

基于 *mtCOI* 基因序列的我国云南省和缅甸、柬埔寨草地贪夜蛾种群遗传多样性分析

李向永¹ 尹艳琼¹ KHIN Thein Nyunt² KHAY Sathya³ 刘莹¹ 湛爱东^{1*}

(1. 云南省农业科学院农业环境资源研究所, 昆明 650205; 2. 缅甸农业、畜牧和灌溉部农业研究司, 内比都 15013;
3. 柬埔寨农业研究和发展研究所, 万象 12002)

摘要: 为制定有效的草地贪夜蛾防控措施, 分别自缅甸、柬埔寨和我国云南省采集4、2和8个种群共542个草地贪夜蛾样品, 基于 *mtCOI* 基因序列分析这14个种群的遗传多样性指数、遗传分化系数及基因流。结果表明, 缅甸草地贪夜蛾种群的单倍型多样性指数和平均核苷酸差异数分别介于0.273~0.396和4.643~6.727之间, 高于我国云南省的草地贪夜蛾种群, 分别介于0.047~0.214和0.791~3.636之间; 除ZT种群、LS种群和TO种群外, 其它11个种群的Fu's *F* 均为显著正值, 表明缅甸、柬埔寨和我国云南省的草地贪夜蛾种群未经历种群扩张事件; 在14个种群中, LS种群与其它种群分化较明显, TK种群、MY种群、CP种群、MS种群和KY种群有效迁入个数和有效迁出个数之和较高, 分别为699.41、682.50、855.76、684.56和701.31, 推测这5个种群在草地贪夜蛾基因交流中起着类似“中转站”的作用。

关键词: 草地贪夜蛾; *mtCOI* 基因; 种群遗传多样性; 遗传分化; 基因流

Analysis on population genetic diversity of fall armyworm *Spodoptera frugiperda* in Yunnan Province, China, Myanmar and Cambodia based on *mtCOI* gene sequence

LI Xiangyong¹ YIN Yanqiong¹ KHIN Thein Nyunt² KHAY Sathya³ LIU Ying¹ CHEN Aidong^{1*}

(1. Institute of Agricultural Resources and Environment, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, Yunnan Province, China; 2. Department of Agricultural Research, Ministry of Agriculture, Livestock and Irrigation, Naypyitaw 15013, Myanmar; 3. Plant Protection Division, Cambodian Agricultural Research and Development Institute, Phnom Penh 12002, Cambodia)

Abstract: In order to provide scientific guidance for effective management of fall armyworm *Spodoptera frugiperda* in Yunnan Province, the population genetic diversity, genetic differentiation coefficient and gene flow of 542 samples were analyzed based on *mtCOI* gene, which four populations collected from Myanmar, two populations from Cambodia and eight populations from Yunnan Province. The results showed that the haplotype diversity index of Myanmar population (0.273–0.396) was higher than that of Yunnan population (0.047–0.214), and the average number of nucleotide differences of Myanmar population (4.643–6.727) was higher than that of Yunnan population (0.791–3.636). In 11 populations, the value of Fu's *F* test was significantly positive indicated that there were no recent population expansion events in Myanmar, Cambodia and Yunnan. In 14 populations, there was genetic differentia-

基金项目: 云南省重点研发计划(2019IB007), 云南省农业跨境有害生物协同绿色防控创新团队, 云南省学术技术带头人培养项目(201905C160041)

* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: shenad68@163.com

收稿日期: 2020-05-01

tion between population LS and other populations, the effective migration numbers of population TK, MY, CP, MS, and KY, were 699.41, 682.50, 855.76, 684.56 and 701.31, respectively, it showed that those populations maybe play an important role of “transfer station” in gene flow of fall armyworm.

Key words: *Spodoptera frugiperda*; *mtCOI* gene; population genetic diversity; genetic differentiation; gene flow

缅甸与我国云南省处于同一迁飞带(场),是我国重大迁飞性入侵害虫的虫源区(Li et al., 2016; Yin et al., 2017)。草地贪夜蛾 *Spodoptera frugiperda* 又名秋黏虫,是世界性重大迁飞性害虫(Todde & Poole, 1980),原产于美洲热带与亚热带地区,于2016年1月传入非洲(Goergen et al., 2016; Nagoshi et al., 2018),于2018年传入缅甸。在无统防统治的防控措施下,缅甸草地贪夜蛾种群不断入侵我国云南省普洱、临沧、保山、德宏傣族景颇族自治州、西双版纳等地,给我国草地贪夜蛾防控带来了巨大压力(李向永等, 2019)。了解云南省草地贪夜蛾种群与缅甸等境外种群的遗传背景将有助于制定有效的防控措施。

