



张楠, 杨泽众, 王富平, 胡明鑫, 王芳, 徐维红, 白义川, 谷希树, 郭兆将, 焦克龙, 刘佰明. 天津地区寄生烟粉虱的桨角蚜小蜂分子鉴定和遗传多样性分析 [J]. 环境昆虫学报, 2022, 44 (4): 815–822.

天津地区寄生烟粉虱的桨角蚜小蜂分子鉴定和遗传多样性分析

张楠^{1,2}, 杨泽众², 王富平², 胡明鑫², 王芳², 徐维红²,
白义川², 谷希树², 郭兆将³, 焦克龙^{1*}, 刘佰明^{2*}

(1. 天津农学院园艺园林学院, 天津 300392; 2. 天津市农业科学院植物保护研究所, 天津 300384;

3. 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要: 挖掘本土天敌资源是害虫生物防治的有效手段。桨角蚜小蜂 *Eretmocerus* spp. 是烟粉虱 *Bemisia tabaci* 重要的寄生性天敌之一, 明确桨角蚜小蜂本地种类及遗传分化关系, 对本土天敌资源挖掘具有重要意义。本研究在天津 5 个地区采集了 13 个地理、寄主的桨角蚜小蜂种群, 利用线粒体 mtDNA *COI* 基因片段作为分子标记, 进一步通过 MEGAX、DnaSP 5.10 等软件进行遗传分化分析。结果表明, 本研究所采种群中包含 2 种桨角蚜小蜂, 其中测得蒙氏桨角蚜小蜂 *Eretmocerus mundus* mtDNA *COI* 基因序列 20 条 (755 bp), 未命名桨角蚜小蜂 *Eretmocerus* sp. WTT-2016 mtDNA *COI* 基因序列 20 条 (739 bp)。两种桨角蚜小蜂的遗传多样性均较低, 其中蒙氏桨角蚜小蜂 $Hd = 0.368$, $Pi = 0.00557$, $K = 4.205$; 未命名桨角蚜小蜂 $Hd = 0.616$, $Pi = 0.00106$, $K = 0.784$ 。错配分析表明, 蒙氏桨角蚜小蜂在天津种群较稳定, 近年来未出现扩张现象。

关键词: 桨角蚜小蜂; 烟粉虱; 线粒体 mtDNA *COI* 基因; 遗传多样性; 错配分析

中图分类号: Q963; S433

文献标识码: A

文章编号: 1674-0858 (2022) 04-0815-08

Molecular identification and genetic diversity analysis on *Bemisia tabaci* parasitic wasp, *Eretmocerus* spp. in Tianjin

ZHANG Nan^{1,2}, YANG Ze-Zhong², WANG Fu-Ping², HU Ming-Xin², WANG Fang², XU Wei-Hong², BAI Yi-Chuan², GU Xi-Shu², GUO Zhao-Jiang³, JIAO Ke-Long^{1*}, LIU Bai-Ming^{2*} (1. College of Horticulture and Landscape, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300392, China; 2. Institute of Plant Protection, Tianjin Academy of Agricultural Sciences, Tianjin 300384, China; 3. Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: Excavating native natural enemy resources is an effective strategy in biological control of pests. *Eretmocerus* spp. are an important parasitic natural enemies of *Bemisia tabaci*. It is important to definite the relation of genetic differentiation of the local population for exploiting native natural enemy resources. In this study, 13 *Eretmocerus* sp. geographical and host populations were collected in 5 districts of Tianjin City. The mitochondrial mtDNA *COI* gene was used as a molecular marker, and MEGAX, DnaSP

基金项目: 国家重点研发计划支持项目 (2021YFD1400600, 2019YFD1002100); 国家自然科学基金 (32102216, 31772171); 天津市“131”创新型人才团队 (201931); 天津市农业科学院青年科研人员创新研究与实验项目 (201903)

作者简介: 张楠, 硕士研究生, 主要研究方向为资源利用与植物保护, E-mail: zntj3308@163.com

* 共同通讯作者 Author for correspondence: 焦克龙, 博士, 副教授, 主要研究方向为昆虫分类, E-mail: jiaokelong@163.com; 刘佰明, 博士, 研究员, 主要研究方向为蔬菜害虫防治, E-mail: baimingliu@126.com

收稿日期 Received: 2021-04-09; 接受日期 Accepted: 2021-06-06

5.10 software was used to carry out the genetic differentiation analysis. The results showed that there were two species of *Eretmocerus* among the 40 samples. There were 20 mtDNA *COI* gene sequences (755 bp) of *Eretmocerus mundus* and 20 mtDNA *COI* gene sequences (739 bp) of *Eretmocerus* sp. WTT-2016. The genetic diversity of the two species were both slight. The Hd , Pi , and K value of *E. mundus* were 0.368, 0.00557, and 4.205 respectively; and they were 0.616, 0.00106, 0.784 for *Eretmocerus* sp. respectively. Mismatch analysis showed that the population of *E. mundus* was stable in Tianjin, and there was no expansion in recent years.

