察布查尔县, 阿克苏温宿县, 阿拉尔市, 阿克苏市等地区及贵州省清镇市, 云南省昆明市、玉溪市, 哈萨克斯坦阿拉木图州等地, 样品采集后立即放入 75% 酒精中, -20°C 保存。记录 20 个地理种群的编号、采样时间、地理位置、经纬度、海拔高度及样本数量大小。

1.2 DNA 的提取

对采集的番茄潜叶蛾进行基因组 DNA 提取, 提取方法按 TaKaRa 裂解液说明书进行操作。用浓度为 2% 的琼脂糖凝胶进行电泳检测, 使用 B-500 BIOPHOTO METER(METASH)测定其浓度及纯度, 选取 $D_{260\text{ nm}}/D_{280\text{ nm}}$ 值在 1.7~1.9、浓度大于 $30\text{ ng} \cdot \text{mL}^{-1}$ 的 DNA 样品进行 ISSR 遗传多样性分析。

1.3 ISSR 预实验分析

1.3.1 引物筛选 根据预实验, 从哥伦比亚大学公布的第 9 套 100 条 ISSR 引物序列中共筛选出 15 条条带清晰、多态性好的引物进行 ISSR-PCR 扩增反应实验。

1.3.2 ISSR-PCR 扩增 PCR 反应体系($25\text{ }\mu\text{L}$): $2\times\text{Easy Taq PCR Super Mix}$ $12.5\text{ }\mu\text{L}$ 、引物 $2\text{ }\mu\text{L}$ 、模板 DNA $1\text{ }\mu\text{L}$ 、 ddH_2O $9.5\text{ }\mu\text{L}$ 。PCR 扩增条件: 94°C 预变性 3 min ; 94°C 变性 30 s , $33\sim 55^{\circ}\text{C}$ (不同引物的退火温度不一致)退火 30 s , 72°C 延伸 1 min , 30 个循环; 72°C 延伸 5 min ; 4°C 下保存。

1.4 数据统计与分析

电泳图谱中的每一条带均视为一个分子标记, 代表一个等位基因位点。按凝胶同一位置上 DNA 条带的有无进行统计, 有条带记为“1”, 无条带记为“0”, 将所有个体在全部位点上构成 1 个(0 或 1)矩

阵模型。在得到 ISSR 原始数据矩阵后,将矩阵导入软件中,利用 POPGENE 32 软件计算各种群的遗传参数,计算各群体的有效等位基因数 N_e 、Nei's 基因多样性指数 H 、Shannon 信息多样性指数 I 、多态位点比率、群体内基因多样性 H_s 、总基因多样性 H_t 、2 种群或亚种群间的遗传分化系数 G_{st} ($G_{st} = H_t - H_s/H_t$),以及基因流 $N_m = (1-G_{st})/G_{st}$ 等参数(张桂芬等,2020)。根据 Nei's 遗传距离的分析结果,利用 NTSYS 2.1 软件对其进行 UPGMA 聚类分析,根据所读取的数据分析相应的结果。

2 结果与分析

2.1 番茄潜叶蛾种群 DNA 的 ISSR 扩增结果

根据预实验结果,得出各引物的最佳退火温度(表 1),再用各引物对不同地理种群进行 ISSR 扩

增(图 1)。利用 15 条 ISSR 引物对 20 个种群 297 头番茄潜叶蛾的 DNA 进行扩增,共得到 137 条可统计的条带,平均每条引物扩增了 9.133 条条带,其中引物 857、885 扩增的条带数最高,为 13 条,引物 818 扩增出的条带数最少,为 6 条;各引物扩增出的多态性条带及其占比存在差异,多态性条带占比最大的是引物 807、808、811、812、826、827、856、857、868、872、886,为 100%。最小的为引物 885,为 84.62%。不同种群的每个个体都呈现出唯一的 ISSR 基因型,说明 ISSR 分子标记对番茄潜叶蛾有较高的鉴别效率,也说明番茄潜叶蛾的个体间存在较大的遗传变异。这些位点在各个地理种群中分布不平衡,从番茄潜叶蛾 20 个种群的多态位点占比中可看出,番茄潜叶蛾的遗传多样性较丰富。

