

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.20230145

惠州地区扶桑绵粉蚧寄主危害情况及入侵来源

吴福中¹, 吴晟晗², 吴玥桐², 刘志红^{3*}

¹深圳城市职业学院(深圳技师学院), 广东 深圳 518116; ²惠州学院附属学校, 广东 惠州 516007;

³惠州市惠城区农业技术推广中心, 广东 惠州 516001

摘要:【目的】弄清扶桑绵粉蚧在惠州地区的发生危害和入侵来源。【方法】对惠州地区扶桑绵粉蚧发生危害进行系统调查,并对采集的样品开展形态学鉴定、DNA 提取和 PCR 扩增,利用生物信息学软件分析其序列同源性、遗传结构及系统进化关系。【结果】惠州地区扶桑绵粉蚧危害的寄主植物有 15 科 43 种,危害具有重要经济价值的马铃薯和蔬菜等农作物。测出的线粒体 CO I 基因序列有 4 个单倍型,在 GenBank 数据库中比对,序列相似度达到 100%,种群间遗传距离为 0~0.029,其中,惠州种群与美国种群遗传距离较大,与其他种群遗传距离较小。构建的系统发育树显示,扶桑绵粉蚧惠州种群与巴基斯坦种群聚在一支。【结论】推测惠州地区发生的扶桑绵粉蚧可能来源于巴基斯坦,该结论为惠州马铃薯和蔬菜产区监测该虫的发生和精准防治提供科学依据。

关键词: 扶桑绵粉蚧; 危害; 入侵来源; 系统发育分析



开放科学标识码
(OSID 码)

Invasion source and phylogenetic analysis of the invasive mealybug *Phenacoccus solenopsis* in Huizhou

WU Fuzhong¹, WU Shenghan², WU Yuetong², LIU Zhihong^{3*}

¹Shenzhen City Polytechnic (Shenzhen Institute of Technology), Shenzhen, Guangdong 518116, China; ²Affiliated School of Huizhou University, Huizhou, Guangdong 516007, China; ³Agricultural Technology Promotion Center at Huicheng District Huizhou City, Huizhou, Guangdong 516001, China

Abstract: 【Aim】 To investigate the occurrence and invasion source of *Phenacoccus solenopsis* in Huizhou, an important invasive pest that invaded China in recent years. 【Method】 In this study, we investigated the infestation of *P. solenopsis* in Huizhou on collected samples using morphological identification, DNA extraction, and PCR amplification to analyze its sequence homology, genetic structure, and phylogenetic relationship with bioinformatics software. 【Result】 There are 43 species of host plants in 15 families in Huizhou, which include potatoes, vegetables, and other economically important crops. Four haplotypes exist in the mitochondrial CO I gene sequence, which were compared in the GenBank database. The sequence similarity reached 100%, and the genetic distance between populations was 0-0.029. The genetic distance between the Huizhou and American populations was large, whereas the genetic distance between the Huizhou and other populations was small. A phylogenetic tree showed that the Huizhou and Pakistani populations clustered together in one group. Based on the genetic distance and phylogenetic tree data, it was speculated that *P. solenopsis* in the Huizhou area may have originated from Pakistan. 【Conclusion】 The mitochondrial CO I gene could quickly and accurately identify the invasion source and phylogenetic relationship of this insect, providing a scientific basis for monitoring the occurrence and precise control of this insect in potato and vegetable areas in Huizhou.

