

李强, 李俊洁, 吴杨雪, 等. 2018. 入侵植物互花米草上的蚜虫新纪录: 一条蚜及其种群分化[J]. 武夷科学, 34: 72-83.

入侵植物互花米草上的蚜虫新纪录: 一条蚜及其种群分化

李 强¹, 李俊洁¹, 吴杨雪¹, 张宜辉², 黄晓磊^{1*}

(1. 闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建农林大学植物保护学院, 福建 福州 350002; 2. 厦门大学环境与生态学院, 福建 厦门 361102)

摘要: 本研究报道了一条蚜 *Hysteroneura setariae* 在中国华南地区取食入侵植物互花米草, 这是该植物上的首个蚜虫纪录。结合 DNA 条形码和系统发育分析, 探究了互花米草上一条蚜种群的来源, 并基于中国华南、印度、巴基斯坦、美国等地区样品的序列数据, 分析了一条蚜种群遗传分化格局。结果显示: 华南地区互花米草上的一条蚜来自周边其他寄主植物上一条蚜种群的扩散; 北美本土一条蚜种群与亚洲地区种群具有一定程度的遗传分化。

关键词: DNA 条形码; 系统发育; 种群遗传; 生物入侵; 蚜虫

中图分类号: Q969.36+7.2

文献标识码: A

文章编号: 1001-4276-(2018)01-0072-12

New record of *Hysteroneura setariae* on the invasive *Spartina alterniflora* in southern China and its population differentiation

LI Qiang¹, LI Jun-Jie¹, WU Yang-Xue¹, ZHANG Yi-Hui², HUANG Xiao-Lei^{1*}

(1. State Key Laboratory of Ecological Pest Control for Fujian and Taiwan Crops, College of Plant Protection, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China;
2. College of the Environment and Ecology, Xiamen University, Xiamen, Fujian 361102, China)

Abstract: This paper reports the record of *Hysteroneura setariae* on the invasive *Spartina alterniflora* in southern China, which is the first aphid record on this plant. Based on DNA barcoding and phylogenetic analysis, we investigated the origin of the *H. setariae* population on *S. alterniflora* as well as the population genetic differentiation of this aphid species based on sequence data from southern China, India, Pakistan, and USA. Results showed that the *H. setariae* population on *S. alterniflora* might have migrated from other host plants in the same area. The American *H. setariae* samples exhibited distinct differentiation from the Asian populations.

Key words: DNA barcoding; phylogenetics; population genetics; biological invasion; aphid

互花米草 (*Spartina alterniflora*) 起源于美洲大西洋海岸, 为多年生草本植物, 隶属于禾本科 Poaceae 米草属 *Spartina*。互花米草茎秆粗壮, 地下根系发达, 具有很强的生产力、繁殖力以及抗盐碱等生物学特性。二十世纪七十年代, 美国本土的互花米草被广泛应用于沿海地区固沙促淤、减浪护堤、重建滩涂盐沼生态系统 (Knutson et al., 1982; 方民杰, 2012; 钦佩等, 2012; 杨东等, 2014)。1979 年, 我国分别从美国北卡罗来纳州、佐治亚州和佛罗里达州引进了三种不同生态型的互花米草。虽然引种前期产生了一定的经济和生态效益, 但由于互花米草的快

收稿日期: 2018-10-02

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2016YFE0203100); 国家自然科学基金项目 (31772504); 福建省杰出青年科学基金项目 (2015J06005)。

作者简介: 李强 (1992-) 男, 硕士研究生。研究方向: 农业昆虫与害虫防治。Email: 17750225044@163.com。* 通讯作者黄晓磊 (1981-) 男, 教授。研究方向: 昆虫多样性。Email: huangxl@fafu.edu.cn。

速扩张,严重危害了沿海地区盐沼生态系统,因此 2003 年被中国环境保护部列为入侵物种(王卿等 2006)。

目前已知仅少数蚜虫物种可寄生米草属植物,包括: *Anoecia corni* 取食 *S. cynosuroides*, *Sipha littoralis* 取食 *S. maritima* 及 *S. townsendii*, *Prociphilus erigeronensis* 取食 *S. patens* (Blackman et al., 2018)。但互花米草上尚无蚜虫纪录,不管是在其原产地美国(Gary Miller, USDA, personal communication),还是在其入侵地区。然而在近期调查中,我们于厦门大学翔安校区的互花米草培育温室中发现大量取食该植物的蚜虫,经形态鉴定确定为一条蚜 *Hysteroneura setariae*。