昆虫种群遗传结构可为种群遗传多态性、种群间基因流方向、范围估计及种群系统发育关系推测提供参考依据(Huang et al., 2007; Dalmon et al., 2008)。线粒体DNA(mitochondrial DNA, mtDNA)是进行种群遗传结构分析的常用分子标记之一(Jung & Lee, 2011; 魏书军和陈学新, 2011; Dong et al., 2014),常用mtDNA基因有 *COI*、*COII*、*CYTB*、*ND1*、*ND2*、*ND5*、*12S RNA* 和 *16S RNA* 等(Liu et al., 2012; Wan et al., 2012),其中 *COI* 基因的应用频率最高,被用于东亚飞蝗 *Locusta migratoria manilensis* (Ma et al., 2012)、西花蓟马 *Frankliniella occidentalis* (Duan et al., 2013)、烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Chu et al., 2014; 刘晓娜等, 2016; 郑宇等, 2016)、苜蓿盲蝽 *Adelphocoris suturalis* (Zhang et al., 2015)、亚洲玉米螟 *Ostrinia furnacalis* (杨哲等, 2015)、亚洲小车蝗 *Oedaleus asiaticus* (李云龙等, 2016)、大豆食心虫 *Leguminivora glycinivorella* (史树森等, 2018)、草地螟 *Loxostege sticticalis* (呼晓庆和杨兆富, 2019)及橘大实蝇 *Bactrocera minax* (张岳等, 2019)等昆虫的种群遗传多样性研究中。在北美地区,草地贪夜蛾有玉米型和水稻型2种生物型,其生物型体表外观难以区别,需借助线粒体 *COI* 基因(mitochondrial cytochrome oxidase I gene, *mtCOI*) (Levy et al., 2002; Nagoshi et al., 2006; 2008)或磷酸甘油醛异构酶 *Tpi* 等分子标记才能准确区分(Machado et al., 2008)。已

有研究表明玉米型草地贪夜蛾和水稻型水稻贪夜蛾在我国混合发生(唐运林等, 2019; 陈冬平等, 2020; 王鹏等, 2020)。目前关于缅甸等境外种群的遗传多样性尚无相关报道。

为了掌握草地贪夜蛾缅甸种群、柬埔寨种群和云南种群的遗传多样性,本研究分别自缅甸、柬埔寨和我国云南省采集4、2和8个种群共542个草地贪夜蛾样品,基于 *mtCOI* 分子标记分析这14个草地贪夜蛾种群的遗传多样性指数、遗传分化系数及基因流,从分子水平研究草地贪夜蛾入侵我国云南省后的种群遗传结构变化,以期揭示虫源区的分布及迁飞扩散路径提供基础数据,并为制定有效的区域防控措施提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

供试虫源:2019年4—8月在我国云南省、缅甸和柬埔寨共采集了14个草地贪夜蛾地理种群,共542个样品,其中自我国云南省、缅甸和柬埔寨分别采集了8、4和2个种群,样品分别为337、170和25个。将田间采集的14个草地贪夜蛾种群标本进行标记并带回实验室,于无水酒精中浸泡后,于-20℃下保存备用。

试剂和仪器:Tissue DNA 试剂盒,美国 Omega Bio-Tek 公司;2×PCR Master Mix,加拿大 Applied Biological Materials 公司。T100 PCR 仪,美国 Bio-Rad 公司;GT Cell 水平电泳仪,美国 Bio-Rad 公司。

1.2 方法

1.2.1 草地贪夜蛾14个种群的田间采集

所有采集的田块面积不小于667 m²,以小喇叭口期玉米为主,云南省每个种群采集不低于25个草地贪夜蛾样品,柬埔寨和缅甸种群尽量采集足够多的样品,所采集的草地贪夜蛾以3龄和4龄幼虫为主,少数为5龄和6龄幼虫。

2019年5月自缅甸央东实验农场(95°39'36" E, 17°3'4" N)、达贡实验农场(96°12'36" E, 20°8'24" N)、敏建实验农场(95°23'24" E, 21°28'48" N)和东枝实验农场(96°56'24" E, 20°54'36" N)连片种植的

玉米田块中分别采集44、31、38和57个草地贪夜蛾样品,分别命名为ND种群、TK种群、MY种群和TG种群。2019年7月下旬至8月初自柬埔寨特本克蒙省 Chirou Mouy 区(105°30'36" E, 12°1'12" N)和磅湛省 Chamkar Leu 区(105°18'36" E, 12°13'12" N)连片种植的玉米田块中分别采集24个和11个草地贪夜蛾样品,分别命名为CP种群和TO种群。2019年4月和6月自我国云南省德宏傣族景颇族自治州芒市芒市镇拉怀村(98°34'12" E, 24°28'48" N)、沧源县勐角镇莲花塘村(99°15'36" E, 23°13'48" N)、元江县澧江镇大白田村(102°0'36" E, 23°35'24" N)、开远市乐白道街道乍黑村(103°14'24" E, 23°36'36" N)、景谷县威远镇芒行村(100°42'36" E, 23°33'36" N)、富民县永定镇甸尾村(102°31'48" E, 25°9'4" N)、水富县向家坝镇梁上村(104°24'36" E, 28°37'12" N)、泸水市上江镇蛮召村(98°52'48" E, 25°36'36" N)连片种植的玉米田块中分别采集37、43、53、34、70、30、25和45个草地贪夜蛾样品,分别命名为MS种群、CY种群、YJ种群、KY种群、JG种群、FM种群、ZT种群和LS种群。