Key words: *Phenacoccus solenopsis*; damage; invasion source; phylogenetic analysis

扶桑绵粉蚧 *Phenacoccus solenopsis* Tinsley 属半翅目 Hemiptera 蚧总科 Coccoidea 粉蚧科 Pseudococcidae 绵粉蚧亚科 Phenacoccina 绵粉蚧属 *Phenacoccus*, 该虫以雌成虫和若虫吸食汁液危害, 危害寄主

收稿日期 (Received): 2023-11-28 接受日期 (Accepted): 2024-04-30

基金项目: 广东省科技项目(2019A141401001); 广东省科技奖入库培育项目(2021C0405004); 广东省普通高校工程技术研究中心项目(2024GCZX016); 惠州市科技项目(2017C0424040); 深圳技师学院博士启动金项目(2314001)

作者简介: 吴福中, 博士, 高级农艺师。研究方向: 入侵生物和园林植物病虫害综合治理。E-mail: zhongwfu@163.com

* 通信作者 (Author for correspondence), 刘志红, E-mail: honglzhi@163.com

植物的幼嫩部位,包括叶片、花芽和叶柄等。受害寄主长势衰弱,生长缓慢或停止,茎叶扭曲变形;分泌的蜜露诱发煤烟病导致叶片脱落(吴福中,2015;吴福中等,2014)。扶桑绵粉蚧广泛分布于北美洲、南美洲、非洲、澳洲、亚洲等诸多国家和地区,最早在美国新墨西哥州发现,随后渐渐向外扩散传播,1991年在美国危害棉花 *Gossypium* spp, 1992年传播到中美洲的厄瓜多尔和加勒比地区,后逐渐向世界各地扩散危害(Wu *et al.*, 2015)。2008年6月,在我国广州发现,后传播到海南、广西、云南、福建、江西、浙江、安徽、江苏、新疆等地,对农作物造成较严重的危害(关鑫等,2011;马骏等,2009;王福祥等,2011;张润志和王福祥,2010)。

惠州地处低纬度,北回归线横贯全市,属亚热带季风性湿润气候区,雨量充沛、阳光充足、气候温和,寄主植物丰富,是广东省的农业大市和粮食主产区之一,耕地总资源 14 万 hm^2 , 常用耕地面积 11.5 万 hm^2 (朱磊等,2017)。惠州独特的气候适宜冬种马铃薯 *Solanum tuberosum* L. 等农作物生长,是全国最大的冬种马铃薯生产基地。蔬菜是惠州常年种植的经济作物,复种指数高,经济价值可观。扶桑绵粉蚧一旦在惠州传播扩散,将对惠州马铃薯和蔬菜产业构成严重威胁,严重影响当地农民的经济收入。因此,调查扶桑绵粉蚧在惠州地区的发生危害,开展入侵来源研究和系统发育分析,能为农林部门的精准防治提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 现场调查和形态鉴定

2017—2020年,在惠州三县四区(博罗县、惠东县、龙门县、惠城区、惠阳区、大亚湾区、仲恺区)的公园、农场、果园及荒地等生境,每个生境选取 10 个点进行系统调查,包括木本植物、小灌木、草本植物、花卉等园林植物及果树,在寄主的幼嫩部位(嫩梢、叶腋、花蕾)、叶片的正反面、茎干、根(须)、果实的表皮、叶与枝干的交界处、叶柄等部位查找是否有扶桑绵粉蚧寄生。用相机拍摄蚧虫的形态、寄主和危害状,记录形态特征、寄主种类、寄生部位、发生危害程度和周围的生态环境等,再将蚧虫装到 95%酒精的离心管中带回鉴定。制作玻片标本,在蔡司体视显微镜(ZEISS SteREO Discovery.V20)下观察蚧虫玻片标本的形态特征(吴福中等,2020;Williams,2004)。

1.2 基因组 DNA 提取

参照 Promega 试剂盒提取动物组织 DNA 步骤进行提取供试样 DNA, $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存备用。