表 1 ISSR 扩增中引物退火温度及多态性条带					
Table 1 Primer annealing temperature and polymorphic bands in ISSR amplification					
引物 Primers	引物序列 Primer sequences	退火温度 Annealing temperature/℃	总位点数 Total number of bands	多态性位点数 Number of polymorphic bands	多态性位点比率 Proportion of polymorphic bands/%
807	AGAGAGAGAGAGAGACT	48	9	9	100.00
808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	48	8	8	100.00
811	GAGAGAGAGAGAGAGAC	44	8	8	100.00
812	GAGAGAGAGAGAGAGAA	44	8	8	100.00
818	CACACACACACACACAG	52	6	5	83.33
826	ACACACACACACACACC	44	6	6	100.00
827	ACACACACACACACACG	51	10	10	100.00
847	CACACACACACACACAAGC	55	9	8	88.89
855	ACACACACACACACACCTT	53	8	7	87.50
856	ACACACACACACACACCTA	51	7	7	100.00
857	ACACACACACACACACCTG	54	13	13	100.00
868	GAAGAAGAAGAAGAAGAA	47	11	11	100.00
872	GATAGATAGATAGATA	33	10	10	100.00
885	CGTACTCGTGAGAGAGAGAGA	54	13	11	84.62
886	ACGAGTACGCTCTCTCTCTCTCT	54	11	11	100.00

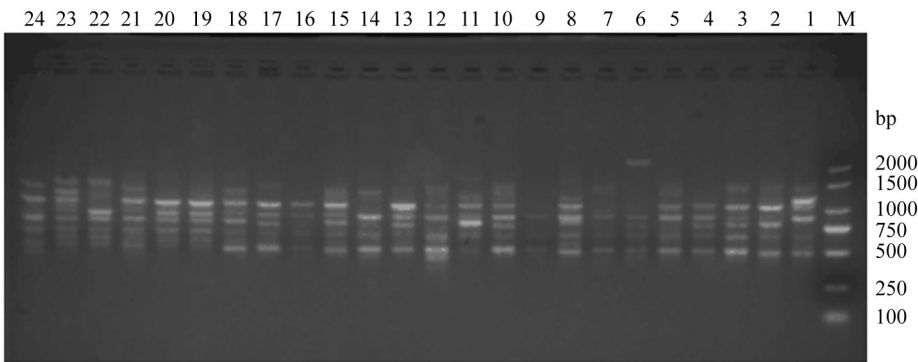


图 1 引物 827 对察布查尔县种群 DNA 的 ISSR 扩增图

Fig.1 ISSR amplification map of primer 827 on the DNA of Qapqal County population

M: DL2000 plus DNA marker; 1~24:均为察布查尔县样品。

M: DL2000 plus DNA marker; 1-24: Samples from Qapqal County.

2.2 番茄潜叶蛾种群的遗传多样性分析

从表 2 可知,20 个番茄潜叶蛾种群的多态性位点比率在 31.30%~93.13%,平均多态性位点比率为 58.28%。察布查尔县(CBCE)地理种群多态性位点占比最高(93.13%),多态性条带多达 13 条,特克斯县(TKS)地理种群多态位点占比最低(31.30%)。从地理空间分布上看,中国南方地区部分番茄潜叶蛾种群(GZ、YNYX、YNKM)的多态性

位点占比低于北方地区种群(KS、JS、SF、CBCE)。特克斯县(TKS)的 Nei's 基因多样性指数(0.1153)最小,察布查尔县(CBCE)的 Nei's 基因多样性指数(0.2531)最大,说明中国南北方的各个地理种群 Nei's 基因多样性指数并无规律。特克斯县(TKS)的番茄潜叶蛾种群的 I (0.1719)最小,察布查尔县(CBCE)种群的 I (0.3976)最大,说明南北地区的番茄潜叶蛾种群遗传多样性较高。

表 2 番茄潜叶蛾种群间的遗传多样性指数
Table 2 Genetic diversity index among *T. absoluta* populations