一条蚜隶属于半翅目(Hemiptera)蚜科(Aphididae)蚜族(Aphidini),被认为起源于北美洲,并在北美温带地区周期性孤雌生殖,一般在欧洲李(*Prunus domestica*)完成有性世代。1940 年,北非地区也发现了该蚜虫的存在。1976 年,澳大利亚李属植物 *P. persica* 上发现了一条蚜的性蚜和卵,但其是否在澳大利亚进行全周期生活尚未可知(Carver, 1976)。一条蚜在 1960 年代中后期经历了一个快速扩散的过程,其无性生殖世代已经广泛的分布在世界范围内较为温暖的地区,包括印度、澳大利亚、南非、东南亚等地区(Blackman et al., 2018)。一条蚜主要取食禾本科植物,如水稻、甘蔗和玉米等,一般在穗的基部聚集为害,有时还会取食叶片以及未成熟的种子,造成谷物表面坏死斑点甚至空壳(Akibobetts et al., 1978; Noordam, 2004)。Jahn 等人(2005)曾报道在大豆(soybean)上发现一条蚜。另外在一些莎草科(Cyperaceae)以及油棕和椰子的幼苗上也偶见发生(Stoetzel et al., 2001; Blackman et al., 2018)。一条蚜还是重要的植物病毒携带者,比如南瓜花叶病毒(WMV)(Coudriet, 1962)、甘蔗花叶病毒(SCMV)(Harborne, 1988)以及大豆花叶病毒(SMV)(Quimio et al., 1993; Wijerathna et al., 1995)等,给农业生产造成重大损失。

本研究在对华南地区不同寄主植物上的一条蚜广泛采样的基础上,基于 DNA 条形码技术和分子系统发育分析,期望对互花米草上的一条蚜种群开展进一步的分子鉴定,并探究互花米草上一条蚜种群的来源。通过整合中国华南、印度、巴基斯坦、美国等地区一条蚜样品的序列数据,探讨不同地区或寄主植物一条蚜种群的遗传分化格局。

1 材料与方 法

1.1 样品采集

2015–2018 年,对中国华南地区(福建、广东、云南、海南、广西)进行了广泛的野外采样,每号样品保证为同一寄主同一生态位上的单克隆。采集到的样品均放入装有 95% 酒精的冻存管并置于 -20 °C 环境中保存。共有 62 号一条蚜样品用来进行分子生物学试验以及系统发育分析,其中 HL_20160302_Y1 为采自互花米草上的样品。详细的样品编号、GenBank 登录号、单倍型信息、寄主以及地理信息见表 1,凭证标本均放置于福建农林大学植物保护学院。

1.2 DNA 提取、PCR 和测序

本研究使用 DNeasy Blood & Tissue Kit(QIAGEN, GERMANY)试剂盒来提取单个蚜虫的基因组 DNA。选用的分子标记为线粒体细胞色素氧化酶 I 亚基(cytochrome oxidase subunit I, COI),并由 COI 的通用引物 LepF (5'-ATTCAACCAATCATAAAGATATTGG-3')和 LepR (5'-TAAACTTCTGGATGTCCAAAAAATCA-3')(Foottit et al., 2008)进行目标片段的扩增。PCR 扩

增体系为: 20 μL ddH₂O , 3 μL 10 \times buffer , 2.4 μL dNTP , 0.6 μL 前后引物 (10 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) , 0.4 μL Taq DNA 聚合酶 (5 U $\cdot \mu\text{L}^{-1}$) and 3 μL DNA 模板。反应条件为: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 20 s , 50 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s , 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 2 min , 共 35 个循环; 最后 , 72 $^{\circ}\text{C}$ 的终延伸 10 min。PCR 产物用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 , 目的条带清晰的样品寄送到上海生工生物有限公司进行双向测序。

1.3 数据处理

用 BioEdit 软件(Hall ,1999) 对所获得的序列进行汇总 , 依据每号样品的峰图对其双向序列进行校正。另外从 GenBank 数据库中下载了 15 条一条蚜的 COI 序列(表 1) 。将整合自测序列以及 GenBank 数据库下载的序列 , 进行下一步的系统发育分析。用 MAFFT(Katoh et al. , 2013) 对序列进行对齐 , 并用 BioEdit 将序列切成相同的长度。准备好的序列文件使用 MEGA 7.0 (Kumar et al. , 2016) 基于 Kimura 2-parameter (K2P) (Kimura ,1980) 模型计算遗传距离并分析序列的碱基的组成以及位点的变异情况。基于 Akaike Information Criterion (AIC) 使用 jModelTest 2.1.7 (Darriba et al. ,2012) 计算最佳核苷酸替换模型。选择同为蚜族的棉蚜 *Aphis gossypii* 和竹色蚜 *Melanaphis bambusae* 作为外群 , 使用 MEGA 7.0、RaxML 以及 MrBayes 3.2.6 等软件 , 使用邻接法(Neighbor-joining ,NJ) 、最大似然法(Maximum likelihood ,ML) 和贝叶斯法(Bayesian inference ,BI) 分别对一条蚜的序列构建系统发育树。另外对获得的 COI 序列进行单倍型网络构建 , 以探究一条蚜不同地理种群之间的种群遗传结构。首先将 COI 序列导入到 DNAsp v5 (Librado et al. , 2009) 来分析单倍型的组成 , 之后用 NETWORK 5.0.0.3(Bandelt et al. ,1999) 来构建 Median-joining 单倍型网络。