1.3 PCR 扩增

PCR 扩增引物序列参照 Simon *et al.* (1994) 所用引物,扩增的目的片断为 CO I 基因序列中的 800 bp 片断。引物序列为 CIJ-2195 (5'-TTGATTYTTT-GGTCATCCAGAAGT-3'), TL2N-3014 (5'-TCCAAT-GCACTAATCTGCCATATTA-3'), PCR 反应总体积为 30 μL , 其中 10 \times buffer 3 μL , dNTP 2.4 μL , 引物(浓度为 20 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$)各 0.5 μL , Taq DNA 聚合酶 0.1 μL , ddH₂O 21.7 μL , DNA 模板各 1.8 μL 。扩增程序为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min, 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 57 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min, 35 个循环, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。用 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测, 检测时, 每个样品取 3 μL , 使用分子量为 2000 的 DNA Marker, 电泳缓冲液采用 1 \times TAE, 120 V 电压电泳 10 min 左右, 在凝胶成像系统上观察成相。标准 Marker (DL2000) 作为参照进行比较, 收集 30 μL 的 PCR 产物由上海立菲生物技术有限公司进行双向测序。

1.4 数据分析和进化树构建

测得的序列用 BIO-edit 软件核查、编辑、拼接, 并在 GenBank 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 中 BLAST, 进行同源性分析, 查找目标序列。从 GenBank 数据库中下载扶桑绵粉蚧美国加利福尼亚州、亚利桑那州、巴基斯坦、印度和越南种群的序列, 登陆号分别为 KP745303、JN112802、EU267208、EU267209、EU267210、KP745306、KP745307、AB4996969、KC985430、KF359477 和 KF878049。用 Mega 5.0 软件, 选取 Kimura-2-parameter 模型计算遗传距离, 采用邻接法 (neighbor-joining, NJ) 构建扶桑绵粉蚧的系统发育树。用 DnaSP 软件分析扶桑绵粉蚧种群的单倍型、遗传结构和基因流等。

2 结果与分析

2.1 扶桑绵粉蚧寄主植物危害程度分析

调查扶桑绵粉蚧在惠州三县四区发生情况, 危害的寄主植物有 15 科 43 种植物, 分布在锦葵科、茄科、菊科、葫芦科、旋花科、唇形科、梧桐科、紫茉莉科、马齿苋科、茜草科、苏铁科、豆科、大戟科、马钱科和芸香科。通过调查, 表明各种生境均有扶桑

绵粉蚧发生危害。从发生危害程度看,造成严重危害的寄主有 7 种,为扶桑 *Hibiscus rosasinensis* L.、驳骨丹 *Buddleja asiatica* Lour.、黄秋葵 *Abelmoschus esculentus* Linn. Moench、马铃薯 *Solanum tuberosum* L.、西红柿 *Solanum lycopersicum* L.、龙葵 *Solanum nigrum* L.和红薯 *Ipomoea batatas* (L.) Lam.,中等危害的有木槿 *Hibiscus syriacus* L.、玫瑰茄 *Hibiscus sabdariffa* L.、辣椒 *Capsicum annuum* L.、薇甘菊 *Mikania micrantha* Kunth 等 19 种寄主,轻度危害的有飞机草 *Chromolaena odorata* (L.) R. M. King & H. Rob.、小蓬草 *Erigeron canadensis* L.、一点红 *Emilia sonchifolia* (L.) DC、苦麦菜 *Ixeris polycephala* Cass. ex DC.、孔雀草 *Tagetes patula* L.等 17 种寄主植物(表 1);从寄主植物的种类来看,杂草 23 种,蔬菜作物

10 种,园林植物 6 种,粮食作物 2 种,而中药材和果树各 1 种;从扶桑绵粉蚧发生的生境来看,荒地、农场、公园和果园生境中发生危害的寄主植物种类分别有 18、14、10 和 1 种;从寄主的生活型来看,危害的寄主植物多是草本植物(30 种),而藤本、灌木及乔木等较少(13 种);从寄主的经济价值来看,危害的寄主植物中,粮食作物、蔬菜作物、中药材和果树经济价值较高,园林植物次之,而杂草最低。从扶桑绵粉蚧危害寄主植物部位来看,主要在寄主植物的枝头、花苞的幼嫩部位、叶片的背部危害,而寄主的幼嫩部位被扶桑绵粉蚧分泌的白色蜡质覆盖,吸食汁液导致寄主的叶片脱落、整株枯死。扶桑绵粉蚧发生危害时,虫口密度大,种群增长迅速。