Key words: *Eretmocerus* parasitoids; *Bemisia tabaci*; mitochondrial mtDNA *COI* gene; genetic diversity; mismatch analysis

烟粉虱 *Bemisia tabaci* 是重大外来入侵性害虫, 广泛为害世界范围内 600 多种植物。主要通过直接取食、分泌蜜露导致煤污病、传播超过 100 多种植物病毒等, 给作物种植带来巨大的经济损失 (王恩东等, 2020)。烟粉虱的防治目前仍严重依赖化学防治手段, 其优点是能够快速杀死烟粉虱, 但长期使用化学杀虫剂, 导致烟粉虱抗药性增加, 降低防治效果, 且带来严重的农药残留问题 (Zhang *et al.*, 2020)。应用环境友好型的生防天敌替代化学农药, 具有安全、环保等优点, 其中寄生蜂作为一类有效的生防天敌, 广泛用于防治烟粉虱 (王竹红等, 2010)。

粉虱寄生蜂主要有恩蚜小蜂属 *Encarsia* 和桨角蚜小蜂属 *Eretmocerus* (孟祥锋等, 2006), 其中恩蚜小蜂属的丽蚜小蜂 *Encarsia formosa* 已经可以商品化生产并大量应用。但是前人研究发现, 丽蚜小蜂偏好寄生于温室白粉虱 *Trialeurodes vaporariorum*, 桨角蚜小蜂偏好寄生烟粉虱, 并取食烟粉虱若虫, 对烟粉虱防治有显著成效 (戴鹏等, 2014; 尹园园等, 2017)。桨角蚜小蜂是粉虱类害虫的专性寄生蜂, 因其触角膨大成桨状而与其它寄生蜂形成显著区别。桨角蚜小蜂均可在粉虱类若虫体内产卵, 最喜寄生烟粉虱 2 龄、3 龄若虫 (窦文璐等, 2020)。通常, 单一的寄生蜂产品在不同地区应用过程中, 会产生环境不适应现象。挖掘本地寄生蜂资源防治本地害虫是国际通用的生物防治策略。天津地区烟粉虱寄生蜂资源丰富, 本研究从天津 5 个地区初步调查发现天津烟粉虱寄生蜂以桨角蚜小蜂为主, 但是粉虱寄生蜂个体较小, 从形态上难于精确鉴定, 为进一步研究应用造成很大障碍。

分子标记技术可以快速准确的鉴定寄生蜂种类, 并进一步明确其系统发育关系 (邱宝利等,

2005)。利用分子标记手段进行寄生蜂鉴定大体分为核糖体 28S 的 D2 和 D3 扩展区序列测定并进行不同物种间的同源性比较 (薛夏等, 2012)、筛选寄生蜂特定引物的 SCAR 标记技术 (张锐锐等, 2012) 和基于线粒体 mtDNA *COI* 基因构建系统发育树鉴定不同地理种群 (谢艳兰等, 2019)、利用线粒体 mtDNA *COI* 基因 PCR 方法扩增某一基因片段区别亲缘关系较近的寄生蜂种类并鉴定寄生蜂发育情况 (张晓曼等, 2013) 等几类, 其中线粒体 mtDNA *COI* 基因是应用最普遍的分子标记手段。De Barro *et al.* (2000) 通过对 *COII*、*ITS1*、*ITS2*、28S 的 D2 和 D3 基因片段的研究结合形态学方法描述了澳大利亚寄生烟粉虱及温室白粉虱的 3 种桨角蚜小蜂种群。Monti *et al.* (2005) 通过测序和 PCR-RFLP 两种方法研究了线粒体 mtDNA *COI* 基因的 1~900 bp 区段 DNA 变异情况, 成功鉴定了形态学上难于区分的 *Encarsia formosa*、*Encarsia luteola* 和来自巴基斯坦及西班牙的两个 *Encarsia sophia* 种群。张毅波等 (2016) 基于线粒体 mtDNA *COI* 基因序列构建系统发育树和种间杂交的方法成功鉴定了廊坊和新疆的桨角蚜小蜂种群, 其中桨角蚜小蜂廊坊种群与古桥桨角蚜小蜂 *Eretmocerus furuhashii* 聚为一支, 桨角蚜小蜂新疆种群与海氏桨角蚜小蜂 *Eretmocerus hayati* 聚为一支。通过杂交实验得出, 新疆种群与海氏桨角蚜小蜂无生殖隔离, 可能属于同一物种。