表 1 样品的采集信息、单倍型及 GenBank 登录号信息¹⁾

Table 1 Samples used in this study , with collection information , haplotype number and GenBank accession number

单倍型	样品编号	登录号	物种	寄主所属科	寄主	省份	城市
H_1	HL_20170208_1	MH821867	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Guangzhou
H_1	HL_20170203_5	MH821868	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Arundo donax</i>	Guangdong	Shenzhen
H_1	HL_20170810_13	MH821869	<i>Hysteroneura setariae</i>			Yunnan	Xishuangbanna
H_1	HL_20170813_15	MH821870	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Yunnan	Xishuangbanna
H_1	HL_20170814_9	MH821871	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Eleusine indica</i>	Yunnan	Xishuangbanna
H_1	HL_20170904_1	MH821872	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Eleusine indica</i>	Fujian	Zhangzhou
H_2	HL_20170926_4	MH821873	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20150904_2	MH821875	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Eleusine indica</i>	Fujian	Fuzhou
H_2	HL_20150908_3	MH821876	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Digitaria sanguinalis</i>	Fujian	Fuzhou
H_3	HL_20150908_4	MH821877	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Eleusine indica</i>	Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20150909_4	MH821878	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Eleusine indica</i>	Fujian	Fuzhou

续表 1

Table 1(Continued)

单倍型	样品编号	登录号	物种	寄主所属科	寄主	省份	城市
H_1	HL_20150917_2	MH821879	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20151010_4	MH821880	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Digitaria sanguinalis</i>	Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20151023_1	MH821881	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_2	HL_20151023_4	MH821882	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Digitaria</i> sp.	Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20151103_1	MH821883	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Eleusine indica</i>	Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20151104_2	MH821884	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20151104_3	MH821887	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20160119_2	MH821888	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20160216_4	MH821889	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Hainan	Sanya
H_1	HL_20160219_6	MH821890	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Hainan	Sanya
H_1	HL_20160219_8	MH821891	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Hainan	Sanya
H_2	HL_20160220_2	MH821892	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Hainan	Haikou
H_4	HL_20160221_6	MH821893	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Hainan	Haikou
H_1	HL_20160221_8	MH821894	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Hainan	Haikou
H_1	HL_20160222_1	MH821895	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Hainan	Haikou
H_1	HL_20160222_2	MH821896	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Hainan	Haikou
H_1	HL_20160222_7	MH821898	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20160302_Y1	MH821899	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Spartina alterniflora</i>	Fujian	Xiamen
H_2	HL_20160612_1	MH821900	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20160615_4	MH821901	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20161005_1	MH821902	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20161116_3	MH821903	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Miscanthus</i> sp.	Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20161116_7	MH821904	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Miscanthus</i> sp.	Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20161122_7	MH821905	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Digitaria</i> sp.	Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20161122_8	MH821906	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20161128_1	MH821907	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou

续表 1
Table 1(Continued)

单倍型	样品编号	登录号	物种	寄主所属科	寄主	省份	城市
H_1	HL_20161129_3	MH821909	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20161205_9	MH821910	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Digitaria</i> sp.	Fujian	Fuzhou
H_1	HL_20150518_3	MH821911	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Fujian	Fuzhou
H_1	HL_zld20171029_9	MH821912	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangxi	Yulin
H_2	HL_zld20171029_10	MH821913	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangxi	Yulin
H_1	HL_zld20171031_12	MH821914	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Eleusine indica</i>	Guangxi	Chongzuo
H_1	HL_zld20171101_1	MH821915	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Paspalum thunbergii</i>	Guangxi	Chongzuo
H_1	HL_zld20171022_4	MH821916	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Maoming
H_1	HL_zld20171101_5	MH821917	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangxi	Chongzuo
H_5	HL_zld20171101_10	MH821918	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangxi	Chongzuo
H_1	HL_zld20171101_13	MH821920	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangxi	Chongzuo
H_1	HL_zld20171022_5	MH821921	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Maoming
H_1	HL_zld20171102_17	MH821922	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Paspalum conjugatum</i>	Guangxi	Chongzuo
H_1	HL_zld20171103_4	MH821923	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangxi	Chongzuo
H_1	HL_zld20171103_5	MH821924	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Phragmites karka</i>	Guangxi	Chongzuo
H_1	HL_zld20171022_19	MH821925	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Maoming
H_1	HL_zld20171023_2	MH821926	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Paspalum conjugatum</i>	Guangdong	Maoming
H_1	HL_zld20171023_3	MH821927	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Maoming
H_1	HL_zld20171023_7	MH821928	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae	<i>Axonopus compressus</i>	Guangdong	Maoming
H_1	HL_zld20171020_4	MH821929	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Jieyang
H_2	HL_zld20171024_7	MH821931	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Maoming
H_2	HL_zld20171020_5	MH821932	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Jieyang
H_2	HL_zld20171020_6	MH821933	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Jieyang
H_2	HL_zld20171027_8	MH821934	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangxi	Yulin
H_1	HL_zld20171020_7	MH821935	<i>Hysteroneura setariae</i>	Gramineae		Guangdong	Jieyang
H_1	BIOUG15298-C05*	KY840405	<i>Hysteroneura setariae</i>			Pakistan	
H_1	BIOUG15298-C10*	KY844637	<i>Hysteroneura setariae</i>			Pakistan	