表 1 惠州地区扶桑绵粉蚧寄主种类及危害度
Table 1 Hosts and damage degree of *P. solenopsis* in Huizhou

科 Family	寄主种类 Hosts	生活型 Life form	危害度 Damage degree	生境 Habitat
锦葵科 Malvaceae	扶桑 <i>Hibiscus rosa-sinensis</i>	灌木 Bush	+++	公园 Park
	黄秋葵 <i>Abelmoschus esculentus</i>	一年生草本 Annual herb	+++	农场 Farm
	木槿 <i>Hibiscus syriacus</i>	灌木 Bush	++	公园 Park
	马松子 <i>Melochia corchori folia</i>	小灌木 Subshrubby herb	+	荒地 Wasteland
	玫瑰茄 <i>Hibiscus sabdariffa</i>	一年生草本 Annual herb	++	荒地 Wasteland
	茄科 Solanaceae	西红柿 <i>Lycopersicon esculintum</i>	一年生草本 Annual herb	+++
马铃薯 <i>Solanum tuberosum</i>		一年生草本 Annual herb	+++	农场 Farm
刺茄 <i>Solanum touvum</i>		灌木 Bush	++	荒地 Wasteland
辣椒 <i>Capsicum annuum</i>		一年生草本 Annual herb	++	农场 Farm
茄子 <i>Solanum melongena</i>		一年生草本 Annual herb	++	农场 Farm
龙葵 <i>Solanum nigrum</i>		一年生草本 Annual herb	+++	荒地 Wasteland
曼陀罗 <i>Datura stramonium</i>		一年生草本 Annual herb	++	荒地 Wasteland
菊科 Asteraceae	艾蒿 <i>Artemisia argyi</i>	多年生草本 Perennial herb	++	农场 Farm
	苍耳 <i>Xanthium sibiricum</i>	一年生草本 Annual herb	++	荒地 Wasteland
	薇甘菊 <i>Mikania micrantha</i>	多年生草本 Perennial herb	++	荒地 Wasteland
	飞机草 <i>Chromolaena odorata</i>	多年生草本 Perennial herb	+	荒地 Wasteland
	小蓬草 <i>Erigeron canadensis</i>	一年生草本 Annual herb	+	荒地 Wasteland
	一点红 <i>Emilia sonchifolia</i>	一年生草本 Annual herb	+	荒地 Wasteland
	金腰箭 <i>Synedrella nodiflora</i>	一年生草本 Annual herb	++	荒地 Wasteland
	孔雀草 <i>Tagetes patula</i>	一年生草本 Annual herb	+	荒地 Wasteland
	苦麦菜 <i>Ixeris polycephala</i>	多年生草本 Perennial herb	+	荒地 Wasteland
	豚草 <i>Ambrosia artemisiifolia</i>	一年生草本 Annual herb	+	荒地 Wasteland
	蟛蜞菊 <i>Wedelia chinensis</i>	多年生草本 Perennial herb	++	公园 Park
	钻叶紫菀 <i>Aster subulatus</i>	一年生草本 Annual herb	++	荒地 Wasteland
	银胶菊 <i>Parthenium hysterophorus</i>	一年生草本 Annual herb	++	荒地 Wasteland
	葫芦科 Cucurbitaceae	南瓜 <i>Cucurbita moschata</i>	一年生草本 Annual herb	++
冬瓜 <i>Benincasa hispida</i>		一年生草本 Annual herb	+	农场 Farm
苦瓜 <i>Momordica charantia</i>		一年生草本 Annual herb	+	农场 Farm
丝瓜 <i>Luffa aegyptiaca</i>		一年生草本 Annual herb	+	农场 Farm
旋花科 Convolvulaceae	空心菜 <i>ipomoea aquatica</i>	一年生草本 Annual herb	++	农场 Farm
	红薯 <i>Ipomoea batatas</i>	草质藤本 Grass vine	+++	农场 Farm
	牵牛 <i>Pharbitia nil</i>	一年生草本 Annual herb	++	公园 Park

