

毛果茄的鉴定及其在中国的适生性

邵宝林^{1*}, 鲁 昕¹, 石俊霞¹, 刘露希¹, 杨益芬¹, 宿白玉¹, 王成华¹,
袁俊杰², 孔德英³, 李 兰⁴, 袁淑珍⁵

¹成都海关技术中心, 四川成都 610041; ²湛江海关技术中心, 广东 湛江 524008; ³重庆海关技术中心, 重庆 400020; ⁴阿拉山口海关技术中心, 新疆 阿拉山口 833418; ⁵二连海关技术中心, 内蒙古 二连浩特 011199

摘要:【目的】针对外来入侵植物毛果茄鉴定存在误区问题, 开展检疫鉴定方法研究, 同时分析其在我国的适生性, 为口岸外来入侵物种防控提供有效技术支撑。【方法】采用形态与分子相结合的方法对毛果茄进行识别与鉴定, 并根据毛果茄的生物学特性确定适生因子, 采用模糊数学综合评判的原理和方法, 定量分析其在我国各个地区的适生性。【结果】*waxy* 基因序列比对鉴定可用于区分毛果茄与其他茄属植物, 适用于毛果茄幼苗期或样本鉴定特征缺失或种子样本的辅助鉴定, 可解决毛果茄与牛茄子、喀西茄容易混淆的问题; 适生性研究结果表明, 毛果茄潜在的适生地区分布在江苏、河北、天津、上海、广东、海南、浙江、广西、山东、安徽、福建、湖北、江西、北京、新疆、湖南、河南、重庆、贵州、陕西、四川、山西、云南、甘肃、西藏。【结论】鉴于毛果茄潜在分布广、适应性强、危害性大, 建议加强以上地区该入侵杂草的监测及防控力度。

关键词:毛果茄; 形态学; 分子生物学; 鉴定; 适生性



开放科学标识码
(OSID 码)

Identification of *Solanum viarum* Dunal and potential geographic distribution in China

SHAO Baolin^{1*}, LU Xin¹, SHI Junxia¹, LIU Luxi¹, YANG Yifen¹, SU Baiyu¹, WANG Chenghua¹,
YUAN Junjie², KONG Deying³, LI Lan⁴, YUAN Shuzhen⁵

¹Technical Center of Chengdu Customs, Chengdu, Sichuan 610041, China; ²Technical Center of Zhanjiang Customs, Zhanjiang, Guangdong 524008, China; ³Technical Center of Chongqing Customs, Chongqing 400020, China; ⁴Technical Center of Alashankou Customs, Alashankou, Xinjiang 833418, China;
⁵Technical Center of Erlian Customs, Erenhot, Inner Mongolia 011199, China

Abstract:【Aim】In view of the misunderstandings in the identification of the alien invasive plant *Solanum viarum* Dunal, detection and identification methods were established, and its suitability in China was analyzed to provide effective technical support for the prevention and control of alien invasive species at ports.【Method】The morphological and molecular methods were used to identify *S. viarum*, and the suitable factors were determined according to the biological characteristics of *S. viarum*. The principle and method of fuzzy mathematics comprehensive evaluation were used to quantitatively analyze its suitability in various regions of China.【Result】The *waxy* gene sequence alignment can be used to distinguish *S. viarum* from other *Solanum* plants. It is suitable for the identification of *S. viarum* seedlings or samples with missing identification features or seed samples. It can solve the problem that *S. viarum* is easily confused with *S. capsicoides* and *S. aculeatissimum*. The results showed that the potential suitable areas of *S. viarum* were distributed in Jiangsu, Hebei, Tianjin, Shanghai, Guangdong, Hainan, Zhejiang, Guangxi, Shandong, Anhui, Fujian, Hubei, Jiangxi, Beijing, Xinjiang, Hunan, Henan, Chongqing, Guizhou, Shaanxi, Sichuan, Shanxi, Yunnan, Gansu and Xizang.【Conclusion】In view of the wide potential distribution, strong adaptability and great harm of *S. viarum*, it is suggested to strengthen the monitoring and control of *S. viarum* in the above areas.

Key words: *Solanum viarum*; morphology; molecular detection; identification; adaptability

收稿日期(Received): 2023-03-29 接受日期(Accepted): 2024-05-03

基金项目: 四川省科技计划项目(2021YFN0009, 2015NZ0016); 成都海关自立科技项目(SK201406)

作者简介: 邵宝林, 博士, 正高级农艺师。研究方向: 进出境植物有害生物疫情监测及防控

*通信作者(Author for correspondence), 邵宝林, E-mail: sbl0218@126.com

毛果茄 *Solanum viarum* Dunal 原产于南美洲的巴西南部、巴拉圭、乌拉圭和阿根廷北部(Eskandari & Fouladkolaei, 2020), 主要通过牲畜(牛)和野生动物, 如浣熊、鹿、猪和野生鸟类取食其果实进行传播, 亦可随受污染的干草、草籽、草皮和流动的水传播, 是世界公认的重要入侵性有毒杂草。毛果茄能侵入改良牧场, 降低牲畜承载能力(Salaudeen et al., 2013), 至少是马铃薯叶卷病毒(*Potato leaf roll virus*, PLRV)、马铃薯 Y 病毒(*Potato virus Y*, PVY)、烟草蚀纹病毒(*Tobacco etch virus*, TEV)、番茄花叶病毒(*Tomato mosaic virus*, ToMV)、番茄斑驳病毒(*Tomato mottle virus*, ToMoV)和黄瓜花叶病毒(*Cucumber mosaic virus*, CMV)等 6 种作物病毒的宿主, 可感染马铃薯早疫链格孢 *Alternaria solani* Sorauer(McGovern et al., 1994a, 1994b, 1996)。另外, 毛果茄是一些害虫的替代寄主, 如: 马铃薯甲虫 *Leptinotarsa decemlineata* (Say)、番茄天蛾 *Manduca quinquemaculata* (Haworth)、烟芽夜蛾 *Helicoverpa virescens* (Fabricius)、番茄蠹蛾 *Keiferia lycopersicella* (Walsingham)、桃蚜 *Myzus persicae* (Sulzer)、烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius)、大豆夜蛾 *Chrysodeixis (Pseudoplusia) includens* (Walker)、稻绿蝽 *Nezara viridula* (L.) 等(Medal et al., 1999, 2012)。毛果茄不仅危害农牧生产安全, 而且通过置换自然区、沟畔、路边的植被, 减少生物多样性, 破坏原有的生态环境。毛果茄现已分布在非洲、印度、尼泊尔、西印度群岛、洪都拉斯、墨西哥、美国、越南、澳大利亚、伊朗等地; 在我国台湾、西藏东部和云南有记载, 可能是在边境通过自然传播进入我国, 但该物种早已在中国部分地区归化(Majid & Nilufar, 2020)。目前, 毛果茄在澳大利亚、古巴、智利等国家被列为检疫性有害生物, 在美国被列为限定性有害生物并投入大量资金进行防控。毛果茄除混杂在粮食谷物实现远距离传播外, 来自毛果茄疫区的动物(如牛)亦是主要传播媒介, 为防止疫情扩散, 加强调运检疫监管十分重要。