续表 1

Table 1(Continued)

单倍型	样品编号	登录号	物种	寄主所属科	寄主	省份	城市
H_1	BIOUG15298-D03*	KY842881	<i>Hysteroneura setariae</i>			Pakistan	
H_1	BIOUG15397-D05*	KY845795	<i>Hysteroneura setariae</i>			Pakistan	
H_1	BIOUG15397-D06*	KY846156	<i>Hysteroneura setariae</i>			Pakistan	
H_1	BIOUG17840-D01*	KY833481	<i>Hysteroneura setariae</i>			Pakistan	
H_1	BIOUG17840-E07*	KY843391	<i>Hysteroneura setariae</i>			Pakistan	
H_6	CNC* HEM028532*	KR041799	<i>Hysteroneura setariae</i>			USA	
H_7	CNC* HEM055851*	KR030871	<i>Hysteroneura setariae</i>			USA	
H_1	KBRIIHR-173*	JX051409	<i>Hysteroneura setariae</i>			India	
H_8	KBRIIHR-195*	JX051431	<i>Hysteroneura setariae</i>			India	
H_1	KBRIIHR-196*	JX051432	<i>Hysteroneura setariae</i>			India	
H_9	KBRIIHR-197*	JX051433	<i>Hysteroneura setariae</i>			India	
H_1	ORP-2010-59*	HQ112194	<i>Hysteroneura setariae</i>			India	
H_1	SBITR-HST15*	KX519325	<i>Hysteroneura setariae</i>			India	

1) * 代表从 GenBank 下载序列

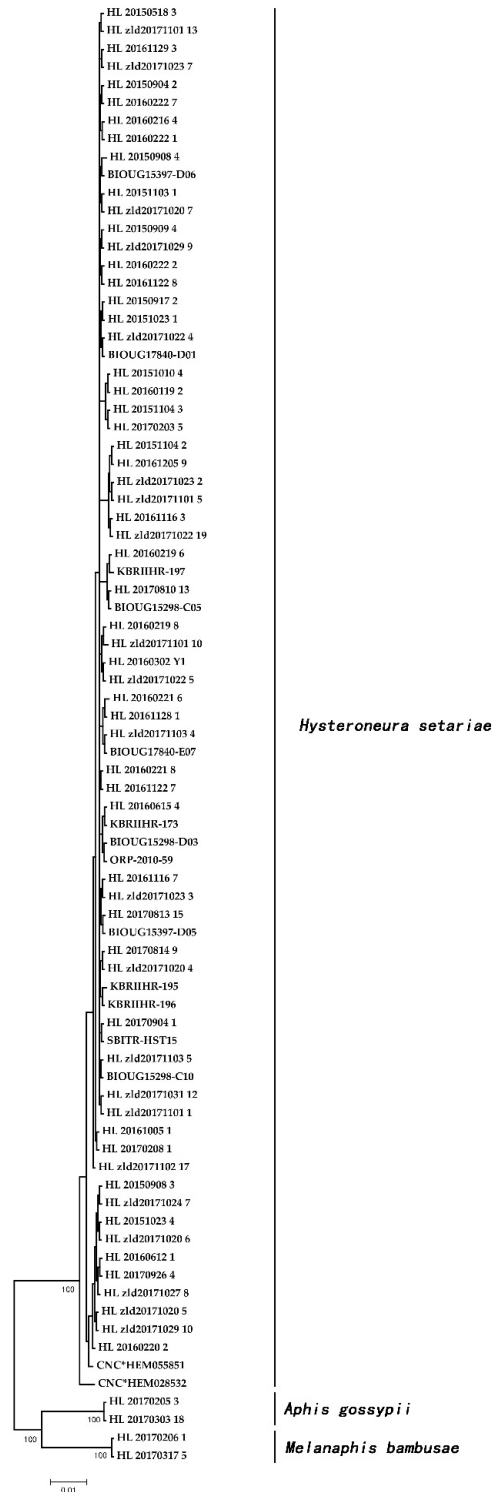
2 结果与分析

2.1 序列特征

本研究所获得的 62 条序列最终统一截齐为 560 bp, 共包含 554 个保守位点, 6 个可变位点以及 3 个简约信息位点。序列核苷酸组成呈现很明显的 A+T 偏向 (T: 40.2%, C: 14.8%, A: 35.7%, G: 9.3%)。加上 NCBI 下载的 15 条一条蚜序列最终共 77 条序列, 包含 546 个保守位点, 14 个可变位点和 4 个简约信息位点。序列核苷酸碱基 T、C、A、G 的占比分别为 40.2%、14.8%、35.7% 和 9.3%, 依然呈现非常明显的 A+T 偏向。