续表 1

科 Family	寄主种类 Hosts	生活型 Life form	危害度 Damage degree	生境 Habitat
紫茉莉科 Nyctaginaceae	三角梅 <i>Bougainvillea spectabilis</i>	灌木 Bush	+	公园 Park
	紫茉莉 <i>Mirabilis jalapa</i>	一年生草本 Annual herb	+	公园 Park
唇形科 Labiatae	一串红 <i>Salvia splendens</i>	多年生草本 Perennial herb	+	公园 Park
梧桐科 Sterculiaceae	梧桐 <i>Firmiana platanifolia</i>	乔木 Arbor	+	公园 Park
马齿苋科 Portulacaceae	马齿苋 <i>Portulaca oleracea</i>	一年生草本 Annual herb	+	农场 Farm
茜草科 Rubiaceae	驳骨草 <i>Psychotria prainii</i>	灌木 Bush	++	荒地 Wasteland
苏铁科 Cycadaceae	铁树 <i>Cycas revoluta</i>	乔木 Arbor	+	公园 Park
马钱科 Loganiaceae	驳骨丹 <i>Buddleja asiatica</i>	灌木 Bush	+++	公园 Park
豆科 Leguminosae	扁豆 <i>Lablab purpureus</i>	一年生草质藤本 Annual grass vine	++	农场 Farm
大戟科 Euphorbiaceae	通奶草 <i>Euphorbia hypericifolia</i>	一年生草本 Annual herb	++	荒地 Wasteland
芸香科 Rutaceae	柑橘 <i>Citrus reticulata</i>	灌木 Bush	+	果园 Orchard

调查寄主植物每株虫量 10 头以下 (含 10 头) 为轻度危害,以“+”表示,每株虫量 10~30 头 (含 30 头) 为中等程度危害,以“++”表示,每株虫量大于 30 头为严重危害,以“+++”表示。

The number of female adults of mealybugs in each host plant was less than 10 (including 10), between 10 to 30 (including 30) and more than 30, which was considered as mild harm, moderate harm, serious harm, and marked as "+", "++" and "+++", respectively.

2.2 鉴定结果和遗传距离分析

通过制作玻片标本,在蔡司体视显微镜下观察:触角 9 节,足粗壮发达,后足胫节后面和腿节端部有透明孔,腹脐 1 个,刺孔群 18 对,有 2 根锥刺和 1 群三格腺,多格腺仅分布在腹面等,符合扶桑绵粉蚧的显微特征。

标本提取基因组 DNA,经紫外分光光度计检测,所有 DNA 样品的 $D_{260/280}$ 值在 1.80~2.00,可以进行 PCR 扩增。扩出长度为 800 bp 左右的 CO I 基因序列,经比对剪辑,最终得到长度 748 bp 的序

列。测出的序列与 NCBI 和 BOLD 数据库进行比对,结果和扶桑绵粉蚧 *P. solenopsis* 的相似度达到 100%,说明该物种为扶桑绵粉蚧。基于 K2P 双参模型计算扶桑绵粉蚧不同地理种群的遗传距离为 0~0.029 (表 2),不同地理种群扶桑绵粉蚧的遗传距离无显著差异,中国福建、云南、广西、海南和惠州种群与印度、巴基斯坦扶桑绵粉蚧的种群遗传距离差异不显著,而与美国亚利桑那州、加利福尼亚扶桑绵粉蚧种群的遗传距离较大。