1.2.2 草地贪夜蛾 *mtCOI* 基因扩增和测序

每个种群样品灭菌后,将单头草地贪夜蛾幼虫分装于1.5 mL离心管中,按照Tissue DNA试剂盒说明书提取单头草地贪夜蛾幼虫的基因组DNA,提取后DNA于-20℃保存备用。根据已公布的草地贪夜蛾 *mtDNA* 基因全长(GenBank索引号KM 362176),设计扩增草地贪夜蛾 *mtCOI* 基因的特异性引物FAW-F (5'-CAACATTTATTTTGATTTTTTGG-3')/FAW-R (5'-CCATTACATATAATCTGCCATATTA-3'),引物委托北京擎科生物技术有限公司合成。50 μL PCR扩增体系:模板DNA 2 μL、引物FAW-F 2 μL、引物FAW-R 2 μL、PCR MIX 25 μL、ddH₂O 19 μL。PCR反应程序:94℃预变性5 min;94℃变性30 s,55℃退火30 s,72℃延伸60 s,共35次循环;72℃再延伸30 min。PCR产物经电泳检测后,委托北京擎科生物技术有限公司进行正向测序,使用Bioedit软件对所得测序进行测序峰图质量检查和碱基序列校对,542个草地贪夜蛾样品共获得526个 *mtCOI* 基因序列,对其进行碱基序列比对取齐后,选取长度为785 bp序列进行后续分析。

1.2.3 14个草地贪夜蛾地理种群的遗传多样性指数

采用Clustal W软件对扩增所得的 *mtCOI* 基因序列进行同源比对后,采用DnaSP 5.0软件计算14个草地贪夜蛾种群的多态位点数、突变位点数、单倍型

数目、单倍型多样性、核苷酸多样性、核苷酸多样性Jukes和Cantor校正值、平均核苷酸差异、Tajima's *D* 中性检验值和Fu's *F* 检验值。

1.2.4 14个草地贪夜蛾地理种群的遗传分化分析

采用ARLEQUIN 3.5软件计算14个草地贪夜蛾种群内的遗传分化系数 F_{st} 。 F_{st} 参考Rousset (1997)方法来确定草地贪夜蛾14个种群由遗传结构所引起的遗传分化情况,即当 $F_{st} \leq 0$ 时,表明2个种群之间基因交流频繁;当 $0 < F_{st} \leq 0.05$ 时,表明2个种群之间无遗传分化或遗传分化较低;当 $0.05 < F_{st} \leq 0.15$ 时,表明2个种群之间中度分化;当 $0.15 < F_{st} \leq 0.25$ 时,表明2个种群之间高度分化;当 $F_{st} > 0.25$ 时,表明2个种群之间极度分化。

1.2.5 基于 *mtCOI* 的14个草地贪夜蛾种群基因流分析

为了评价我国云南省、柬埔寨和缅甸的14个不同地理种群的扩散能力,采用MIGRATE 3.2.16软件计算14个草地贪夜蛾种群之间的基因流 N_m 。各种群有效迁入个数和有效迁出个数由MIGRATE 3.2.16软件计算后导出。当某个种群的有效迁入个数和有效迁出个数之和较高时,说明这个种群在区域间起着基因交流“中转站”的作用。

2 结果与分析

2.1 草地贪夜蛾不同地理种群的遗传多样性指数

在14个草地贪夜蛾种群中,ZT种群、LS种群和TO种群的单倍型数量为1,其它参数均不能估算,其它11个草地贪夜蛾种群的多态位点数均为17,突变位点数也均为17,单倍型数目均为2,即水稻型和玉米型。缅甸的ND种群、TK种群、MY种群、TG种群单倍型多样性介于0.273~0.396之间,核苷酸多样性介于0.005 9~0.008 6之间,核苷酸多样性Jukes和Cantor校正值介于0.006~0.009之间,平均核苷酸差异数介于4.643~6.727之间;柬埔寨的CP种群单倍型多样性为0.344,核苷酸多样性为0.007 5,核苷酸多样性Jukes和Cantor校正值0.008,平均核苷酸差异数为5.851;云南省的MS种群、CY种群、YJ种群、KY种群、JG种群和FM种群单倍型多样性介于0.047~0.214之间,核苷酸多样性介于0.001 0~0.004 6之间,核苷酸多样性Jukes和Cantor校正值介于0.001~0.005之间,平均核苷酸差异数介于0.791~3.636之间,均低于柬埔寨和缅甸草地贪夜蛾种群(表1)。

缅甸的ND种群、TK种群、MY种群、TG种群的Tajima's *D* 中性检验值介于0.483~1.974之间,Fu's

F 检验值介于 12.914~15.757 之间;柬埔寨的 CP 种群的 Tajima's *D* 中性检验值为 1.023, Fu's *F* 检验值为 12.845; 云南省的 MS 种群、CY 种群、YJ 种群、KY 种群、JG 种群和 FM 种群的 Tajima's *D* 中性检验值介于 -2.558~-0.419 之间, Fu's *F* 检验值介于 5.643~10.315 之间, 这 11 个草地贪夜蛾种群 Fu's *F* 值均为正值且在 0.01 水平上具有显著性, 说明草地贪夜蛾刚入侵到缅甸、柬埔寨和我国云南省, 这些地区的草地贪夜蛾种群还未经历近期的种群扩张事件, 随着时间的推移, 这些地区的草地贪夜蛾种群遗传结构可能会发生变化, 应予以关注(表 1)。

表 1 基于 *mtCOI* 基因序列的我国云南省、缅甸和柬埔寨的 14 个草地贪夜蛾种群的遗传多样性指数
Table 1 Genetic diversity index of 14 *Spodoptera frugiperda* populations in Yunnan Province of China, Myanmar and Cambodia based on *mtCOI* gene sequence