毛果茄作为一种具有潜在入侵性的茄科植物, 其正确识别与鉴定对于实施有效防控措施至关重要。但国内对该物种的识别和鉴定存在显著误区(严靖等, 2021; Babu & Hepper, 1979), 将其与已被列为中国自然生态系统外来入侵物种的喀西茄(*Solanum aculeatissimum* Jacquin, 异名: *Solanum*

khasianum C.B. Clarke)混淆, 这种混淆会导致防控策略偏离和资源误投。因此, 建立准确、可靠的鉴定方法是当务之急, 对于确保毛果茄的精准识别和有效防控至关重要。

传统生态位模型, 如 MaxEnt 和 CLIMEX, 通过分析物种分布与环境因子之间的关系, 能提供详尽的地理分布预测。但在数据不足或质量不佳的情况下, 采用模糊数学综合评判的原理和方法开展适生性分析具有更大优势。该方法不依赖特定生态位理论或模型假设, 能处理各种数据类型, 适用性更广泛, 尤其在理论基础不够明确时, 仍能提供有价值的适生性评估。适生性研究是理解并预测毛果茄生态适应性和潜在入侵范围的关键环节, 本研究通过适生性分析, 预测了毛果茄在不同地区的潜在风险, 为制定更加精准、有效的防控策略以及更加科学合理的生态修复和恢复措施提供理论依据。

1 研究方法

1.1 样品来源

样品来自进境粮食生产加工场所杂草监测中发现的毛果茄。

1.2 形态学鉴定

描述毛果茄的根、茎、叶、花、果实及种子的形态特征, 并编制分类检索表。

1.3 分子生物学鉴定

DNA 提取采用 CTAB 提取法, 采用商品化的基因组提取试剂盒亦可。通过超微量核酸蛋白测定和琼脂糖凝胶电泳来检测 DNA 提取质量。供试引物序列及退火温度见表 1, PCR 反应体系 30 μL : 10 \times PCR buffer(含 Mg^{2+}) 3 μL , dNTPs (2.5 mmol $\cdot \text{L}^{-1}$) 2 μL , 上下游引物 (10 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 各 1.0 μL , *Taq* DNA 聚合酶 0.4 μL , DNA 模板 1.0 μL (30 ng $\cdot \mu\text{L}^{-1}$), ddH₂O 21.6 μL 。PCR 反应程序: 94 $^{\circ}\text{C}$ 3 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 90 s, 35 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min, 保存于 4 $^{\circ}\text{C}$ 。扩增产物在 1.5% 琼脂糖凝胶上进行电泳。电泳结束后在凝胶成像仪的紫外透射光下观察是否扩增出条带。如有条带, 将剩余扩增产物送有资质的生物技术公司进行双向测序。测序结果经软件拼接和人工校对后, 将获得的序列与 NCBI 网站 GenBank 中相关序列进行同源性比对分析。将同源序列导入 MEGA-X 软件(Kumar et al., 2018; Nei & Kumar, 2000), 多序列比对后选择最佳模型, 构建系统发育树并分析结果。

表 1 引物序列及退火温度
Table 1 Primer sequence and anneal temperature

基因名称 Gene name	引物名称 Primer name	引物序列 Primer sequence	退火温度 Anneal temperature/℃
ITS (White et al., 1990)	ITS1 ITS4	5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3' 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'	55
psbA-trnH (McKenzie et al., 2006)	trnH-R psbA-F	5'-CGCGCATGGTGGATTACAATCC-3' 5'-GTTATGCGATGAACGTAATGCTC-3'	55
Waxy (张伟等, 2013)	WAXYS WAXY2	5'-ACTGCTATAAACGTTGGGGTGTGCG-3' 5'-TGGAACCAACATAAAATCAGC-3'	52

1.4 适生性分析

1.4.1 气象资料及土壤 pH 的获取 从气象部门获得全国 707 个气象观测站点地面气候资料(1971—2000 年)。以全国土壤酸碱度图和气象站点分布图为基础,确定各站点的土壤 pH 值。

1.4.2 适生评判因子的确定及隶属函数的建立 依据前人研究资料确定评判因子,筛选出与毛果茄适生相关的关键因子,应用模糊数学综合评判方法分别创建关键因子隶属函数。

1.4.3 评判因子的权重分析 根据确定的评判因子,采用层次分析法和 1~9 标度建立判断矩阵,通过公式 $M_i = \prod_j^n B_{ij}$ ($i=1,2,3\cdots n; j=1,2,3\cdots n$) 计算各行判断值的乘积,利用公式 $N_i = \sqrt[n]{M_i}$ 计算其 n 次方根,用公式 $W_i = \frac{n_i}{\sum_i^n n_i}$ ($i=1,2,3\cdots n$) 计算各个因子所占的权重。以上公式中, n 代表评判因子的数量, B_{ij} 代表判断矩阵第 i 行第 j 列的数值。