种群 Population	多态性位点比率(P) Proportion of polymorphic loci/%	观察等位基因数(N_a) Observe the number of alleles	有效等位基因数(N_e) Number of effective alleles	Nei's 基因多样性 指数(H) Nei's index	Shannon's 信息 指数(I) Shannon's index
KS	64.89	1.6489	1.3329	0.1972	0.3040
JS	70.99	1.7099	1.2921	0.1881	0.2977
SF	77.10	1.7700	11.3048	0.2002	0.3197
BC	74.05	1.7405	1.3045	0.1928	0.3055
TKS	31.30	1.3130	1.1973	0.1153	0.1719
SL	56.49	1.5649	1.2571	0.1616	0.2522
YC	47.33	1.4733	1.2507	0.1527	0.2335
SC	54.96	1.5496	1.3105	0.1859	0.2801
HC	48.09	1.4809	1.2781	0.1619	0.2435
HEGS	59.54	1.5954	1.2632	0.1656	0.2599
YN	54.20	1.5420	1.2745	0.1683	0.2595
XY	50.38	1.5038	1.2842	0.1687	0.2549
CBCE	93.13	1.9313	1.4046	0.2531	0.3976
GZ	56.49	1.5649	1.3018	0.1841	0.2809
YNYX	56.49	1.5649	1.2616	0.1597	0.2479
YNKM	48.85	1.4885	1.2530	0.1488	0.2268
HSKST	44.27	1.4427	1.2605	0.1508	0.2257
WS	58.02	1.5802	1.3147	0.1876	0.2850
ALE	58.78	1.5878	1.3146	0.1887	0.2867
AKS	60.31	1.6031	1.2892	0.1785	0.2764

AKS:阿克苏市;YNYX:云南省玉溪市;ALE:阿拉尔市;HEGS:霍尔果斯市;SL:疏勒县;BC:巴楚县;SF:疏附县;JS:伽师县;HSKST:哈萨克斯坦阿拉木图州;YNKM:云南省昆明市;WS:温宿县;YN:伊宁市;GZ:贵州省清镇市;HC:霍城县;SC:莎车县;YC:叶城县;XY:新源县;KS:喀什市;CBCE:察布查尔县;TKS:特克斯县。

AKS: Aksu City; YNYX: Yuxi City, Yunnan Province; ALE: Alar City; HEGS: Horgos City; SL: Shule County; BC: Bachu County; SF: Shufu County; JS: Jiashi County; HSKST: Almaty Prefecture, Kazakhstan; YNKM: Kunming City, Yunnan Province; WS: Wensu County; YN: Yining City; GZ: Qingzhen City, Guizhou Province; HC: Huocheng County; SC: Shache County; YC: Yecheng County; XY: Xinyuan County; KS: Kashgar City; CBCE: Qapqal County; TKS: Tekes County.

2.3 番茄潜叶蛾种群遗传分化及基因流

对番茄潜叶蛾种群内遗传分化进行分析,物种水平上的总基因多样性(H_t)为0.2351,种群内的遗传分化系数(H_s)为0.1755。根据 Nei's 基因多样性算法,20 个番茄潜叶蛾地理种群之间的遗传分化系数(G_{st})为 0.2536,说明变异来自不同的种群之间及种群内部的个体间,占总变异的 25.36%,有 74.64%的变异来自于种群内的个体之间。本研究检测出番茄潜叶蛾物种水平上的基因流(N_m)为 1.4716,表明番茄潜叶蛾各种群间的基因流存在一

定的流动性。

2.4 遗传一致度、遗传距离及聚类分析

由表 3 可知,番茄潜叶蛾 20 个地理种群的遗传一致性系数在 0.8502~0.9935,其平均遗传一致性系数为 0.9329,察布查尔县(CBCE)种群与特克斯县(TKS)种群的遗传一致性系数(0.8502)最小,疏附县(SF)种群与伽师县(JS)种群的遗传一致性系数(0.9935)最大。通过对遗传一致性的分析,说明所采集的各个地理种群间的遗传一致性较高。

表 3 不同种群番茄潜叶蛾遗传一致性(右上角)与遗传距离(左下角)
Table 3 Genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) among different populations of *T. absoluta*