种群 Population	多态位 点数 No. of polymorphic sites	突变位 点数 No. of mutations	单倍型 数目 No. of haplotypes	单倍型 多样性 Haplotype diversity	核苷酸多样性 Nucleotide diversity	核苷酸多样性	平均核苷 酸差异数 Average of nucleotide differences	Tajima's <i>D</i> 中性检验 Tajima's <i>D</i> statistic	Fu's <i>F</i> 检验 Fu's <i>F</i> test statistic
						Jukes 和 Cantor 校正 Nucleotide diversity with Jukes and Cantor correction			
ND 种群 Population ND	17	17	2	0.333±0.073	0.007 2±0.001 6	0.007	5.661	1.430	15.757**
TK 种群 Population TK	17	17	2	0.396±0.078	0.008 6±0.001 7	0.009	6.727	1.974	15.704**
MY 种群 Population MY	17	17	2	0.273±0.082	0.005 9±0.001 8	0.006	4.643	0.483	12.914**
TG 种群 Population TG	17	17	2	0.294±0.066	0.006 4±0.001 4	0.006	5.006	1.095	15.614**
CP 种群 Population CP	17	17	2	0.344±0.099	0.007 5±0.002 1	0.008	5.851	1.023	12.845**
MS 种群 Population MS	17	17	2	0.105±0.066	0.002 3±0.001 4	0.002	1.787	-1.845*	5.963**
CY 种群 Population CY	17	17	2	0.047±0.044	0.001 0±0.001 0	0.001	0.791	-2.558**	2.997**
YJ 种群 Population YJ	17	17	2	0.109±0.056	0.002 4±0.001 2	0.003	1.851	-1.565	6.801**
KY 种群 Population YJ	17	17	2	0.214±0.085	0.004 6±0.001 8	0.005	3.636	-0.419	10.315**
JG 种群 Population JG	17	17	2	0.159±0.056	0.003 4±0.001 2	0.003	2.703	-0.694	10.085**
FM 种群 Population FM	17	17	2	0.095±0.061	0.002 1±0.001 3	0.002	1.617	-1.915*	5.643**
TO 种群 Population TO	-	-	1	-	-	-	-	-	-
ZT 种群 Population ZT	-	-	1	-	-	-	-	-	-
LS 种群 Population LS	-	-	1	-	-	-	-	-	-

表中数据为平均数±标准差。*、**、***分别表示在 $P<0.05$ 、 $P<0.01$ 和 $P<0.001$ 水平差异显著。TO、ZT 和 LS 种群因为只存在 1 种单倍型, 故其余参数均不能计算。Data in the table are mean±SD. *, **, *** indicate significant difference at $P<0.05$, $P<0.01$ or $P<0.001$ level. There is only one haplotype in TO, ZT and LS populations, so the other parameters cannot be calculated.

2.2 草地贪夜蛾不同地理种群的遗传分化分析

14 个草地贪夜蛾地理种群两两之间共形成 91 组, 其中有 15 组的 F_{st} 介于 0.103~0.279 之间, 极显著高于其它 63 组 ($P<0.01$), 有 13 组的 F_{st} 介于 0.039~0.195 之间, 显著高于其它 63 组种群 ($P<0.05$, 表 2)。在 14 个种群中, LS 种群分化较明显, 其中与缅甸的

ND 种群、TK 种群、MY 种群、TG 种群之间出现了高度或极度分化, F_{st} 分别为 0.188、0.279、0.149 和 0.143, 与柬埔寨的 CP 种群极度分化, F_{st} 为 0.251, 与我国云南省的 MS 种群、CY 种群、YJ 种群、KY 种群、JG 种群、FM 种群之间的分化程度较低, F_{st} 分别为 0.036、0.001、0.033、0.111、0.054 和 0.028(表 2)。

表2 我国云南省、缅甸和柬埔寨的14个草地贪夜蛾种群的遗传分化系数 F_{st}

Table 2 Pairwise F_{st} values for 14 *Spodoptera frugiperda* populations in Yunnan Province of China, Myanmar and Cambodia

种群 Population	ND 种群 Popula- tion ND	TK 种群 Popula- tion TK	MY 种群 Popula- tion MY	TG 种群 Popula- tion TG	CP 种群 Popula- tion CP	TO 种群 Popula- tion TO	MS 种群 Popula- tion MS	CY 种群 Popula- tion CY	YJ 种群 Popula- tion YJ	KY 种群 Popula- tion KY	JG 种群 Popula- tion JG	FM 种群 Popula- tion FM	ZT 种群 Popu- lation ZT	LS 种群 Popula- tion LS
ND种群 Population ND	—													
TK种群 Population TK	-0.019	—												
MY种群 Population MY	-0.017	0.001	—											
TG种群 Population TG	-0.017	-0.004	-0.021	—										
CP种群 Population CP	-0.033	-0.032	-0.026	-0.027	—									
TO种群 Population TO	0.089	0.140	0.054	0.065	0.103**	—								
MS种群 Population MS	0.069*	0.127**	0.029	0.043*	0.079	-0.024	—							
CY种群 Population CY	0.129**	0.206**	0.086*	0.093*	0.162**	-0.045	-0.012	—						
YJ种群 Population YJ	0.077*	0.141**	0.034	0.048*	0.088	-0.020	-0.023	-0.003	—					
KY种群 Population KY	0.001	0.034	-0.022	-0.011	-0.005	0.024	-0.002	0.046	0.001	—				
JG种群 Population JG	0.042*	0.095**	0.006	0.020	0.043	0.000	-0.012	0.015	-0.010	-0.016	—			
FM种群 Population FM	0.081	0.143*	0.039*	0.052*	0.094*	-0.027	-0.026	-0.015	-0.021	0.005	-0.009	—		
ZT种群 Population ZT	0.152**	0.226**	0.115*	0.116	0.195*	0.000	0.018	-0.010	0.018	0.081	0.039	0.013	—	
LS种群 Population LS	0.188**	0.279**	0.149**	0.143**	0.251**	0.000	0.036	0.001	0.033	0.111**	0.054	0.028	0.000	—

*, **分别表示在 $P<0.05$ 和 $P<0.01$ 水平差异显著。*, ** indicate significant difference at $P<0.05$ and $P<0.01$ level, respectively.