1.4.4 判断矩阵一致性检验 计算一致性指标 (consistency index, CI) = $(\lambda_{\max} - n) / (n - 1)$, 其中, λ_{\max} 是判断矩阵的最大特征值, n 是判断矩阵的阶数。查找相应的平均随机一致性指标 (random index, RI), 根据 $CR = \frac{CI}{RI}$ 计算一致性比率。

当 $CR < 0.1$ 时,该判断矩阵具有满意的一致性;当 $CR > 0.1$ 时,该判断矩阵不具有一致性,应调整判断值,直到通过一致性检验。

1.4.5 适生值的计算与划分 根据获取的地面气象资料,利用以下公式算出各气象站点的适生值。

$$\mu_i = \sum_{j=1}^n a_j \cdot r_{ij} \quad (i=1,2,3\cdots m; j=1,2,3\cdots n)$$

式中, μ_i 为各个站点的适生值, a_j 为各个气象因子的权重, r_{ij} 为第 i 个站点第 j 个因子的隶属度。适生值 μ 越大,说明该地区适合毛果茄生长的条件越适宜,根据综合适生值的大小作出规定: $\mu > 0.9$ 为最适

宜; $0.9 \geq \mu > 0.8$ 为适宜; $0.8 \geq \mu > 0.7$ 为可以适宜; $0.7 \geq \mu > 0.6$ 为不适宜; $\mu \leq 0.6$ 为极不适宜。

2 结果与分析

2.1 毛果茄形态特征

一年生或多年生,草本至亚灌木,株高 0.5~2.0 m, 直立多分枝带刺(图 1); 茎枝圆柱状,密生单细胞或多细胞腺毛和均匀长约 1 mm 的短柔毛。茎刺有 2 种,稀疏至中度多刺,长度不一,较小的针状茎刺长 1~4 mm, 较大的尖齿状弯刺长 2~8 mm。叶单生或对生(大小不等),膜质,叶片宽卵形至卵状三角形,基部近心形,长 7~10 (~15) cm, 宽 6~8 (~15) cm, 叶边缘波状分裂,3~5 裂,基部近钝形,顶端急尖至渐尖;下表面也有星状毛,4 或 5 根呈放射状扩展在同一平面上,长达 0.5 mm;叶片主脉和侧脉上生有基部较宽的、侧压的、直立的、黄白色的刺,长度不一,近叶柄主脉上的刺长达约 2 cm;叶柄粗壮,长 3~8 cm,具短柔毛,生有与叶面类似的刺,比茎刺长。花序腋生,具 3~5 朵花;花序梗短或不明显;花梗粗壮,长 5~11 mm,密被短柔毛,具长约 2 mm 的针刺。花为雄花两性花同株,仅基部的花可育;花萼钟形,长 5~7 mm,被短柔毛,绿色,5 裂;萼片长 0.6~1.2 mm,三角形,顶端尖锐,具腺毛和少量的刺。花冠乳白色,直径 1.5~2 cm,5 裂;花瓣长 1~1.5 cm,披针形,反卷,顶端渐尖至芒尖,外表被细毛。雄蕊 5 枚,长 7~9 mm,贴生于花瓣基部;花丝长 1~1.5 mm,无毛;花药长 6~7 mm,披针形,淡黄白色,基着,顶端孔裂。子房球形,直径 1~2 mm,密被细小柔毛,长约 2 mm;花柱细长,直,长 7~8 mm;头状柱头,绿色。浆果球状,直径 2.0~3.0 cm;幼果果面具细茸毛,后变平滑无毛;未成熟果面具白、绿相间的网状花纹,像一个小西瓜,成熟时为黄色,外皮具一革质的薄层,表面光滑,果肉淡绿色、有粘液、有香味,内含 180~420 粒红褐色的种子(图 2)。种子肾形至近圆形,扁平透镜状,长 2.2~

2.8 mm, 宽 2.0~2.5 mm (图 3)。

毛果茄及其近缘种植物分类检索表见表 2

(Kalidass & Panda, 2019), 毛果茄及常见茄属杂草种子分种检索表见表 3。



图 1 毛果茄植株(公路边拍摄)

Fig.1 Plants of *S. viarum* (photographed by the roadside)



图 2 毛果茄的花(A、B)、果实(C、D、E)