本研究利用线粒体 mtDNA *COI* 基因作为分子标记, 对天津市 5 个地区 13 个种群的粉虱寄生蜂 *COI* 基因进行测序, 在分子水平上分析桨角蚜小蜂种属间的系统发育关系, 对天津桨角蚜小蜂的遗传多样性进行研究及桨角蚜小蜂发生扩散提供理论依据, 为进一步鉴定、开发应用天津地区本地烟粉虱寄生蜂提供参考。

1 材料与方 法

1.1 供试虫源

于 2020 年 8 - 9 月在天津市蓟州、宝坻、宁河、武清、西青 5 个地区采集了 13 个桨角蚜小蜂种群, 用直径 5 mm 长 35 mm 的小玻璃管采集植物叶片上桨角蚜小蜂成虫, 转入盛有 75% 酒精的 1.5 mL 离心管中, 标明采集地点、寄主植物、经纬度和采集时间等, 保存于 4℃ 冰箱内备用。具体样本信息见表 1。

1.2 DNA 提取

使用 KAPA DNA 提取试剂盒进行单头桨角蚜小蜂 DNA 提取。用昆虫针挑取一头寄生蜂至 2 mL 离心管中, 加入 2 mm 研磨钢珠, 再加入 KAPA DNA 提取试剂盒体系 30 μ L (张邓壮等, 2020), 使用 G100 高通量组织破碎仪 1 800 rpm 研磨 1 min, 8 000 rpm 离心 30 S, 吸 28 μ L 上清至新 PCR 管中。反应程序为: 75℃ 裂解 10 min, 95℃ 5 min。

1.3 PCR 扩增及序列

PCR 扩增引物为: C1-J-2183: 5'-CAACATTTA TTTTGATTTTTTGG-3' 和 L2-N-3014: 5'-TCCAATG CACTAATCTGCCATATTA-3'。反应体系为 25 μ L, 其中超纯水 7 μ L, 2 \times 缓冲液 10 μ L (包含镁离子), 每种引物 1 μ L, 模板 DNA 2 μ L (Simon *et al.*, 1994)。扩增程序为: 95℃ 预变性 7 min; 35 个循环: 95℃ 30 S, 55℃ 30 S, 72℃ 1 min; 最后 72℃ 延伸 7 min。扩增产物为 *COI* 基因 3' 末端的部分序列, 大小为 840 bp 左右。取 4 μ L PCR 产物于 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测。扩增成功的 PCR 产物送往北京生物工程技术服务有限公司测序。

1.4 序列分析

所得 PCR 扩增产物序列用 MEGAX (Kumar *et al.*, 2018) 软件进行校对编辑和检测, 将整理后的序列在 NCBI 网站上进行 BLAST 搜索和比对。在 MEGAX 中的 Clustal W 进行多重序列比对, 计算碱基组成、变异位点和转换/颠换偏倚率等。用 Kimura 2-Parameter (K2P) 模型分别计算单倍型间的遗传距离。利用 DnaSP 5.10 (Librado and Rozas, 2009) 计算桨角蚜小蜂 mtDNA *COI* 基因序列单倍型数目和出现频率、单倍型多样性 *Hd*、核苷酸多样性 *Pi*、核苷酸平均差异数 *K* 并进行错配分布 (Mismatch Distribution) 分析。

1.5 系统发育分析

利用 Blast 在线比对, 检索测序结果。分别下载康尼氏桨角蚜小蜂 *Eretmocerus cocois* EU017333 等、海氏桨角蚜小蜂 *Eretmocerus hayati* KF859858、未命名桨角蚜小蜂 WTT-2016 *Eretmocerus* sp. WTT-2016 KX714952 和蒙氏桨角蚜小蜂 *Eretmocerus mundus* JN62721 等序列。将下载序列与测序结果混合, 并利用 mafft 软件比对。利用 Jmodeltest 2 软件计算最佳进化模型。最后, 根据计算得到的最佳进化模型, 利用 Mrbayes 3.0 构建进化树 (Fredrik *et al.*, 2003)。