2.3 草地贪夜蛾不同地理种群之间的基因流

在14个草地贪夜蛾种群中,缅甸的ND种群、TK种群、MY种群和TG种群每世代有效迁出个数分别为65.91、326.05、400.05和299.28,有效迁入个数分别为341.02、373.36、282.45和307.99。柬埔寨的CP种群和TO种群每世代有效迁出个数分别为484.03和227.70,有效迁入个数分别为371.73和306.66。云南省的MS种群、CY种群、YJ种群、KY种群、JG种群、FM种群、ZT种群和LS种群每世代有效迁出个数分别为363.17、304.41、241.67、441.29、400.63、236.99、338.06和183.30,有效迁入个数分别为321.39、304.42、248.14、260.02、241.72、303.12、284.23和366.31。在14个种群中,TK种群、MY种群、CP种群、MS种群和KY种群有效迁入个数和有效迁出个数之和较高,分别为699.41、682.50、855.76、684.56和701.31,因此推测这5个草地贪夜

蛾种群在区域间的基因交流中起着类似“中转站”的作用(表3)。

3 讨论

在鉴定草地贪夜蛾生物型时,*Tpi*基因比*COI*基因更有效,能鉴定出草地贪夜蛾2种生物型的杂交型(Nagoshi, 2012; 陈冬平等, 2020),在我国Jing et al. (2020)基于*COI*和*Tpi*分子标记技术检测到玉米型草地贪夜蛾种群。本研究结果显示,缅甸、柬埔寨和我国云南省草地贪夜蛾种群均有水稻型和玉米型2种生物型,但草地贪夜蛾生物型还未分化出新的单倍型。

Nagoshi et al. (2019)通过对采自印度、南非和东非的草地贪夜蛾种群进行种群遗传结构分析发现,印度种群与南非种群、东非种群的同源性较高,推测这些种群来源于同一种群。Nagoshi et al.

(2018)基于 *COI* 分子标记的研究结果表明非洲布隆迪、刚果、肯尼亚、圣多美、坦桑尼亚和多哥共和国的草地贪夜蛾种群单倍型与佛罗里达种群单倍型相似度较高,推测美国佛罗里达州可能是一小部分非洲国家草地贪夜蛾的来源地。缅甸是我国云南省草地贪夜蛾的重要虫源地,而印度则是缅甸的主要虫源地,表明缅甸种群和云南种群的来源均较单一,初始入侵虫源的种群遗传多样性不高。史树森等(2018)研究结果显示大豆食心虫种群的单倍型多样性指

数为0.827 7;郑宇等(2016)研究结果显示福建省烟粉虱种群的单倍型多样性指数为0.838;呼晓庆和杨兆富(2019)研究结果表明草地螟种群的单倍型多样性指数为0.760,这些研究的单倍型多样性指数和物种单倍型个数均高于本研究,其原因一方面可能是草地贪夜蛾在缅甸、柬埔寨和我国云南省为害时间短,还没有形成稳定的地理种群;另一方面可能是入侵缅甸的初始种群数量少,种群遗传多样性低。

表3 基于 *mtCOI* 基因序列的我国云南省、缅甸和柬埔寨的14个草地贪夜蛾种群之间的有效迁移个数

Table 3 Effective number of migrations among 14 *Spodoptera frugiperda* populations in Yunnan Province of China, Myanmar and Cambodia based on *mtCOI* gene sequence