Fig.2 Flowers (A, B) and fruits (C, D, E) of *S. viarum*



图 3 毛果茄种子

Fig.3 The seeds of *S. viarum*

表2 毛果茄及其近缘种植物分类检索表

Table 2 The identification key to *S. viarum* and its relatives

1	植株带刺	2
	植株不带刺	3
2	叶片不带刺	4
	叶片带刺	5
3	植株为树木	假烟叶树 <i>S. erianthum</i>
	植株为灌木、草本植物、攀缘植物、缠绕植物	6
4	花白色	水茄 <i>S. torvum</i>
	花蓝色或紫色	7
5	攀爬或倒伏的植物	8
	植株直立	9
6	灌木, 叶着生于木质茎	黄果龙葵 <i>S. diphyllum</i>
	攀缘/缠绕草本植物, 叶子生于草本茎上	10
7	一年生或多年生直立草本, 株高达 0.6 m	银叶茄 <i>S. elaeagnifolium</i>
	多年生直立小树, 株高达 4~6 m	非洲冬青 <i>S. giganteum</i>
8	攀爬小灌木, 具后弯的刺	紫果豌豆茄 <i>S. trilobatum</i>
	匍匐草本, 具直的刺	黄果茄 <i>S. virginianum</i>
9	花冠白色或苍白色	11
	花冠紫、蓝色、紫色等	12
10	多年生攀缘藤蔓植物, 通常 3~7 叶裂	南青杞 <i>S. seaforthianum</i>
	草本植物, 叶片全缘	13
11	花萼不具刺	<i>S. asperolanatum</i>
	花萼多刺	14
12	浆果直径大小 2.5~3.0 cm	刺茄 <i>S. insanum</i>
	浆果直径小于 2.5 cm	15
13	花冠粉红色、蓝色或蓝紫色	16
	花冠白色, 外面具蓝紫色中脉	17
14	浆果直径大小 1.5~3.0 cm	18
	浆果直径小于 1.5 cm	蒜芥茄 <i>S. sisymbrijifolium</i>
15	花冠外部蓝色, 蓝白色, 花冠喉紫色	<i>S. cordatum</i>
	花冠淡紫色或淡紫色, 蓝色	19
16	叶片无毛, 花冠粉红色	珊瑚樱 <i>S. pseudocapsicum</i>
	叶被短柔毛, 花冠蓝色或蓝紫色	<i>S. pubescence</i>
17	花冠白色, 外面具深紫色的中脉	红果龙葵 <i>S. villosum</i>
	花冠白色, 外部无蓝紫色中脉	20
18	茎具稀疏的针状皮刺和尖齿状倒弯刺, 浆果球状, 无毛, 未成熟时表皮具白、绿相间的网状花纹, 像一个小西瓜, 成熟时整体颜色淡黄	毛果茄 <i>S. viarum</i>
	茎密布直的细针状皮刺, 不具尖齿状弯刺, 浆果扁球状或球状, 无毛	21
19	多年生或一年生小灌木高可达 2 m	刺天茄 <i>S. violaceum</i>
	多年生大灌木, 高达 3 m	<i>S. multiflorum</i>
20	花冠大于 6 mm	龙葵 <i>S. nigrum</i>
	花冠小于 6 mm	少花龙葵 <i>S. americanum</i>
21	浆果球状, 未成熟时表皮具白、绿相间的网状花纹, 像一个小西瓜, 成熟时果实淡黄色	喀西茄 <i>S. aculeatissimum</i>
	浆果扁球状, 未成熟时表皮大部分为绿色并具稀疏深绿的纵条纹, 成熟时果实桔红色	牛茄子 <i>S. capsicoides</i>

表3 毛果茄及其近缘种的种子分类检索表

Table 3 The identification key to seeds of *S. viarum* and its relatives

1	种子淡黄色至红褐色	2
	种子黑褐色至黑色, 扁卵形, 长 2.0~2.6 mm, 表面明显凹凸不平	刺萼龙葵 <i>S. rostratum</i>
2	种子扁平, 表面粗糙	3
	种子扁而薄, 边缘翅状, 翅宽 0.8~1.5 mm	牛茄子 <i>S. capsicoides</i>
3	种子肾形	4
	种子泪滴形, 黄褐色, 基部尖锐, 并向腹面一侧偏斜, 长 1.8~2.0 mm, 宽 1.5~1.6 mm, 表面有细小凹陷, 呈五边形	龙葵 <i>S. nigrum</i>
4	浅红褐色至红褐色, 种子表面具波浪形网纹, 中间厚边缘薄, 呈透镜状, 长 2.2~2.8 mm, 宽 2.0~2.5 mm	毛果茄 <i>S. viarum</i>
	浅黄褐色, 表面细凹至光滑, 种皮细胞轮廓深波状, 长 2.5~3.0 mm, 宽 2.0~2.5 mm	水茄 <i>S. torvum</i>

2.2 分子生物学鉴定

CTAB 提取法提取 DNA 后,采用 ITS1/ITS4、*trnH-F/trnH-R*、WAXYS/WAXYA2 分别进行 PCR 扩增,产物经电泳检测分别出现 700、600、1600 bp 左右大小的条带。产物送北京擎科生物科技股份有限公司成都分公司测序,测序获得的序列经软件拼接和人工校对后分别获得 664、533、1586 bp 的序列,与 NCBI 网站 GenBank 中相关序列进行同源性比对分析(表 4),结果表明,ITS 和 *trnH-psbA* 基因序列无法区分 *S. aculeatissimum* 和 *S. viarum*,而 *waxy* 基因序列比对同源性达 100% 的结果仅有 *S. viarum* (AY562973.1、KC469887.1),与 *S. aculeatissimum* (KC469861.1)、*S. incarcерatum* (AY562955.1)、*S. myriacanthum* (AY562960.1)、*S. aculeatissimum* (AY562950.1) 的同源性分别为 99.93%、99.50%、99.37%、99.18%,可满足辅助鉴定需求。

基于 *waxy* 基因从 Genbank 下载与待测样品同源性较高的序列,用 MEGA-X 软件构建系统发育树。采用最大似然法(maximum likelihood method),选取贝叶斯信息准则 BIC (Bayesian information criterion) 分数最低的“T92+G”为最佳模型,自举检测(bootstrap)重复 1000 次,模型选择“Tamura 3-parameter”,“离散伽玛分类数”选择 5。结果表明,待测样品与 *S. viarum* (AY562973.1)、*S. aculeatissimum* (AY562950.1)、*S. myriacanthum* (AY562960.1)、*S. incarcерatum* (AY562955.1) 聚类在一组,同源性分别为 100.00%、99.22%、99.42%、99.55%。由图 4 可知,待测样品与 *S. viarum* (AY562973.1) 单独聚类在同一分支,说明待测样品与 *S. viarum* (AY562973.1) 为同一物种。