种群 Population	KS	JS	SF	BC	TKS	SL	YC	SC	HC	HEGS	YN	XY	CBCE	GZ	YNYX	YNKM	HSKST	HT	ALE	AKS
KS	***	0.9533	0.9594	0.9410	0.8528	0.9434	0.9267	0.9341	0.8959	0.9464	0.9295	0.9159	0.8963	0.9217	0.9283	0.9322	0.9194	0.9308	0.9023	0.9098
JS	0.0478	***	0.9935	0.9847	0.8957	0.9745	0.9443	0.9685	0.9262	0.9802	0.9670	0.9419	0.9173	0.9604	0.9796	0.9622	0.9535	0.9619	0.9572	0.9626
SF	0.0414	0.0065	***	0.9787	0.9031	0.9662	0.9522	0.9716	0.9328	0.9737	0.9673	0.9370	0.9233	0.9622	0.9710	0.9604	0.9467	0.9600	0.9464	0.9490
BC	0.0608	0.0155	0.0215	***	0.8628	0.9725	0.9720	0.9517	0.9249	0.9762	0.9541	0.9528	0.8993	0.9542	0.9647	0.9496	0.9357	0.9527	0.9519	0.9562
TKS	0.1593	0.1101	0.1019	0.1476	***	0.8614	0.8768	0.8986	0.8629	0.8770	0.9109	0.8550	0.8502	0.9028	0.8863	0.8731	0.8671	0.8969	0.8834	0.8712
SL	0.0583	0.0259	0.0344	0.0279	0.1491	***	0.9198	0.9439	0.9091	0.9839	0.9455	0.9565	0.8957	0.9372	0.9599	0.9393	0.9316	0.9360	0.9394	0.9436
YC	0.0762	0.0574	0.0490	0.0758	0.1315	0.0836	***	0.9549	0.9287	0.9284	0.9366	0.9043	0.8825	0.9561	0.9237	0.9252	0.8994	0.9335	0.9174	0.9008
SC	0.0682	0.0320	0.0288	0.0495	0.1069	0.0577	0.0461	***	0.9383	0.9540	0.9550	0.9354	0.9051	0.9631	0.9568	0.9388	0.9467	0.9507	0.9299	0.9299
HC	0.1099	0.0767	0.0696	0.0781	0.1474	0.0953	0.0740	0.0636	***	0.9177	0.9408	0.9161	0.8767	0.9675	0.9186	0.9158	0.9137	0.9405	0.9194	0.8967
HEGS	0.0551	0.0200	0.0266	0.0241	0.1312	0.0162	0.0742	0.0471	0.0859	***	0.9502	0.9581	0.9178	0.9519	0.9738	0.9513	0.9443	0.9431	0.9530	0.9612
YN	0.0731	0.0335	0.0332	0.0470	0.0934	0.0561	0.0655	0.0460	0.0610	0.0511	***	0.9302	0.9106	0.9678	0.9533	0.9417	0.9405	0.9827	0.9269	0.9301
XY	0.0879	0.0598	0.0650	0.0484	0.1566	0.0445	0.1006	0.0668	0.0877	0.0428	0.0724	***	0.8819	0.9354	0.9377	0.9069	0.9160	0.9253	0.9275	0.9355
CBCE	0.1094	0.0863	0.0798	0.1062	0.1623	0.1101	0.1250	0.0997	0.1316	0.0857	0.0936	0.1257	***	0.9015	0.9055	0.8990	0.8950	0.8932	0.8796	0.8825
GZ	0.0815	0.0404	0.0385	0.0468	0.1023	0.0649	0.0449	0.0376	0.0330	0.0493	0.0327	0.0668	0.1037	***	0.9475	0.9474	0.9345	0.9650	0.9363	0.9342
YNYX	0.0744	0.0206	0.0294	0.0359	0.1207	0.0410	0.0794	0.0441	0.0849	0.0266	0.0478	0.0643	0.0993	0.0540	***	0.9702	0.9586	0.9360	0.9666	0.9747
YNKM	0.0702	0.0385	0.0404	0.0517	0.1357	0.0627	0.0778	0.0631	0.0880	0.0499	0.0601	0.0978	0.1064	0.0541	0.0524	***	0.9702	0.9334	0.9398	0.9301
HSKST	0.0840	0.0476	0.0548	0.0664	0.1426	0.0708	0.1060	0.0548	0.0903	0.0573	0.0614	0.0877	0.1109	0.0678	0.0423	0.0302	***	0.9329	0.9326	0.9382
WS	0.0717	0.0389	0.0409	0.0484	0.1088	0.0662	0.0688	0.0506	0.0613	0.0586	0.0175	0.0777	0.1130	0.0357	0.0661	0.0689	0.0695	***	0.9422	0.9276
ALE	0.1029	0.0437	0.551	0.0493	0.1239	0.0625	0.0862	0.0762	0.0841	0.0481	0.0759	0.0731	0.1283	0.0658	0.0340	0.0621	0.0698	0.0786	***	0.9741
AKS	0.0946	0.0381	0.0523	0.0447	0.1378	0.0580	0.1045	0.0727	0.1091	0.0396	0.0725	0.0666	0.1250	0.0681	0.0256	0.0724	0.0638	0.0751	0.0262	***