表 2 扶桑绵粉蚧种群间的遗传距离

Table 2 The genetic distances among various populations of *P. solenopsis*

编号 No.	登录号 Accession No.	KP745303	KJ187567	KJ187589	KJ187578	KP745307	KF878065	KJ187583	EU267210	KF359477	KF878049
1	KP745303-California	-									
2	KJ187567-Fujian	0.010	-								
3	KJ187589-Yunnan	0.008	0.001	-							
4	KJ187578-Guangxi	0.010	0.000	0.001	-						
5	KP745307-Pakistan	0.010	0.000	0.001	0.000	-					
6	KF878065-Huizhou	0.010	0.000	0.001	0.000	0.000	-				
7	KJ187583-Hainan	0.010	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	-			
8	EU267210-Arizona	0.025	0.029	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	-		
9	KF359477-India	0.008	0.001	0.000	0.001	0.001	0.001	0.001	0.028	-	
10	KF878049-Vietnam	0.008	0.001	0.000	0.001	0.001	0.001	0.001	0.028	0.000	-

2.3 扶桑绵粉蚧遗传多样性分析

16 条扶桑绵粉蚧的 COI 基因序列中,共有 4 个单倍型,其中东南亚种群与中国种群共享 2 个单倍型。扶桑绵粉蚧种群的多态性位点 S 为 1~23,单

倍型多样性指数 H_d 为 0.40000~0.75833,核苷酸多样性 P_i 为 0.00054~0.01469,核苷酸平均差异数 k 为 0.40000~10.80000。Tajima's D 值为 0.62686,统计分析表明扶桑绵粉蚧种内差异不显著 (表 3)。

表 3 扶桑绵粉蚧 CO I 基因单倍型及核苷酸多样性分析

Table 3 The analysis of haplotype and nucleotide diversity for CO I gene of *P. solenopsis*

种群代码 Population code	多态性位点(S) Polymorphic sites	单倍型(N) Haplotype	单倍型多样性(H_d) Haplotype diversity	核苷酸多样性(P_i) Nucleotide diversity	核苷酸平均差异数(k) Average number of nucleotide differences	中性检验 Tajima's test
USA	18	2	0.60000	0.01469	10.80000	/
Southeast Asia	1	2	0.53333	0.00073	0.53333	/
China	1	2	0.40000	0.00054	0.40000	/
Total	23	4	0.75833	0.01088	8.00000	0.62686*

*: 差异显著 ($P < 0.05$)。

*: Significantly different at 0.05 level.

2.4 扶桑绵粉蚧遗传结构和基因流

基因序列分析表明,扶桑绵粉蚧亚洲不同地理种群的个体未发生明显的遗传变异,仅有 23 个变异位点,且美国亚利桑那州种群发生变异的位点较多。总群体的固定系数 F_{st} 是分析不同群体间的分化程度,基因流揭示群体间基因交流的水平及影响遗传分化的现象。扶桑绵粉蚧的总群体的固定系数 F_{st} 为 0.61572,各种群间的平均基因流 N_m 为 0.31,说明种群间遗传分化不明显。

2.5 扶桑绵粉蚧系统发育树分析

以新菠萝灰粉蚧为外群,邻接法构建扶桑绵粉蚧的系统发育树(图 1),系统发育树分成 2 支:一支包含美国亚利桑那和加利福尼亚种群;另一支包含印度种群、巴基斯坦、越南种群及中国广西、福建、云南、海南和惠州种群。其中,中国海南、福建、广西和惠州种群与巴基斯坦种群聚在一起,表明入侵惠州的扶桑绵粉蚧可能来源于巴基斯坦。