2.3 适生性分析

2.3.1 适生因子的判定及隶属函数的建立 毛果茄可以生长在草原、灌木丛和受人类活动干扰的地方,常分布于海拔 100~2300 m 的沟边、路边、灌丛、荒地、草坡或疏林生境,是农田、牧场和自然区域的常见杂草。毛果茄可在北纬 33° 的冬季(温度 10 °C 下)作为多年生植物存活,并且可以在较冷的温度下作为一年生植物存活(Bryson & Byrd, 2007)。种子发芽取决于温度、光照和种子的年龄,在实验室条件下,5 月龄种子萌发率最高达 95%,25 月龄种子萌发率逐渐下降至零;在田间条件下,埋藏的种子可能比留在土壤表面的种子存活时间更长(Sell-

ers et al., 2022)。10~30 °C 时发芽率由 4% 提高到 64%,5 和 40 °C 时无发芽率,30 °C 时发芽率最高。种子在较宽的 pH 范围内(2~14)萌发,pH 为 8 时萌发率最高,pH 为 2 和 14 时不萌发(Akanda et al., 1996)。根据 CABI (<https://doi.org/10.1079/cabicompendium.50562>) 报道,毛果茄在 20~35 °C、年平均降雨量为 700~2000 mm 时,生长发育良好;毛果茄喜好排水良好、有机质含量高的砂质壤土,赤红壤较适宜其生长,黏土不适宜;毛果茄可适应干旱的生活条件,缺水会促进果实的成熟并缩短生命周期,但不适应雨水过多的生存条件,尤其是内涝,长时间的积水可导致植株死亡。

综合前人研究报道,本研究选择海拔高度(*H*)、年均温(*T*)、平均年降雨量(*W*)、土壤 pH(*P*)作为适生性因子,结合毛果茄现有分布生境环境因子信息数据,应用模糊数学综合评判方法建立隶属函数,各因子的隶属函数如下:

$$\text{海拔高度: } \mu(H) = \begin{cases} 1 & 100 \leq h \leq 2300 \\ 0.004h + 0.6 & 0 \leq h < 100 \\ (3300 - h) & 2300 < h \leq 3300 \\ 0 & h > 3300 \end{cases}$$

$$\text{年均温: } \mu(T) = \begin{cases} 1 & 15 \leq t \leq 25 \\ (t - 5) / 10 & 5 < t < 15 \\ 1.25 - 0.01t & 25 < t \leq 35 \\ (40 - t) / 5 & 35 < t < 40 \\ 0 & t \leq 5 \text{ 或 } t \geq 40 \end{cases}$$

平均年降雨量:

$$\mu(W) = \begin{cases} 1 & 700 \leq w \leq 2000 \\ w / 700 & w < 700 \\ (3000 - w) / 1000 & 2000 < w < 3000 \\ 0 & w \geq 3000 \end{cases}$$

$$\text{土壤 pH: } \mu(P) = \begin{cases} 1 & p = 8 \\ (13 - p) / 5 & 8 < p < 13 \\ (p - 3) / 5 & 3 < p < 8 \\ 0 & p \leq 3, p \geq 13 \end{cases}$$

2.3.2 各因子权重分析 由表 5 可知,海拔高度、年均温、年均降雨量、土壤 pH 等 4 项因子的权重分别为 0.12216、0.42314、0.22735 和 0.22735。 $\lambda_{\max} = 4.01036$,计算一致性指标 $CI = 0.00345$,查找判断矩阵的平均随机一致性指标($RI = 0.89$),计算 $CR = 0.00388 < 0.1$,表明判断矩阵具有满意的一致性。

表4 序列比对分析
Table 4 Sequence alignment by NCBI BLAST

基因名称 Gene name	扩增片段大小 Size of amplified fragment/bp	序列比对为 100% 的结果 100% identity		种 Species
		序列 ID	Sequence ID	
ITS	703	MW843835.1, MW843834.1, JF978788.1, KC535792.1 JQ638805.1, AY561275.1, KU696990.1		<i>S. aculeatissimum</i> <i>S. viarum</i>
<i>trnH-psbA</i>	578	MW940698.1, NC_061388.1, MH521161.1, MF663710.1 MK381235.1, GU135408.2, GU135370.2		<i>S. aculeatissimum</i> <i>S. viarum</i>
<i>waxy</i>	1632	AY562973.1, KC469887.1		<i>S. viarum</i>