AKS:阿克苏市;YNYX:云南省玉溪市;ALE:阿拉尔市;HEGS:霍尔果斯市;SL:疏勒县;BC:巴楚县;SF:疏附县;JS:伽师县;HSKST:哈萨克斯坦阿拉木图州;YNKM:云南省昆明市;WS:温宿县;YN:伊宁市;GZ:贵州省清镇市;HC:霍城县;SC:莎车县;YC:叶城县;XY:叶城县;YS:叶城县;TKS:特克斯县。右上角为 Nei's 遗传相似系数, 左下角为遗传距离。
AKS: Aksu City; YNYX: Yuxi City Yunnan Province; ALE: Alar City; HEGS: Horgos City; SL: Shule County; BC: Bachu County; JS: Jiashi County; HSKST: Almaty Prefecture, Kazakhstan; YNKM: Kunming City, Yunnan Province; WS: Wensu County; YN: Yining City; GZ: Qingzhen City, Guizhou Province; HC: Huocheng County; SC: Shache County; YC: Yecheng County; XY: Xinyuan County; KS: Kashgar City; CBCE: Qapqal County; TKS: Tekes County. The upper right corner is the Nei's genetic similarity coefficient, and the lower left corner is the genetic distance.

遗传距离的大小反映了每个地理种群间彼此亲缘关系的远近,为确定番茄潜叶蛾 20 个地理种群间的遗传关系,利用 Nei's 无偏估计遗传距离进行了计算(表 3)。20 个番茄潜叶蛾种群的遗传距离大小在 0.0065 ~ 0.1623,其平均遗传距离为 0.0726,疏附县(SF)种群与伽师县(JS)种群间的遗传距离最小,为 0.0065,察布查尔县(CBCE)种群与特克斯县(TKS)种群的遗传距离最大,为 0.1623。表明番茄潜叶蛾不同地理种群之间,遗传分化存在着一定程度上的差异,但这种差异比较小。

使用 UPGMA 方法对各个番茄潜叶蛾地理种

群进行聚类分析,结果如图 2 所示,当遗传一致性系数为 0.94 时,20 个地理种群的聚类分为 5 组,最先分出的是特克斯县(TKS)、察布查尔县(CBCE)、喀什市(KS)、新源县(XY),其余各地理为一组。其中:云南玉溪(YNYX)种群夹杂在新疆阿克苏地区的地理种群中;哈萨克斯坦阿拉木图州、云南、贵州、伊犁地区与喀什地区的部分地理种群交叉在一个分支里。在本研究中,番茄潜叶蛾的遗传一致性较高,并未形成明显的遗传结构,同时各个地理种群间与地理空间并未体现出一致的关系。