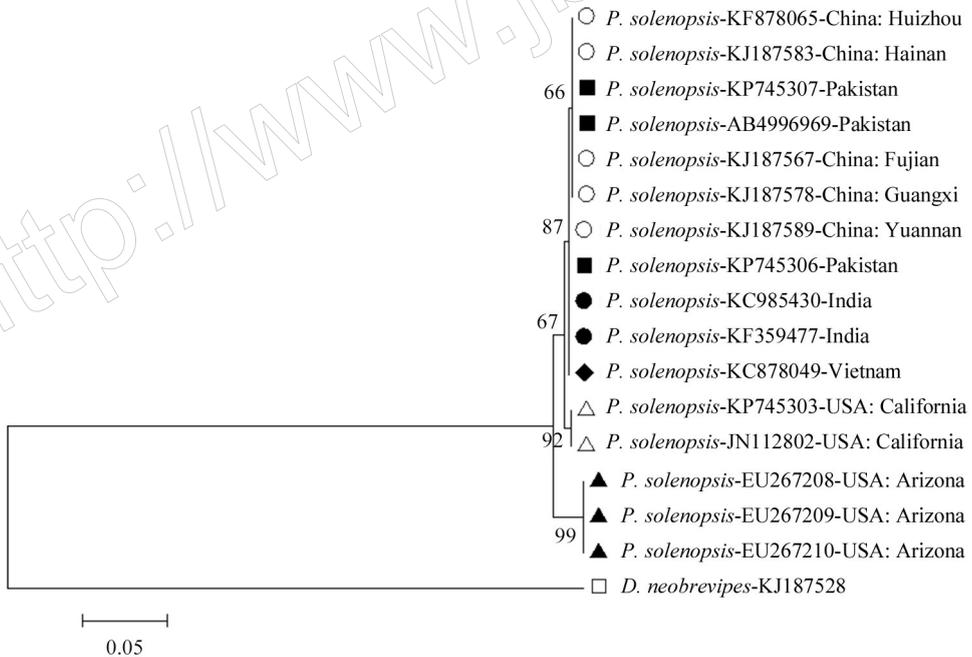


图 1 扶桑绵粉蚧的 NJ 系统发育树

Fig.1 NJ phylogenetic tree of *P. solenopsis*

3 讨论

3.1 扶桑绵粉蚧寄主危害程度分析

扶桑绵粉蚧在惠州三县四区发生危害的生境有荒地、农场、公园和果园,其中荒地生境中危害的寄主植物有 18 种,多于其他生境。荒地生境无人管理,扶桑绵粉蚧可以随雨水、农事活动等途径传

播扩散,而农场、公园和果园等生境有人员管理,定期施药防治,所以危害的寄主植物较少。危害的寄主植物多以草本植物为主,可能是因为草本植物生长周期短、适应能力强、生长速度快,为扶桑绵粉蚧种群繁衍提供充足的食料。

扶桑绵粉蚧寄主范围广,世界其他国家有 53

科 154 种,我国有 40 科 99 种(李月红等,2011;张润志和王福祥,2010;周湾等,2012;Arif *et al.*, 2009),而惠州地区涉及 15 科 43 种植物。该虫不仅危害农作物马铃薯、西红柿、茄子、瓜类等,而且还危害园林植物和果树等,这可能与惠州的气候环境和寄主植物资源丰富有关。因此,在扶桑绵粉蚧的防控中,要重点加强对惠州马铃薯和蔬菜产区的防控,加强植物检疫和监测调查。

3.2 扶桑绵粉蚧的鉴定、入侵及遗传变异

扶桑绵粉蚧 COI 基因序列与 NCBI 和 BOLD 数据库比对,相似度达到 100%,说明线粒体 COI 基因可以开展扶桑绵粉蚧的分子鉴定。该虫的美国亚利桑那和加利福尼亚种群、印度种群、巴基斯坦、越南种群以及中国广西、福建、云南、海南和惠州种群,共有 4 个单倍型,其中东南亚种群与中国种群共享 2 个单倍型。扶桑绵粉蚧的 Tajima's *D* 值为 0.62686, Tajima's *D* 值为正值时说明进化方式为平衡选择,且有一些单倍型分化; Tajima's *D* 值为负值时为负向选择或群体扩张;而 Tajima's *D* 值接近 0 时,表明群体处于稳定状态。