种群 Population	ND 种群 Population	TK 种群 Population	MY 种群 Population	TG 种群 Population	CP 种群 Population	TO 种群 Population	MS 种群 Population	CY 种群 Population	YJ 种群 Population	KY 种群 Population	JG 种群 Population	FM 种群 Population	ZT 种群 Population	LS 种群 Population	总迁入 Total immigration
ND种群 Population ND	—	39.24	44.71	18.34	37.90	15.97	4.65	38.68	22.43	35.29	18.15	32.75	30.26	2.65	341.02
TK种群 Population TK	2.04	—	30.70	37.16	64.68	26.36	30.65	42.49	18.08	40.91	26.61	22.95	9.53	21.20	373.36
MY种群 Population MY	4.49	45.47	—	6.46	5.13	8.28	45.83	43.45	2.68	45.55	25.59	14.95	26.72	7.85	282.45
TG种群 Population TG	1.64	33.67	32.66	—	31.09	5.44	57.53	5.16	20.29	35.52	13.78	27.15	30.56	13.48	307.99
CP种群 Population CP	2.95	37.16	62.58	33.40	—	25.85	57.69	42.83	8.37	6.61	35.11	29.25	5.23	24.70	371.73
TO种群 Population TO	1.52	31.78	35.40	24.34	49.07	—	21.56	6.45	34.23	27.16	19.63	3.87	26.18	25.47	306.66
MS种群 Population MS	5.99	11.50	22.10	21.92	19.26	16.12	—	28.78	32.22	41.56	41.42	36.71	36.88	6.93	321.39
CY种群 Population CY	18.91	17.55	30.54	27.77	48.63	24.94	3.74	—	23.92	47.50	7.72	9.43	37.24	6.53	304.42
YJ种群 Population YJ	10.29	11.83	22.86	7.77	53.10	15.16	15.73	27.45	—	3.15	35.73	16.48	13.30	15.29	248.14
KY种群 Population KY	4.84	35.42	5.86	6.27	12.33	27.09	14.74	38.76	4.27	—	44.85	14.72	35.67	15.20	260.02
JG种群 Population JG	2.18	11.26	17.48	23.70	24.52	17.18	40.00	1.68	10.43	39.85	—	9.59	18.94	24.91	241.72
FM种群 Population FM	1.02	19.69	4.73	34.19	49.48	1.88	10.21	4.41	28.68	58.93	40.90	—	29.91	19.09	303.12
ZT种群 Population ZT	5.47	16.75	45.61	22.59	33.60	24.25	42.79	3.40	31.75	2.77	43.45	11.80	—	0.00	284.23
LS种群 Population LS	4.57	14.73	44.82	35.37	55.24	19.18	18.05	20.87	4.32	56.49	47.69	7.34	37.64	—	366.31
总迁出 Total emigration	65.91	326.05	400.05	299.28	484.03	227.70	363.17	304.40	241.67	441.29	400.63	236.99	338.06	183.30	—

横行表示由其它种群迁入该种群的有效个数;纵列表示从该种群迁出到其它种群的有效个数。Horizontal row means the effective immigrant number from other populations to this population, and the vertical column represents the effective emigrant number from this population to other populations.

本研究的遗传分化分析结果表明,云南省的LS种群与其它种群遗传分化明显,这可能与LS种群只

有一种生物型,而其它种群有2种生物型有关。通过对14个种群有效迁移个数的分析推测,MY种群、

CP种群、MS种群、KY种群和JG种群等种群起着类似基因交流“中转站”的作用,这种理论推测还需要结合种群田间调查结果、灯诱结果、性诱结果等数据进行综合分析。为了有效防控草地贪夜蛾,还需要与缅甸、柬埔寨等国的科研机构及时共享虫情数据和监测结果,分析草地贪夜蛾的迁飞规律,制定有效的联防联控措施。

本研究仅基于 *COI* 分子标记解析了草地贪夜蛾种群的遗传多样性,今后对还需要采取其它分子标记解析草地贪夜蛾种群的遗传多样性,确定草地贪夜蛾种群遗传多样性分析的最适宜分子标记。虽然已经掌握了迁入早期草地贪夜蛾 *COI* 基因序列的多态性,今后还需持续在各国采集样品,通过对相同位置的 *COI* 基因序列的比较和遗传分化分析,进一步了解草地贪夜蛾在东南亚及我国的迁飞扩散路径。同时,还应关注云南省草地贪夜蛾越冬种群和迁入种群的遗传多样性差异,更加全面地掌握草地贪夜蛾入侵云南省后的地理种群演变格局和演变机制。

参 考 文 献 (References)