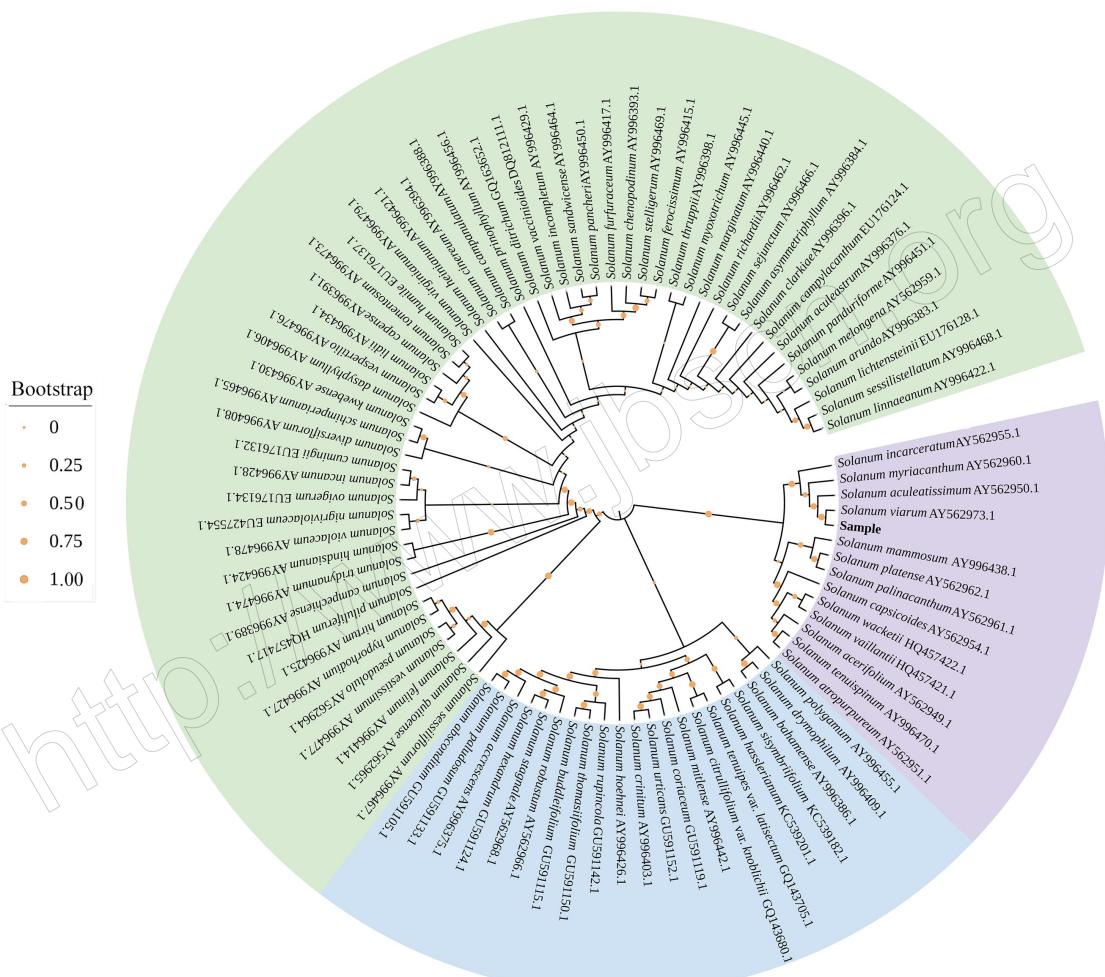


图4 基于 *waxy* 基因序列的系统发育树(最大似然法)

Fig.4 Phylogenetic tree based on the *waxy* DNA sequences using the maximum likelihood (ML) method

表5 评判因子判断矩阵
Table 5 Judgment matrix of assessment factors

因子 Factors	H	T	W	P	权重 Weight
H	1	1/3	1/2	1/2	0.12215
T	3	1	2	2	0.42315
W	2	1/2	1	1	0.22735
P	2	1/2	1	1	0.22735

H:海拔高度;T:年均温;W:平均年降雨量;P:土壤 pH。

H: Altitude; T: Mean annual temperature; W: Average annual rainfall; P: Soil pH.

2.3.3 适生区划分 通过计算,适生值 $\mu > 0.9$ 以上的站点共 106 个; $0.8 < \text{适生值 } \mu \leq 0.9$ 的站点共 196 个; $0.7 < \text{适生值 } \mu \leq 0.8$ 的站点共 48 个; $0.6 < \text{适生值 } \mu \leq 0.7$ 的站点共 51 个; 适生值 $\mu \leq 0.6$ 的站点共 306 个。适宜毛果茄生长的站点(适生值 $\mu > 0.7$)共 350 个,占 49.5%。

由图 5 可知,毛果茄潜在的适生地区分布在江苏、河北、天津、上海、广东、海南、浙江、江西、山东、安徽、福建、湖北、湖南、北京、新疆、湖南、河南、重庆、贵州、陕西、四川、山西、云南、甘肃、西藏。其中最适宜的地区(适生值 $\mu > 0.9$)主要分布在江苏、上海、浙江、安徽、湖北、湖南、河南、广东、江西、广西、山东、重庆、福建、贵州、陕西、四川、甘肃、云南。

由图 6 可知,毛果茄在中国较适宜生存的地区主要集中在南方,尤其是红色分布区域,应加强该物种的监测及防控力度。

3 讨论与结论

茄属全世界有 1400 余种,其中有 4 种已被我国列为进境检疫性杂草,另有 30 余种具有潜在危险性。该类群形态变异复杂,物种鉴定困难,主要

表现为:大多数种类分布在国外,缺乏相关标本及鉴定资料;入侵初期数量少易被忽视;非花果期形态特征无法识别等。随着分子生物学及生物信息学的快速发展,采用基因测序比对鉴定的方法可突破对传统形态分类经验的依赖,该方法快速、准确,可显著提高检测效率,尽管存在一定的局限性,如基因库无相关序列信息、登录的序列信息有误等,直接影响鉴定的准确性,但可作为传统形态学分类的有效补充。

因毛果茄与牛茄子容易混淆,且国内常将毛果茄错误鉴定为喀西茄 *S. aculeatissimum*,为准确鉴定并区分这些物种,本文列出了毛果茄植株及种子的形态特征,适用于毛果茄的监测调查。但口岸外来截获的入侵植物通常以种子的形式出现,识别难度大且易鉴定错误,采用形态学和分子生物学相结合的方法可实现快速精准鉴定。本研究结果表明, *waxy* 基因序列可用于区分毛果茄与其他茄属植物,适用于毛果茄幼苗或样本鉴定特征缺失或种子难以识别的辅助鉴定。