2.2 遗传距离及系统发育分析

基于 K2P 模型计算的自测样品序列的遗传距离范围为 0%–0.7%, 平均遗传距离为 0.2%; 加上 NCBI 下载的一条蚜序列后, 遗传距离范围 0%–1.6%, 平均遗传距离 0.7%。值得注意的是, 序列间最大遗传距离 (1.6%) 来自于美国的样品 (表 2)。jModelTest 软件所计算的最佳核苷酸替换模型为 GTR+I, 基于此模型构建的 BI 和 ML 系统发育树以及基于 K2P 模型计算的 NJ 树均显示相似的拓扑结构 (图 1 附图 1、2)。中国、巴基斯坦以及印度的一条蚜样品在系统发育树上很好的聚成一支, 但是来自美国的两号样品 (CNC* HEM028532 和 CNC* HEM055851) 很明显的聚成了独立于其他分支的两个单独分支, 并且均具有很高的支持率以及后验概率。在厦门地区取食互花米草的一条蚜样品与其他不同地区、不同寄主的一条蚜聚在同一分枝。



序列的名称由凭证标本号组成,当分支后验概率大于90%时,其值显示在进化树上。

图 1 基于 COI 序列构建的贝叶斯系统发育树(BI)

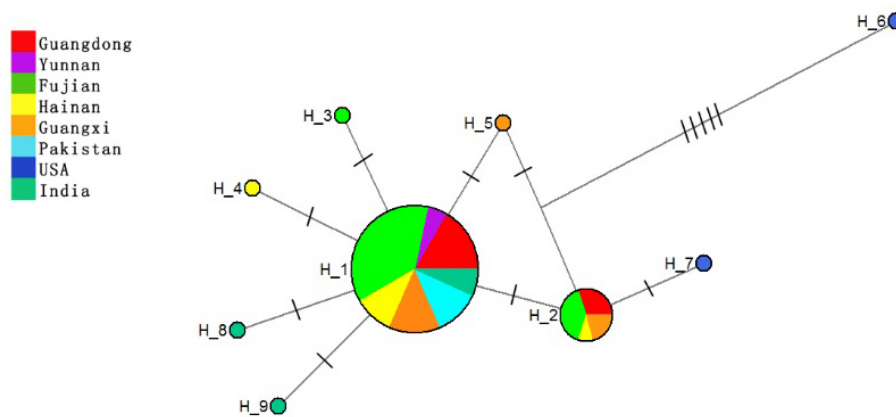
Figure 1 The BI phylogenetic tree based on COI

表 2 一条蚜不同样品组成的遗传距离范围以及平均遗传距离
Table 2 The genetic distances for different sequence sets of *Hysteroneura setariae*

样品	物种	标记基因	序列数	遗传距离范围 / %	平均遗传距离 / %
自测	<i>Hysteroneura setariae</i>	COI	62	0–0.7	0.2
自测+NCBI	<i>Hysteroneura setariae</i>	COI	77	0–1.6	0.7

2.3 单倍型与单倍型网络分析

本研究所涉及的 77 号样品中, 共包含 9 个 COI 单倍型(表 1)。根据单倍型网络分析可以看出(图 2), H₁ 包含了 77.9% 的样品(60 号), 覆盖了 Guangdong、Yunnan、Fujian、Hainan、Guangxi、Pakistan、India 等地。相较于其他单倍型, H₆ 和 H₇ 呈现了较大的分化, 这两条序列分别代表美国的两号样品。



圆圈代表不同的单倍型, 不同的颜色和大小代表不同的地理区域和相关单倍型的数量(Hap₁: 60、Hap₂: 10、Hap₃: 1、Hap₄: 1、Hap₅: 1、Hap₆: 1、Hap₇: 1、Hap₈: 1、Hap₉: 1)。圆圈之间的短线代表不同单倍型之间的变异情况。

图 2 基于 COI 序列的单倍型网络图

Figure 2 Haplotype networks based on COI sequences

3 讨论

由一条蚜的系统发育树以及单倍型组成可以看出, 采自厦门温室中互花米草上的一条蚜与同域分布但取食其他寄主植物(马唐属、稗属以及芒属等)的很多一条蚜样本具有同一单倍型, 并位于系统树的同一分支。考虑到厦门大学翔安校区温室中的互花米草均为采自各地的种子种植而来, 不存在一条蚜随植株远距离扩散的可能, 因此取食互花米草的一条蚜应该由周边其他寄主种群扩散而来。

在 DNA 条形码研究中, 判别为不同物种的遗传距离阈值在不同类群中有所差别。Weigand 等人(2013)在关于 Carychiidae 的研究中表明, 3.2% 可以用来区分不同的物种。在鳞翅目中, 2% 常用区分不同的物种(Hajibabaei et al., 2006)。在蚜虫相关研究中, 2% 也被用来作为区分种内与种间关系阈值(Footit et al., 2008; Liu et al., 2013; Zhu et al., 2017)。在本研究中, 自测样品覆盖了中国华南地区, 其样品之间最大遗传距离仅 0.7%, 远远低于种间距的阈值。自测样品与从 GenBank 下载的巴基斯坦和印度的序列之间遗传距离也为 0.7%, 表明中国华南及东南亚地区分布的一条蚜遗传分化不大。一条蚜原产地北美洲的序列与其他样品间遗传距离非常显著, 最大达到 1.6%, 暗示一条蚜从原产地北美向世界其他地区扩散后, 在不同的