2 结果与分析

2.1 天津地区桨角蚜小蜂资源调查结果

2020 年 8 月至 2020 年 9 月在天津市 5 个区共采集到 40 头桨角蚜小蜂。经 DNA 基因提取和线粒体 *COI* 基因扩增测序后, 成功得到 40 条线粒体 mtDNA *COI* 基因序列, 通过 NCBI 比对发现采集到的样品与蒙氏桨角蚜小蜂 (*Eretmocerus mundus*, 20 头) 和未命名桨角蚜小蜂 (*Eretmocerus* sp. WTT-2016, 20 头) 亲缘关系较近。蒙氏桨角蚜小蜂在武清区分布较多, 蓟州、宁河及西青区分布较少, 宝坻区未发现; 未命名桨角蚜小蜂在宁河区分布较多, 蓟州和宝坻区分布较少, 武清和西青区未发现 (表 1)。

2.2 桨角蚜小蜂线粒体 mtDNA *COI* 基因的碱基组成及序列变异

蒙氏桨角蚜小蜂共 20 条线粒体 mtDNA *COI* 基因序列, 比对后截齐两端得到 755 bp 的对齐序列。所测序列中保守位点 720 个, 变异位点 35 个, 其中简约信息位点 4 个, 单一变异位点 31 个, 总体转换/颠换偏倚率 R 值为 3.3。所测序列中碱基 A、T、G、C 的含量分别为 35.6%、42.7%、12.7% 和 9%; A + T 含量占 78.4%, 表现较强的 A/T 偏倚。

未命名桨角蚜小蜂共 20 条线粒体 mtDNA *COI* 基因序列, 比对后截齐两端得到 739 bp 的对齐序列。所测序列中保守位点 735 个, 变异位点 4 个, 其中简约信息位点 1 个, 单一变异位点 3 个, 总体转换/颠换偏倚率 R 值为 6.8。所测序列中碱基 A、T、G、C 的含量分别为 34.8%、43.8%、12% 和 9.4%; A + T 含量占 78.6%, 表现较强的 A/T 偏倚。

表 1 天津市柴角蚜小蜂样本采集信息及单倍型数
Table 1 Specimen information and number of haplotypes of *Eremocerus* parasitoids in Tianjin

标本编号 Population code	采集地点 Collecting locality	样本数 Number of specimens	蒙氏柴角蚜小蜂样本数 <i>E. mundus</i> number of specimens	未命名柴角蚜小蜂样本数 <i>E. sp.</i> number of specimens	经纬度 Latitude and longitude	采集时间 Collecting date (yy-mm)	单倍型数 Number of haplotypes 蒙氏柴角蚜小蜂/ 未命名柴角蚜小蜂 <i>E. mundus</i> / <i>E. sp.</i>	单倍型(个体数) Haplotypes number of individuals 蒙氏柴角蚜小蜂/ 未命名柴角蚜小蜂 <i>E. mundus</i> / <i>E. sp.</i>
蓟州茄子 JZS	天津蓟州 Tianjin Jizhou	3	1	2	40°05'N, 117°04'E	2020-09	1/2	H1(1)/H1(1), H2(1)
蓟州黄瓜 JZC	天津蓟州 Tianjin Jizhou	3	-	3	40°05'N, 117°04'E	2020-09	-/2	-/H1(1), H3(1)
宝坻黄瓜 BDC	天津宝坻 Tianjin Baodi	3	-	3	39°75'N, 117°03'E	2020-09	-/2	-/H1(1), H2(1)
宁河茄子 NHS	天津宁河 Tianjin Ninghe	8	2	6	39°33'N, 117°83'E	2020-09	1/3	H1(2)/H1(4), H2(1), H5(1)
宁河辣椒 NHA	天津宁河 Tianjin Ninghe	2	-	2	39°33'N, 117°83'E	2020-09	-/2	-/H1(1), H4(1)
宁河豆角 NHV	天津宁河 Tianjin Ninghe	3	-	3	39°33'N, 117°83'E	2020-09	-/2	-/H1(1), H3(1)
武清豆角 WQV	天津武清 Tianjin Wuqing	3	3	-	39°04'N, 117°05'E	2020-08	1/-	H1(3)/-
武清辣椒 WQA	天津武清 Tianjin Wuqing	3	3	-	39°04'N, 117°05'E	2020-08	1/-	H1(3)/-
武清茄子 WQS	天津武清 Tianjin Wuqing	3	3	-	39°04'N, 117°05'E	2020-08	2/-	H1(2), H2(1)/-
武清黄瓜 WQC	天津武清 Tianjin Wuqing	3	3	-	39°04'N, 117°05'E	2020-08	1/-	H1(3)/-
武清向日葵 WQH	天津武清 Tianjin Wuqing	2	2	-	39°04'N, 117°05'E	2020-08	1/-	H1(2)/-
西青向日葵 XQH	天津西青 Tianjin Xiqing	2	1	1	39°51'N, 117°20'E	2020-08	1/1	H5(1)/H1(3)
西青茄子 XQS	天津西青 Tianjin Xiqing	2	2	-	39°51'N, 117°20'E	2020-08	2/-	H3(1), H4(1)/-