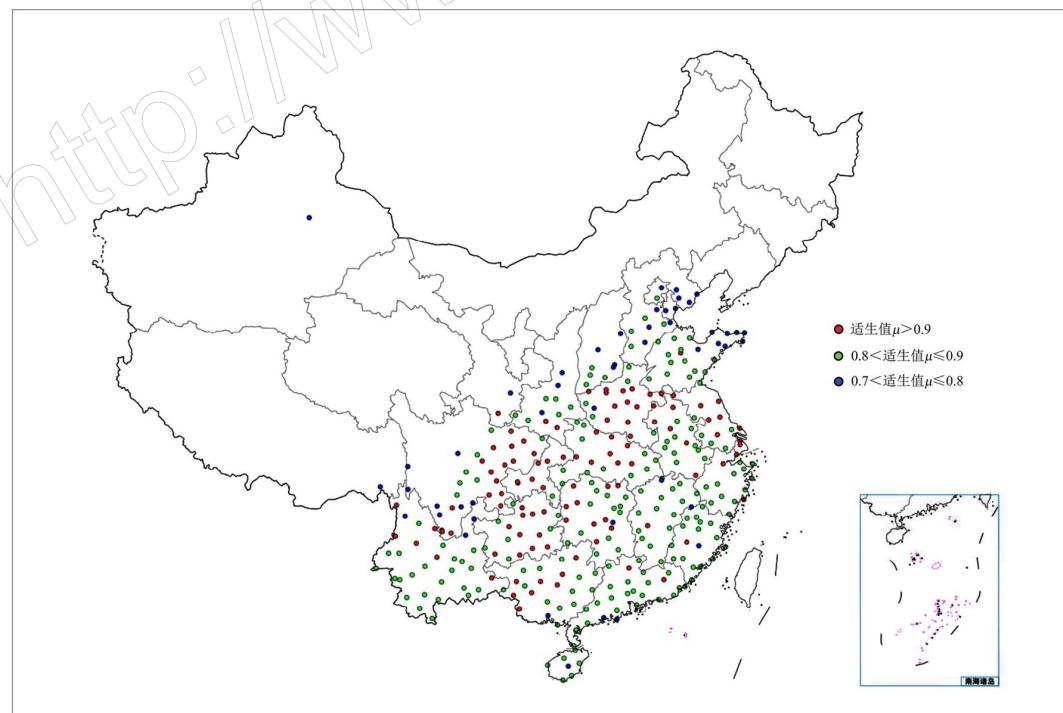


图 5 毛果茄在中国适生值 $\mu > 0.7$ 的站点分布 [审图号:GS(2024)3144 号]

Fig.5 Distribution of suitable climate station of *S. viarum* in China ($\mu > 0.7$)

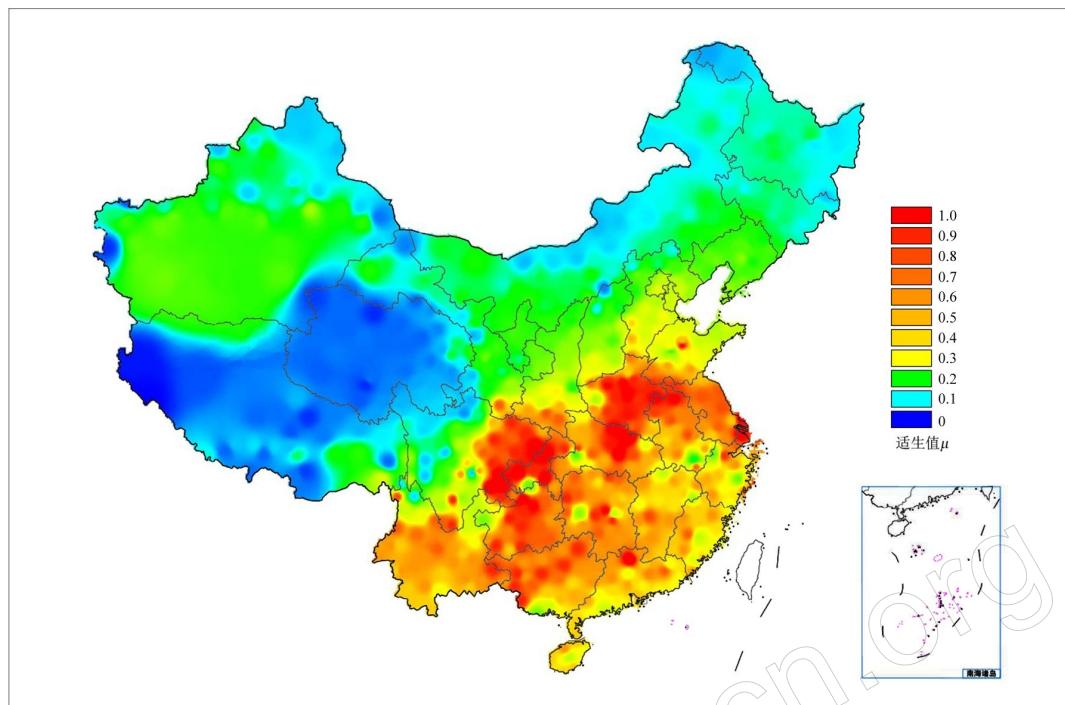


图6 毛果茄在中国适生性分布预测[审图号:GS(2024)3144号]

Fig.6 Prediction of potential geographical distribution of *S. viarum* in China

适生性分析是有害生物风险分析的重要工作之一,准确的分析结果可为后续制定相应的风险管理措施提供可靠的理论依据。外来入侵植物的适生性和环境条件息息相关,在开展适生性分析时,适生因子的选择尤为重要,需依据前人的研究结果并拟合研究对象的生物学特性确定关键适生因子,在数据不全、时间有限、经费不足的情况下,研究结果会出现与现实情况不一致的情况。本文利用模糊综合评判的方法对毛果茄适生性进行分析,研究得出毛果茄潜在适生地区分布在江苏、河北、天津、上海、广东、海南、浙江、广西、山东、安徽、福建、湖北、江西、北京、新疆、湖南、河南、重庆、贵州、陕西、四川、山西、云南、甘肃、西藏,包含了实际发生地区,说明结果可信度比较高,具有一定的借鉴和参考意义,为尽早建立毛果茄监测防控体系提供了理论依据。鉴于毛果茄潜在分布广、适应性强、危害性大,建议加强以上地区该入侵杂草的监测及防控力度,以保障农牧业生产及环境生态安全。

参考文献

严靖,闫小玲,李惠茹,杜诚,马金双,2021.华东地区归化植物的组成特征、引入时间及时空分布.生物多样性,29(4):428-438.

张伟,范晓虹,邵秀玲,熊玉芬,李春喜,2013. DNA条形

码在检疫性杂草银龙葵鉴定中的应用研究.植物检疫,27(3):60-65.

AKANDA R U, MULLAHEY J J, SHILLING D G, 1996. Environmental factors affecting germination of tropical soda apple (*Solanum viarum*). *Weed Science*, 44(3): 570-574.

BABU C R, HEPPER F N, 1979. Taxonomy and nomenclature of *Solanum khasianum* and some of its relatives. *Kew Bulletin*, 34(2): 407-411.