地理区域已形成一定的遗传分化。然而,北美种群与亚洲种群明显的遗传分化主要由地理因素还是寄主植物因素所导致,尚需要基于更多样品的深入分析。

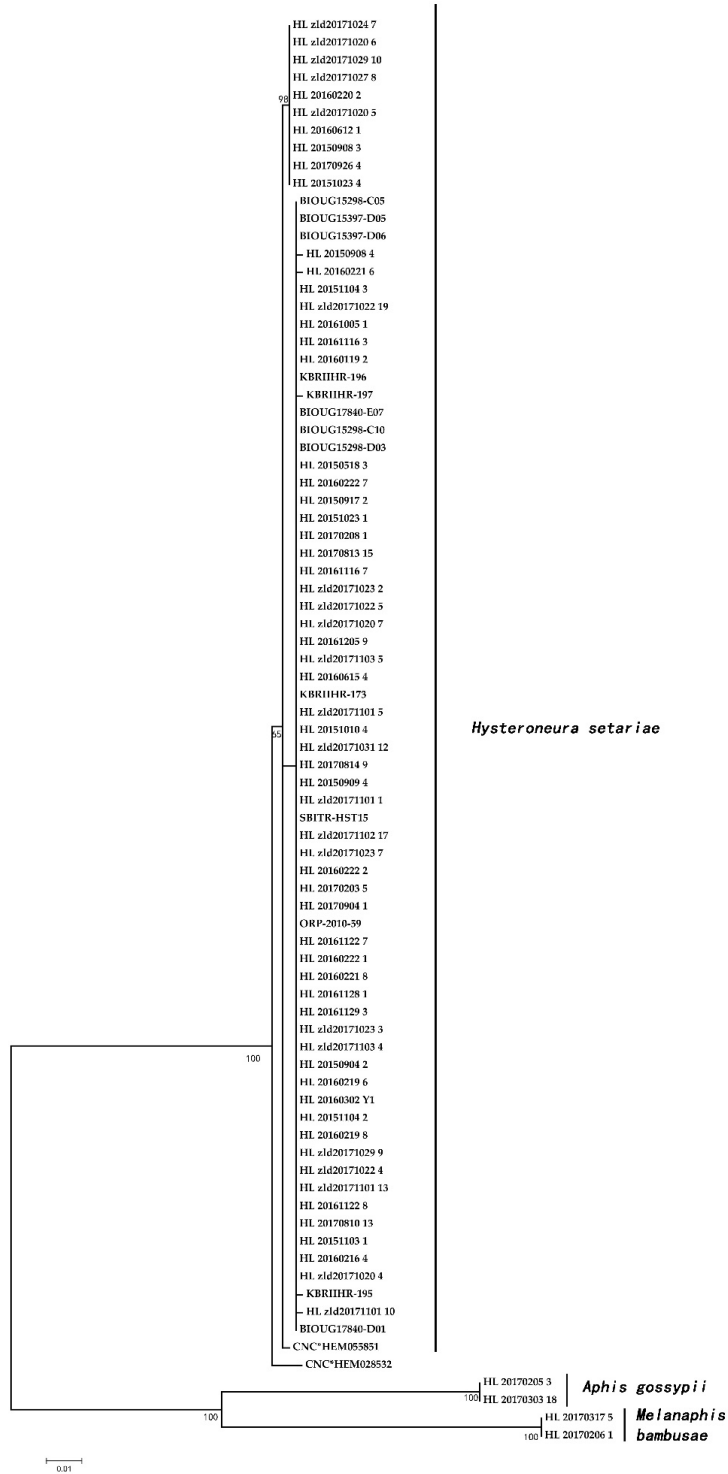
目前防控互花米草的主要方法有物理清除、化学农药和生物防治等方法(Hedge et al., 2003)。物理防治主要通过手工拔除、遮阴、刈割等(李艳丽等 2009),有研究表明,围堤浸泡互花米草使其缺氧而亡也是一种相对有效的防治方法(Aberle, 1990),使用物理的方法虽然暂时有效,但是费时费力高成本。而且互花米草的根系比较发达,使用物理的方法常常达不到根除的效果(李贺鹏等 2007)。化学防治主要是通过施用一些除草剂(草甘膦、咪唑烟酸以及米草败育灵),施用除草剂会对其周边生态系统造成非常大的伤害,并且受季节和天气的影响(Norman et al., 1994)。关于对互花米草的生物防治学术界持保守态度。主要是由于互花米草的天敌作用比较复杂,因为有些天敌不仅作用于互花米草,有时还会对非靶标生物造成危害,更有甚者会导致新的生物入侵。一些有益的探索,例如大丰王港用芦苇替代互花米草的生态工程(张茜等 2007),以及利用真菌(麦角菌 *Claviceps purpurea*)和植食性昆虫(飞虱 *Prokelisia marginata* 以及蝗虫 *Melanoplus* sp. 等的寄生或取食,暗示生物防控或可作为有效控制互花米草扩散的方法(Johnson et al., 2008; Grevstad et al., 2012)。本研究首次发现一条蚜取食互花米草的纪录,将为后期研究互花米草的生物防控提供有效参考。