- CHEN DP, CHEN ZT, XU HH, LIN F. 2020. Host type identification of *Spodoptera frugiperda* invading in Guangzhou by different molecular markers. *Journal of South China Agricultural University*, 41(1): 17–21 (in Chinese) [陈冬平, 陈志廷, 徐汉虹, 林菲. 2020. 应用不同分子标记鉴别入侵广州草地贪夜蛾的寄主型. 华南农业大学学报, 41(1): 17–21]
- CHU D, GUO D, TAO YL, JIANG DF, LI J, ZHANG YJ. 2014. Evidence for rapid spatiotemporal changes in genetic structure of an alien whitefly during initial invasion. *Scientific Reports*, 4: 4396
- DALMON A, HALKETT F, GRANIER M, DELATTE H, PETERSCHMITT M. 2008. Genetic structure of the invasive pest *Bemisia tabaci*: evidence of limited but persistent genetic differentiation in glasshouse populations. *Heredity*, 100(3): 316–325
- DONG F, ZOU FS, LEI FM, LIANG W, LI SH, YANG XJ. 2014. Testing hypotheses of mitochondrial gene-tree paraphyly: unraveling mitochondrial capture of the streak-breasted scimitar babbler (*Pomatorhinus ruficollis*) by the Taiwan scimitar babbler (*Pomatorhinus musicus*). *Molecular Ecology*, 23: 5855–5867
- DUAN HS, YU Y, ZHANG AS, GUO D, TAO YL, CHU D. 2013. Genetic diversity and inferences on potential source areas of adventive *Frankliniella occidentalis* (Thysanoptera: Thripidae) in Shandong, China based on mitochondrial and microsatellite markers. *The Florida Entomologist*, 96(3): 964–973
- GOERGEN G, KUMAR PL, SANKUNG SB, TOGOLA A, TAMÒ M. 2016. First report of outbreaks of the fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera, Noctuidae), a new alien invasive pest in West and Central Africa. *PloS ONE*, 11(10): e0165632
- HU XQ, YANG ZF. 2019. Analysis of the genetic differentiation among different geographic populations of *Loxostege sticticalis* (Lepidoptera: Crambidae) in China based on mitochondrial *COI*, *Cytb* and *COII* genes. *Acta Entomologica Sinica*, 62(6): 720–733 (in Chinese) [呼晓庆, 杨兆富. 2019. 基于线粒体 *COI*、*Cytb* 和 *COII* 基因的中国草地螟不同地理种群遗传分化分析. 昆虫学报, 62(6): 720–733]
- HUANG S, HE S, PENG Z, ZHAO K, ZHAO E. 2007. Molecular phylogeography of endangered sharp-snouted pitviper (*Deinagkistrodon acutus*; Reptilia, Viperidae) in Mainland China. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44(3): 942–952
- JING DP, GUO JF, JIANG YY, ZHAO JZ, SETHI A, HE KL, WANG ZY. 2020. Initial detections and spread of invasive *Spodoptera frugiperda* in China and comparisons with other noctuid larvae in cornfield using molecular techniques. *Insect Science*, 27(4): 780–790
- JUNG SH, LEE SH. 2011. Molecular phylogeny of the plant bugs (Heteroptera: Miridae) and the evolution of feeding habits. *Cladistics*, 28(1): 50–79
- LEVY HC, GARCIA-MARUNIAK A, MARUNIAK JE. 2002. Strain identification of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) insects and cell line: PCR-RFLP of cytochrome oxidase C subunit I gene. *The Florida Entomologist*, 85(1): 186–190
- LI XY, CHU D, YIN YQ, ZHAO XQ, CHEN AD, KHAY S, DOUANGBOUPHA B, KYAW MM, MANITA K, VIEN VN, et al. 2016. Possible source populations of the white-backed planthopper in the Greater Mekong Subregion revealed by mitochondrial DNA analysis. *Scientific Reports*, 6: 39167
- LI XY, YIN YQ, WU K, KHIN TN, KHIN NC, ZHAO XQ, CHEN AD. 2019. Investigation report of the fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) occurrence in Myanmar in 2019. *Plant Protection*, 45(4): 69–73 (in Chinese) [李向永, 尹艳琼, 吴阔, KHIN TN, KHIN NC, 赵雪晴, 湛爱东. 2019. 2019年缅甸草地贪夜蛾发生情况考察报告. 植物保护, 45(4): 69–73]
- LI YL, XIE AT, QIN M, ZHANG QF, SUN Y, YANG JG. 2016. Sequence analysis of mtDNA *ND6* and fragments of flanking genes from nine geographical populations of *Oedaleus asiaticus* in Beijing and surrounding regions. *Journal of Plant Protection*, 43(4): 634–640 (in Chinese) [李云龙, 谢爱婷, 秦萌, 张群峰, 孙勇, 杨建国. 2016. 北京及周边地区九个地理种群的亚洲小车蝗 mtDNA *ND6* 基因及其部分侧翼序列分析. 植物保护学报, 43(4): 634–640]
- LIU HT, WANG WJ, SONG G, QU YH, LI SH, FJELDSÅ J, LEI FM. 2012. Interpreting the process behind endemism in China by integrating the phylogeography and ecological nichemodels of the stachyridopsis ruficeps. *PLoS ONE*, 7(10): e46761
- LIU XN, XU LN, CAI N, DU YM, DU YZ. 2016. Haplotype analysis of *Bemisia tabaci* biotype Q in Jiangsu Province, China. *Journal of Plant Protection*, 43(1): 70–77 (in Chinese) [刘晓娜, 许丽丽, 蔡力, 杜以梅, 杜予州. 2016. 江苏地区 Q 型烟粉虱的单倍型分析. 植物保护学报, 43(1): 70–77]
- MA C, YANG PC, JIANG F, CHAPUIS MP, SHALI Y, SWORD GA,