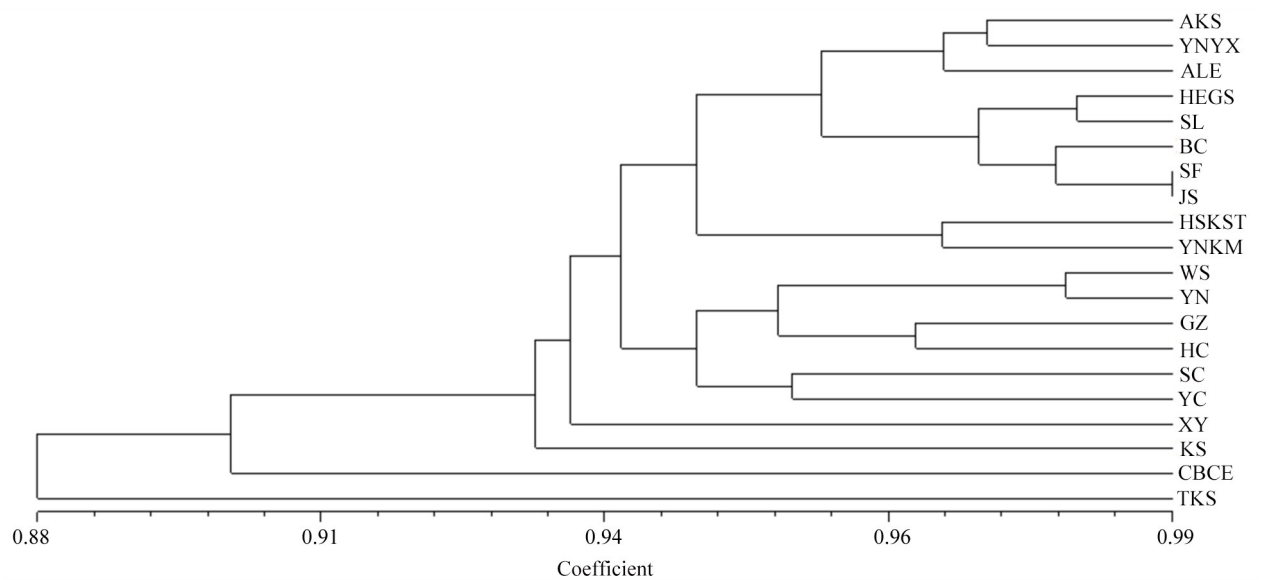


图 2 20 个番茄潜叶蛾地理种群间的聚类分析图

Fig.2 Cluster analysis of 20 geographical populations of *T. absoluta*

KS:阿克苏市;YNYX:云南省玉溪市;ALE:阿拉尔市;HEGS:霍尔果斯市;SL:疏勒县;BC:巴楚县;SF:疏附县;JS:伽师县;HSKST:哈萨克斯坦阿拉木图州;YNKM:云南省昆明市;WS:温宿县;YN:伊宁市;GZ:贵州省清镇市;HC:霍城县;SC:莎车县;YC:叶城县;XY:新源县;KS:喀什市;CBCE:察布查尔县;TKS:特克斯县。

AKS: Aksu City; YNYX: Yuxi City, Yunnan Province; ALE: Alar City; HEGS: Horgos City; SL: Shule County; BC: Bachu County; SF: Shufu County; JS: Jiashi County; HSKST: Almaty Prefecture, Kazakhstan; YNKM: Kunming City, Yunnan Province; WS: Wensu County; YN: Yining City; GZ: Qingzhen City, Guizhou Province; HC: Huocheng County; SC: Shache County; YC: Yecheng County; XY: Xinyuan County; KS: Kashgar City; CBCE: Qapqal County; TKS: Tekes County.

3 讨论与结论

一个物种目前现有的遗传多样性及遗传结构是根据自身原因与所在的环境因素共同作用的结果,如地理分布、基因漂变、基因流、物种进化的历史及交配系统等。就番茄潜叶蛾而言,该虫于 2006 年入侵欧洲,目前已入侵世界上 105 个国家。该虫繁殖力强、世代重叠严重、适应性强,可借助人類活动进行远扩散,这些特征有助于番茄潜叶蛾各种群间的基因交流,减小了遗传漂变的影响。

本研究所选取的番茄潜叶蛾种群来自于哈萨

克斯坦阿拉木图州、云南、贵州以及新疆喀什、阿克苏、伊犁地区,其各个不同地理种群间的遗传多样性丰富及遗传结构变异不大,造成这种差异的主要原因可能是番茄潜叶蛾入侵我国时间尚短,可能是由同一种群入侵,通过苗木运输、番茄产品的输送等在多个地点扩散。

本文初步分析了番茄潜叶蛾的遗传多样性,为番茄潜叶蛾部分种群遗传结构的研究提供了分子水平的基础资料及试验证据。但是,ISSR 分子标记在估算种群遗传的变异上还存在一些缺点,如对于

标记的显性基因,不能区分纯合体及杂合体等,为各种群遗传变异的分析所呈现的统计信息有局限(张民照和康乐,2002)。此外,本试验所采集的地理种群及个体数量有限,难以全面反映番茄潜叶蛾在我国各入侵地的具体情况,还需更深入研究。

ISSR 研究结果表明,番茄潜叶蛾尚处在入侵早期阶段,且具备频繁入侵和多点的特征。防控上要注意加强检疫,阻绝多点入侵来源。

参考文献

阿米热·牙生江,付开赞,阿地力·沙塔尔,丁新华,何江,吐尔逊·阿合买提,王俊,李晓维,郭文超,2021. 番茄潜叶蛾幼虫和卵在新疆大棚番茄的空间分布型及理论抽样数. 生物安全学报, 30(2): 102-109.