参考文献

- 方民杰 2012.福建沿岸海域互花米草的分布[J].台湾海峡, 31(1): 100-104.
- 李贺鹏, 张利权 2007.外来植物互花米草的物理控制实验研究[J].华东师范大学学报(自然科学版)(6): 44-55.
- 李艳丽, 王磊, 张文佳 等 2009.互花米草控制技术对湿地土壤有机碳保留能力与微生物活性的影响[J].农业环境科学学报, 28(7): 1 529-1 534.
- 钦佩, 李思宇 2012.互花米草的两面性及其生态控制[J].生物安全学报, 21(3): 167-176.
- 王卿, 安树青, 马志军 等 2006.入侵植物互花米草—生物学、生态学及管理[J].植物分类学报, 44(5): 559-588.
- 杨东, 万福绪 2014.外来入侵种互花米草的研究进展[J].植物保护, 40(2): 5-10.
- 张茜, 赵福庚, 钦佩 2007.苏北盐沼芦苇替代互花米草的化感效应初步研究[J].南京大学学报(自然科学版), 43(2): 119-126.
- Aberle B L 1990. The biology control and eradication of introduced *Spartina*(cordgrass) worldwide and recommendations for its control in Washington. [M]. Seattle: Washington State Department of Natural Resources.
- Akibobetts D T, Raymundo S A 1978. Aphids as rice pests in Sierra Leone [J]. International Rice Research Newsletter, 3: 15-16.
- Bandelt H J, Forster P, Röhl A 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies [J]. Molecular Biology and Evolution, 16(1): 37-48.
- Blackman R L, Eastop V F 2018. Aphids on the World's Plants: An online identification and information guide [EB/OL]. [2018-8-5]. <http://www.aphidsonworldsplants.info/>.
- Carver M 1976. New and recent additions to the aphid fauna of Australia(Homoptera: Aphididae) [J]. Australian Journal of Entomology, 15(4): 461-465.
- Coudriet D L 1962. Efficiency of various insects as vectors of cucumber mosaic and watermelon mosaic viruses in cantaloups [J]. Journal of Economic Entomology, 55(4): 519-520.
- Darriba D, Taboada G L, Doallo R et al 2012. jModel Test 2: more models, new heuristics and parallel computing [J]. Nature Methods, 9(8): 772.

- Footitt R G ,Maw H E L ,Dohlen C D V ,et al 2008.Species identification of aphids(Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes [J].Molecular Ecology Resources 8(6) : 1 189-1 201.
- Grevstad F S ,O'Casey C ,Katz M L 2012.A comparison of four geographic sources of the biocontrol agent *Prokelisia marginata* (Homoptera: Delphacidae) following introduction into a common environment [J].Environmental Entomology 41(3) : 448-454.
- Hajibabaei M ,Janzen D H ,Burns J M ,et al 2006.DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera [J].Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 103(4) : 968-971.
- Hall T A 1999.BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT [J].Nucleic Acids Symposium Series 41: 95-98 .
- Harborne K M 1998.Population dynamics of the main aphid vectors of sugarcane mosaic virus in Natal [J].Proceedings of the annual congress-South African Sugar Technologists' Association 6: 195-198.
- Hedge P ,Kriwoken L ,Patten K 2003.A review of *Spartina* management in Washington State ,US [J].Journal of Aquatic Plant Management 41: 82-90.
- Jahn G C ,Almazan L P ,Pacia J B 2005.Effect of nitrogen fertilizer on the intrinsic rate of increase of *Hysteronura setariae*(Thomas) (Homoptera: Aphididae) on rice(*Oryza sativa* L.) [J].Environmental Entomology 34(4) : 938-943.
- Johnson D S ,Jessen B J 2008.Do spur-throated grasshoppers ,*Melanoplus* spp.(Orthoptera: Acrididae) ,exert top-down control on smooth cordgrass *Spartina alterniflora* in northern New England? [J].Estuaries and Coasts 31(5) : 912-919.
- Katoh K ,Standley D M 2013.MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability [J].Molecular Biology and Evolution 30(4) : 772-780.
- Kimura M 1980.A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences [J].Journal of Molecular Evolution 16(2) : 111-120.
- Knutson P L ,Brochu R A ,Seelig W N ,et al 1982.Wave damping in *Spartina alterniflora* marshes [J].Wetlands 2(1) : 87-104.
- Kumar S ,Stecher G ,Tamura K 2016.MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets [J].Molecular Biology and Evolution 33(7) : 1 870-1 874.
- Librado P ,Rozas J 2009.DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J].Bioinformatics 25(11) : 1 451-1 452.
- Liu Q H ,Jiang L Y ,Qiao G X 2013.DNA barcoding of Greenideinae(Hemiptera: Aphididae) with resolving taxonomy problems [J].Invertebrate Systematics 27(4) : 428-438.
- Noordam D 2004.Aphids of Java.Part V: Aphidini(Homoptera: Aphididae) [J].Zoologische Verhandlungen 346: 7-83.
- Norman M ,Patten K 1994.Optimizing the efficacy of glyphosate to control *Spartina alterniflora* [C].Unpublished progress report submitted to Washington State Department of Natural Resources ,Olympia.
- Quimio G M ,Calilung V J 1993.Survey of flying viruliferous aphid species and population build-up of *Aphis glycines* Matsumura in soybean fields [J].Philippine Entomologist 9(1) : 52-100.
- Stoetzel M B ,Miller G L 2001.Aerial feeding aphids of corn in the United States with reference to the root-feeding *Aphis maidiradicis*(Homoptera: Aphididae) [J].Florida Entomologist 84(1) : 83-98.
- Weigand A M ,Jochum A ,Slapnik R ,et al 2013.Evolution of microgastropods(Ellobioidea ,Carychiidae) : integrating taxonomic phylogenetic and evolutionary hypotheses [J].BMC Evolutionary Biology 13(1) : 18.
- Wijerathna M A P ,Edirisinghe J P 1995.Preliminary observations on graminaceous aphids(Homoptera: Aphididae) of the Peradeniya University Park [J].Ceylon Journal of Science Biological Sciences 24(1) : 34-41.
- Zhu X C ,Chen J ,Chen R ,et al 2017.DNA barcoding and species delimitation of Chaitophorinae(Hemiptera ,Aphididae) [J].ZooKeys 656: 25.