- KANG L. 2012. Mitochondrial genomes reveal the global phylogeography and dispersal routes of the migratory locust. *Molecular Ecology*, 21(17): 4344–4358
- MACHADO V, WUNDER M, BALDISSERA VD, OLIVEIRA JV, FIÚZA LM, NAGOSHI RN. 2008. Molecular characterization of host strains of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in southern Brazil. *Annals of the Entomological Society of America*, 101(3): 619–626
- NAGOSHI RN. 2012. Improvements in the identification of strains facilitate population studies of fall armyworm subgroups. *Annals of the Entomological Society of America*, 105(2): 351–358
- NAGOSHI RN, DHANANI I, ASOKAN R, MAHADEVASWAMY HM, KALLESHWARASWAMY CM, SHARANABASAPPA D, MEAGHER RL. 2019. Genetic characterization of fall armyworm infesting South Africa and India indicate recent introduction from a common source population. *PLoS ONE*, 14: e0217755
- NAGOSHI RN, GOERGEN G, TOUNOU KA, AGBOKA K, KOFFI D, MEAGHER RL. 2018. Analysis of strain distribution, migratory potential, and invasion history of fall armyworm populations in northern Sub-Saharan Africa. *Scientific Reports*, 8: 3710
- NAGOSHI RN, MEAGHER RL, ADAMCZYK JJ, BRAMAN SK, BRANDENBURG RL, NUESSELY G. 2006. New restriction fragment length polymorphisms in the cytochrome oxidase I gene facilitate host strain identification of fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) populations in the southeastern United States. *Journal of Economic Entomology*, 99(3): 671–677
- NAGOSHI RN, MEAGHER RL, FLANDERS K, GORE J, JACKSON R, LOPEZ J, ARMSTRONG JS, BUNTIN GD, SANSONE C, LEONARD BR. 2008. Using haplotypes to monitor the migration of fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) corn-strain populations from Texas and Florida. *Journal of Economic Entomology*, 101(3): 742–749
- ROUSSET F. 1997. Genetic differentiation and estimation of gene flow from *F*-statistics under isolation by distance. *Genetics*, 145(4): 1219–1228
- SHI SS, CUI J, ZHU SY, XU W, WANG XQ. 2018. Genetic differentiation among geographic populations of *Leguminivora glycinivorella* (Lepidoptera: Olethreutidae) based on mitochondrial *COI* gene sequences. *Journal of Plant Protection*, 45(2): 214–222 (in Chinese) [史树森, 崔娟, 朱诗禹, 徐伟, 王小奇. 2018. 基于线粒体 *COI* 基因序列的大豆食心虫不同地理种群遗传分化. 植物保护学报, 45(2): 214–222]
- TANG YL, GU RC, WU YY, ZOU XM, ZHANG Z, NIU XH, WANG ZL, CHEN J, LI T, LI CF, et al. 2019. Biotype identification of the population of *Spodoptera frugiperda* that migrated to Chongqing Area. *Journal of Southwest University: Natural Science Edition*, 41(7): 1–7 (in Chinese) [唐运林, 顾偕铖, 吴燕燕, 邹祥明, 张祯, 牛小慧, 王泽乐, 陈洁, 李田, 李春峰, 等. 2019. 入侵重庆地区的草地贪夜蛾种群生物型鉴定. 西南大学学报: 自然科学版, 41(7): 1–7]
- TODDE L, POOLER RW. 1980. Keys and illustrations for the armyworm moths of the noctuid genus *Spodoptera* Guenée from the western Hemisphere. *Annals of the Entomological Society of America*, 73(6): 722–738
- WAN XW, LIU YH, ZHANG B. 2012. Invasion history of the oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis*, in the Pacific-Asia region: two main invasion routes. *PLoS ONE*, 7(5): e36176
- WANG P, HE PC, ZHU JS, GUO D, CHU D. 2020. Molecular identification of invasive *Spodoptera frugiperda* individuals in Shandong Province based on *mtCOI* gene. *Shandong Agricultural Sciences*, 52(2): 97–100 (in Chinese) [王鹏, 贺培从, 朱军生, 国栋, 褚栋. 2020. 基于 *mtCOI* 基因对入侵山东各地草地贪夜蛾的分子鉴定. 山东农业科学, 52(2): 97–100]
- WEI SJ, CHEN XX. 2011. Progress in research on the comparative mitogenomics of insects. *Chinese Bulletin of Entomology*, 48(6): 1573–1585 (in Chinese) [魏书军, 陈学新. 2011. 昆虫比较线粒体基因组学研究进展. 应用昆虫学报, 48(6): 1573–1585]
- YANG Z, DONG H, HU ZF, DUAN LJ, YU C, CONG B. 2015. Genetic diversity among different host populations of *Ostrinia furnacalis* (Guenée) (Lepidoptera: Crambidae) in northeastern China based on mitochondrial gene sequences. *Journal of Plant Protection*, 42(6): 970–977 (in Chinese) [杨哲, 董辉, 胡志凤, 段立佳, 于超, 丛斌. 2015. 东北地区亚洲玉米螟不同寄主植物种群线粒体基因遗传多样性. 植物保护学报, 42(6): 970–977]
- YIN YQ, LI XY, CHU D, ZHAO XQ, SATHYA K, DOUANBOUPHA B, KYAW MM, KONGCHUENSIN K, SOMRITH A, NGO VV, et al. 2017. Extensive gene flow of white-backed planthopper in the Greater Mekong Subregion as revealed by microsatellite markers. *Scientific Reports*, 7: 15905
- ZHANG LJ, LI H, LI SJ, ZHANG AB, KOU F, XUN HZ, WANG P, WANG Y, SONG F, CUI JX, et al. 2015. Phylogeographic structure of cotton pest *Adelphocoris suturalis* (Hemiptera: Miridae): strong subdivision in China inferred from mtDNA and rDNA ITS markers. *Scientific Reports*, 5: 14009
- ZHANG Y, ZHANG JF, QIN YJ, ZENG YY, LI ZH. 2019. Molecular identification of the fruit fly larvae in major citrus production areas in Hunan Province based on DNA barcoding. *Journal of Plant Protection*, 46(1): 71–81 (in Chinese) [张岳, 张佳峰, 秦誉嘉, 曾译影, 李志红. 2019. 基于DNA条形码技术的湖南省柑橘主产区实蝇幼虫分子鉴定. 植物保护学报, 46(1): 71–81]
- ZHENG Y, YAO FL, HUANG XY, DING XL, HE YX, WENG QY. 2016. Genetic structure of the geographical populations of tobacco whitefly *Bemisia tabaci* (Gennadius) in Fujian, China. *Journal of Plant Protection*, 43(1): 78–83 (in Chinese) [郑宇, 姚凤奎, 黄晓燕, 丁雪玲, 何玉仙, 翁启勇. 2016. 福建省烟粉虱不同地理种群遗传结构特征. 植物保护学报, 43(1): 78–83]

(责任编辑:张俊芳)