BRYSON C T, BYRD J J D, 2007. Biology, reproductive potential, and winter survival of tropical soda apple (*Solanum viarum*). *Weed Technology*, 21(3): 791-795.

ESKANDARI M, FOULADKOLAEI N A, 2020. *Solanum viarum*, a new invasive plant for Iran. *Rostaniha*, 21(2): 299-302.

KALIDASS C, PANDA P C, 2019. *The genus solanum L. (solanaceae) in eastern ghats of India*. Odisha: Regional Plant Resource Centre.

KUMAR S, STECHER G, LI M, KNYAZ C, TAMURA K, 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35: 1547-1549.

MEDAL J C, PITELLI R A, SANTANA A, GANDOLFO D, GRAVENA R, HABECK D H, 1999. Host specificity of *Metriona elatior*, a potential biological control agent of tropical soda apple, *Solanum viarum*, in the USA. *BioControl*, 44(4): 423-438.

(下转第380页)

- REYES M, TABONE E, TSAGKARAKOU A, LOMBAERT E, LAURA N, 2015. The tomato borer, *Tuta absoluta*, invading the Mediterranean Basin, originates from a single introduction from Central Chile. *Scientific Reports*, 5(1): 8371.
- INGEGNO B L, MESSELINK G J, BODINO N, ILIADOU A, DRISS L, WOELKE J B, LEMAN A, TAVELLA L, 2019. Functional response of the mirid predators *Dicyphus bolivari* and *Dicyphus errans* and their efficacy as biological control agents of *Tuta absoluta* on tomato. *Journal of Pest Science*, 92(4): 1457–1466.
- MAJIDIANIS, POURABAD R F, LAUDANI F, CAMPOLO O, ZAPPALÀ LUCIA, RAHMANI S, MOHAMMADI, PALMERI V, 2019. RNAi in *Tuta absoluta* management: effects of injection and root delivery of dsRNAs. *Journal of Pest Science*, 92(4): 1409–1419.
- NDEREYIMANA A, NYALALA S, MURERWA P, GAI-DASHOVA S, 2019. Potential of entomopathogenic nematode isolates from Rwanda to control the tomato leaf miner, *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 29(1): 1–7.
- RODITAKIS E, STEINBACH D, MORITZ G, VASAKIS E, STAVRAKAKI M, ILIAS A, GARCÍA-VIDAL L, MARTÍNEZ-AGUIRRE R D MARÍA, BIELZA P, MOROU E, SILVA E J, 2019. Potential of entomopathogenic nematode isolates from Rwanda to control the tomato leaf miner, *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 29(1): 1–7.
- (上接第 355 页)
- MEDAL J, OVERHOLT W, CHARUDATTAN R, MULLAHEY J, GASKALLA R, DÍAZ R, CUDA J, 2012. *Tropical soda apple management plan*. Gainesville, Florida: University of Florida-IFAS.
- MCKENZIE R J, MULLER E M, SKINNER A K W, KARIS P O, BARKER N P, 2006. Phylogenetic relationships and generic delimitation in subtribe Arctotidinae (Asteraceae: Arctotideae) inferred by DNA sequence data from ITS and five chloroplast regions. *American Journal of Botany*, 93(8): 1222–1235.
- MCGOVERN R J, POLSTON J E, DANYLUK G M, HIEBERT E, ABOUZID A M, STANSLY P A, 1994a. Identification of a natural weed host of tomato mottle geminivirus in Florida. *Plant Disease*, 78: 1102–1106.
- MCGOVERN R J, POLSTON J E, MULLAHEY J J, 1996. Tropical soda apple (*Solanum viarum* Dunal): host of tomato, pepper, and tobacco viruses in Florida // *Proceedings of tropical soda apple symposium*. Bartow: Florida. University of Florida-IFAS: 31–34.
- SILVA M W, SIQUEIRA A A H, IQBAL S, TROZKA J B, WILLIAMSON S M, BASS C, TSAGKARAKOU A, VONTAS J, NAUEN R, 2017. Ryanodine receptor point mutations confer diamide insecticide resistance in tomato leafminer, *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae). *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 80: 11–20.
- SELLAMI S, JAMOUSSI K, 2016. Investigation of larvae digestive β-glucosidase and proteases of the tomato pest *Tuta absoluta* for inhibiting the insect development. *Bulletin of Entomological Research*, 106(3): 406–414.
- SILVA M W, BERGER M, BASS C, BALBINOQ V, AMARAL HP M, CAMPOS R M, SIQUEIRAA A H, 2015. Status of pyrethroid resistance and mechanisms in Brazilian populations of *Tuta absoluta*. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 122: 8–14.
- SILVAM W, BERGER M, BASS C, WILLIAMSON M, MOURA N M D, RIBEIRO L M S, SIQUEIRA H A A, 2016. Mutation (G275E) of the nicotinic acetylcholine receptor α 6 subunit is associated with high levels of resistance to spinosyns in *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 131: 1–8.
- (责任编辑:郭莹)
- MCGOVERN R J, POLSTON J E, MULLAHEY J J, 1994b. *Solanum viarum*: weed reservoir of plant viruses in Florida. *International Journal of Pest Management*, 40(3): 270–273.
- NEI M, KUMAR S, 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. New York: Oxford University Press.
- SALAUDEEN T, THOMAS M, HARDING D, HIGHT S D, 2013. Economic impact of tropical soda apple (*Solanum viarum*) on Florida cattle production. *Weed Technology*, 27(2): 389–394.
- SELLERS B A, DEVKOTA P, MULLAHEY J J, FERRELL J A, 2022. Tropical soda apple: biology, ecology, and management of a noxious weed in Florida. [2023-02-09]. <https://edis.ifas.ufl.edu/publication/uw097>.
- WHITE T J, BRUNS T, LEE S, TAYLOR J, 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*: 315–322. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1>.
- (责任编辑:郭莹)