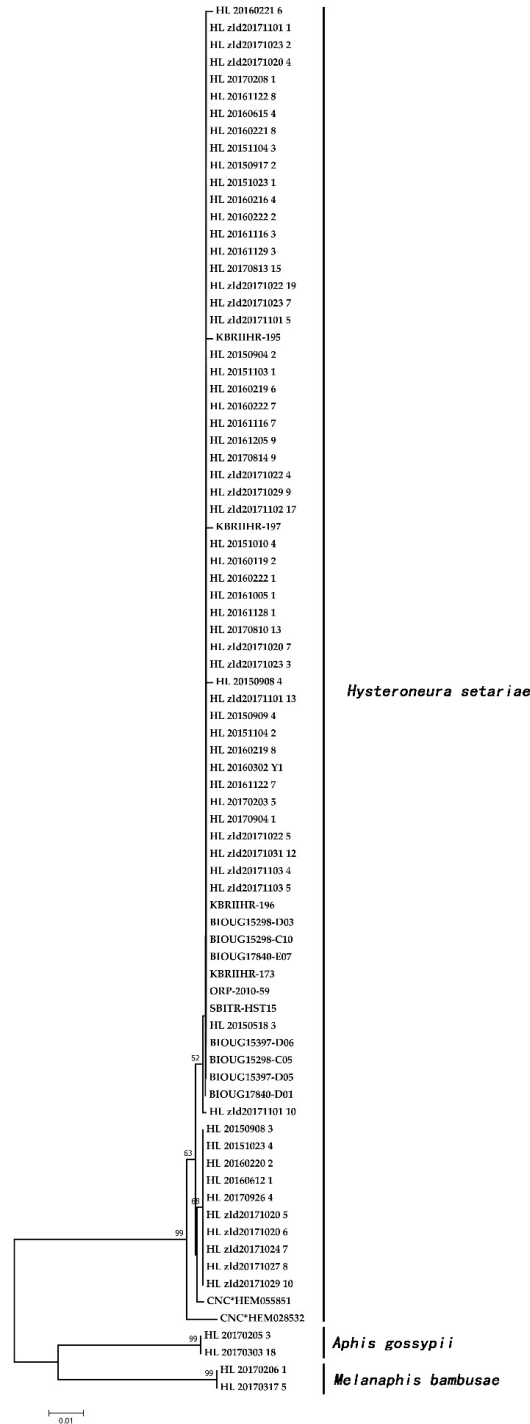
附录



序列的名称由凭证标本号组成 当分支自举值大于 50 时 其值显示在进化树上。

图 1 基于 COI 序列构建的最大似然法系统发育树(ML)

Figure 1 The ML phylogenetic tree based on COI



序列的名称由凭证标本号组成, 当分支自举值大于 50 时, 其值显示在进化树上。

图 2 基于 COI 序列构建的邻接法系统发育树(NJ)

Figure 2 The NJ phylogenetic tree based on COI

(责任编辑: 陈晓雯)