褚栋,徐宝云,吴青君,万方浩,肖利锋,朱国仁,张友军,2008. 施用噻虫嗪可降低 B 型烟粉虱群体的遗传多样性. 昆虫学报, 51(2): 150-154.

李栋,李晓维,马琳,付开赞,丁新华,郭文超,吕要斌,2019. 温度对番茄潜叶蛾生长发育和繁殖的影响. 昆虫学报, 62(12): 1417-1426.

陆永跃,2021. 警惕番茄潜叶蛾 *Tuta absoluta* (Meyrick) 在我国持续扩散入侵. 环境昆虫学报, 43(2): 526-528.

尹艳琼,郑丽萍,李峰奇,马庭鑫,宋文宏,陈钊,陈福寿,刘莹,谌爱东,2021. 云南弥渡县番茄潜叶蛾的发生情况及田间防治效果. 环境昆虫学报, 43(3): 559-566.

汤秋玲,2015. 我国桃蚜田间种群抗药性和遗传变异研究. 硕士学位论文. 北京: 中国农业大学.

张桂芬,刘万学,万方浩,冼晓青,张毅波,郭建洋,2018. 世界毁灭性检疫害虫番茄潜叶蛾的生物生态学及危害与控制. 生物安全学报, 27(3): 155-163.

张桂芬,冼晓青,张毅波,张蓉,马德英,刘万学,高有华,王俊,杨子林,李庆红,王玉生,薛延韬,万方浩,2020. 警惕南美番茄潜叶蛾 *Tuta absoluta* (Meyrick) 在中国扩散. 植物保护, 46(2): 281-286.

张民照,康乐,2002. AFLP 标记的特点及其在昆虫学研究中的应用. 昆虫学报, 45(4): 538-543.

朱勋,杨家强,吴青君,李建洪,王少丽,郭兆将,刘雅婷,张友军,杨峰山,2012. 小菜蛾不同地理种群遗传多样性的 ISSR 标记研究. 昆虫学报, 55(8): 981-987.

张颖,李菁,王振营,何康来,2010. 中国桃蛀螟不同地理种群的遗传多样性. 昆虫学报, 53(9): 1022-1029.

CAMPOS M R, BIONDI A, ADIGA A, GUEDES G, DES-NEUX N, 2017. From the western palaearctic region to beyond: *Tuta absoluta* 10 years after invading Europe. *Journal of Pest Science*, 90(3): 787-796.

CAMPOS R G, 1976. Control qui mico del "minador de hojas y tallos de la papa" (*Scrobipalpula absoluta* Meyrick) en el valle del Ca nete. *La Revista Peruana de Entomologia*, 19: 102-106.

CISNEROS F, MUJICA N, 1998. The leafminer fly in potato plant reactions and natural enemies as natural mortality factors. *CIP (Peru) Program Report*, 98: 129-140.

ESSADKI M, OUAZZANI N, LUMARET R, MOUMNI M, 2006. ISSR variation in Olive tree Cultivars from Morocco and other Western countries of the Mediterranean Basin. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53: 475-482.

GONTIJO P C, PICAN, CO M C, PEREIRA E J G, MARTINS J C, CHEDIK M, GUEDES R N C, 2013. Spatial and temporal variation in the control failure likelihood of leaf miner, *Tuta absoluta*. *Annals of Applied Biology*, 162: 50-59.

GUPTA S, SRIVASTAVA M, MISHRA G, 2008. Analogy of ISSR and RAPD markers for comparative analysis of genetic diversity among different *Jatropha curcas* genotypes. *African Journal of Biotechnology*, 7(23): 4230-4243.

PEREYRA P C, SÁCHEZ N E, 2006. Effect of two solanaceous plants on developmental and population parameters of the tomato leaf miner, *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). *Neotropical Entomology*, 35(5): 671-676.

REDDY M P, SARLA N, SIDDIQ E A, 2002. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*, 128(1): 9.

TIAN B, YANG H Q, WONG K M, LIU A Z, RUAN Z Y, 2012. ISSR analysis shows low genetic diversity versus high genetic differentiation for giant bamboo, *Dendrocalamus giganteus* (Poaceae: Bambusoideae), in China populations. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59: 901-908.

(责任编辑:郭莹)