2.3 桨角蚜小蜂 mtDNA COI 基因的单倍型系统发育分析

采用 Mrbayes 3.0 构建进化树, Jmodeltest 2 分析得出最佳进化模型 (GTR + I + G)。以丽蚜小蜂 *Encarsia formosa* 线粒体 mtDNA COI 基因序列 (登录号: AY264337) 作为外群为代表, 包括浅黄恩蚜小蜂 *Encarsia sophia* 等蚜小蜂科为代表在 NCBI 中获得登录号。利用 Mrbayes 3.0 构建 10 个桨角蚜小蜂单倍型系统发育树 (图 1)。可以看出, 本研究中桨角蚜小蜂种群 (MH1-MH5) 与已知蒙氏桨角蚜小蜂种群聚为一大分支, 利用 MEGA X 进一步分析发现两种群内的遗传距离分别为 0.02 和

0.01, 种群间遗传距离为 0.02。本研究中另一桨角蚜小蜂种群 (SPH1-SPH5) 与 *Eretmocerus* sp. WTT-2016 聚为一大支, 进一步分析发现两种群内的遗传距离分别为 0.00 和 0.00, 种群间遗传距离为 0.00。

2.4 桨角蚜小蜂单倍型遗传距离

遗传距离的计算结果表明, 蒙氏桨角蚜小蜂线粒体 mtDNA COI 基因 5 个单倍型间的遗传距离为 0.0013 ~ 0.0438 (表 2), 种内平均遗传距离为 0.02。未命名桨角蚜小蜂线粒体 mtDNA COI 基因 5 个单倍型间的遗传距离为 0.0014 ~ 0.0041 (表 2), 种内平均遗传距离为 0.00。