惠州种群与印度种群、巴基斯坦、越南种群以及中国广西、福建、云南、海南种群遗传距离较小,与美国亚利桑那和加利福尼亚种群遗传距离较大。构建的系统发育树揭示了扶桑绵粉蚧的亲缘关系,美国亚利桑那和加利福尼亚种群与印度种群、巴基斯坦、越南种群以及中国广西、福建、云南、海南和惠州种群存在一定的遗传距离,分支较远,而印度种群、巴基斯坦、越南种群以及中国广西、福建、云南、海南和惠州种群亲缘关系较近,遗传距离小,表明这些种群尚未发生遗传变异。而惠州、海南、福建、广西种群与巴基斯坦种群单独聚在一支,说明入侵惠州地区的扶桑绵粉蚧可能来源于巴基斯坦。而入侵中国的扶桑绵粉蚧种群尚未发生明显的遗传变异,说明扶桑绵粉蚧入侵中国的时间较短,还未产生变异。

参考文献

关鑫,曾玲,陆永跃,2011. 广州地区自然条件下扶桑绵粉蚧入侵定殖能力研究. *生物安全学报*, 20(3): 192-197.

- 李月红,阮永明,颜宗德,周继芳,2011. 金华市扶桑绵粉蚧的发生与防治. *长江蔬菜* (5): 33-34.
- 马骏,胡学难,彭正强,刘海军,梁帆,陆永跃,2011. 基于 CLIMEX 模型的扶桑绵粉蚧在中国潜在地理分布预测. *植物检疫*, 25(1): 5-8.
- 吴福中,2015. 重要粉蚧的调查、鉴定和遗传多样性研究. 博士学位论文. 广州:华南农业大学.
- 吴福中,李惠萍,付海滨,2020. 扶桑绵粉蚧及其近似种的形态鉴定. *植物检疫*, 34(1): 21-25.
- 吴福中,刘志红,沈鸿,于飞,陈爽爽,王徐玫,伍和平,白学慧,胡永亮,曾玲,2014. 扶桑绵粉蚧对华南地区不同生境园林植物的危害调查及分析. *植物检疫*, 28(4): 64-69.
- 王福祥,熊红利,项宇,刘慧,李潇楠,冯晓东,2011. 从扶桑绵粉蚧看新发展植物有害生物的处置. *植物检疫*, 25(4): 89-91.
- 张润志,王福祥,2010. 扶桑绵粉蚧(棉花粉蚧). 北京:中国农业出版社.
- 周湾,王道泽,仇智灵,周平,刘伟塘,葛翔,胡树良,方镇许,2012. 扶桑绵粉蚧在浙江的寄主植物及发生特点. *植物保护*, 38(2): 152-155.
- 朱磊,刘志红,吴福中,沈鸿,谭章龙,王小勇,季林鹏,王徐玫,伍和平,2017. 惠州口岸进境粮谷外来杂草调查与监测. *生物安全学报*, 26(2): 139-143.
- ARIF M I, RAFIQ M, GHAFAR A, 2009. Host of cotton mealybug (*Phenacoccus solenopsis*): a new menace to cotton agroecosystem of Punjab. *International Journal of Agriculture and Biology*, 11: 163-167.
- SIMON C, FRATI F, BECKENBACH A, 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society America*, 87: 651-701.
- WILLIAMS D J, 2004. *Mealybugs of Southern Asia*. Kuala Lumpur, Malaysia: Southdene Sdn Bhd.
- WU F Z, MA J, HU X N, ZENG L, 2015. Homology difference analysis of invasive mealybug species *Phenacoccus solenopsis* Tinsley in South China with CO I gene sequence variability. *Bulletin of Entomological Research*, 105(1): 32-39.

(责任编辑:郭莹)