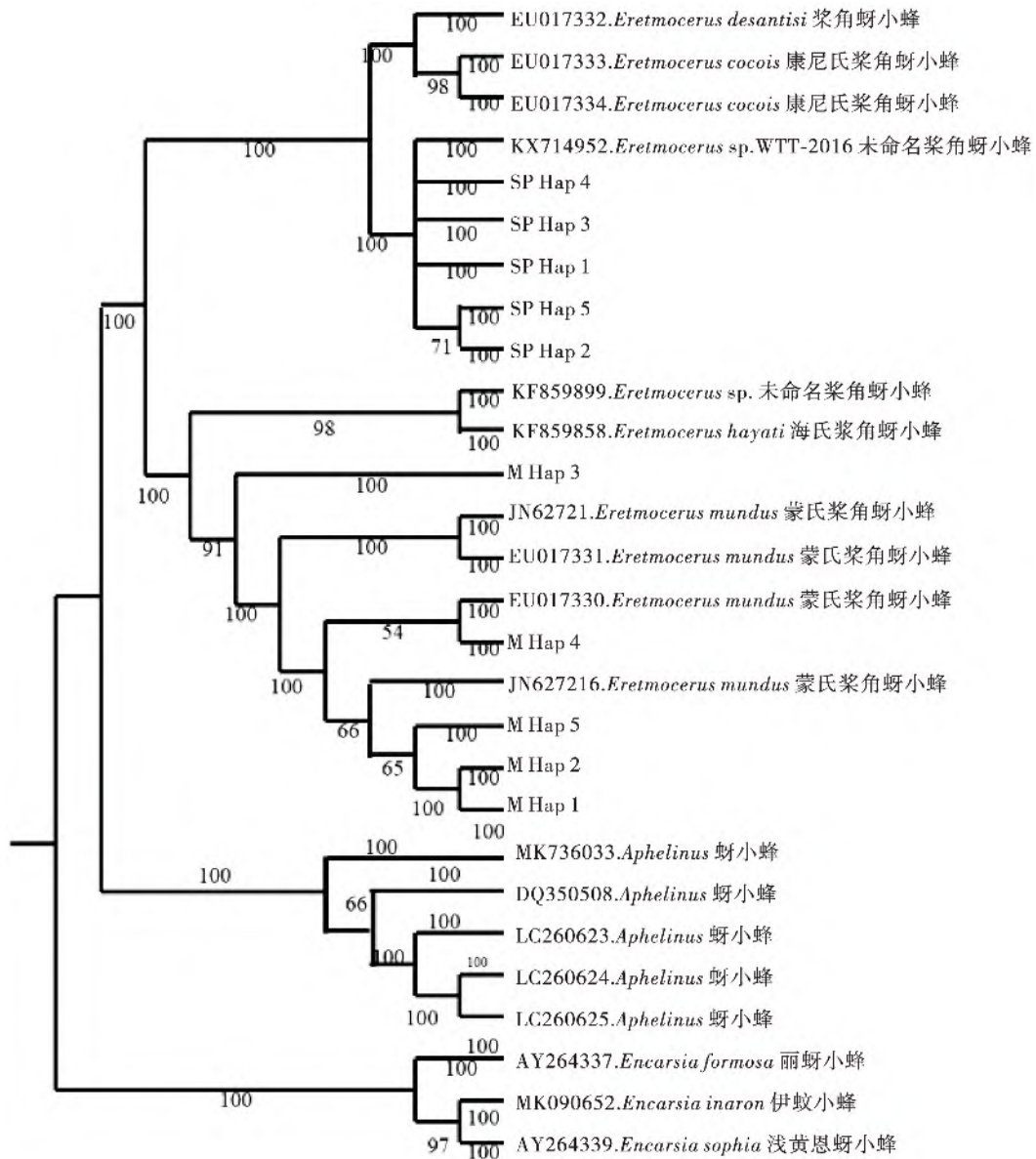


图 1 桨角蚜小蜂 mtDNA COI 基因单倍型系统进化树

Fig. 1 Phylogenetic tree of haplotypes of *Eretmocerus mundus* and *Eretmocerus* sp. WTT-2016 based on mtDNA COI gene

表2 蒙氏浆角蚜小蜂(下三角)和未命名浆角蚜小蜂(上三角) mtDNA *COI* 基因5个不同单倍型间的遗传距离
 Table 2 Genetic distance among 5 different haplotypes of mtDNA *COI* gene of *Eretmocerus mundus* (below the diagonal) and *Eretmocerus* sp. WTT-2016 (above the diagonal)

	SPHap 1	SPHap 2	SPHap 3	SPHap 4	SPHap 5	
MHap 1		0.0041	0.0041	0.0014	0.0027	SPHap 5
MHap 2	0.0013		0.0027	0.0027	0.0014	SPHap 4
MHap 3	0.0425	0.0438		0.0027	0.0014	SPHap 3
MHap 4	0.0120	0.0133	0.0411		0.0014	SPHap 2
MHap 5	0.0026	0.0039	0.0396	0.0093		SPHap 1
	MHap 5	MHap 4	MHap 3	MHap 2	MHap 1	

2.5 浆角蚜小蜂 mtDNA *COI* 基因的单倍型和遗传多样性分析

共享单倍型为种群内大多数个体共有的单倍型,独享单倍型为种群内单独个体有的单倍型。蒙氏浆角蚜小蜂种群中共获得线粒体 mtDNA *COI* 基因的5个单倍型 MH1-MH5,其中 MH1 为共享单倍型, MH2-MH5 单倍型为相应种群的独享单倍型;共享单倍型 MH1 分布最广占蒙氏浆角蚜小蜂检测个体的70%。未命名浆角蚜小蜂种群中共获得 mtDNA *COI* 基因的5个单倍型 SPH1-SPH5,其中 SPH1-SPH3 为共享单倍型, SPH4、SPH5 单倍型为相应种群的独享单倍型;共享单倍型中 SPH1 分布最广占未命名浆角蚜小蜂检测个体的60%。

利用 DnaSP 5.10 计算得出蒙氏浆角蚜小蜂群体单倍型遗传多样性 Hd 为 0.368 ± 0.0185 , 核苷

酸多样性 Pi 为 0.00557 ± 0.0000129 , 核苷酸平均差异数 K 为 4.205。未命名浆角蚜小蜂群体单倍型遗传多样性 Hd 为 0.616 ± 0.01132 , 核苷酸多样性 Pi 为 0.00106 ± 0.0000001 , 核苷酸平均差异数 K 为 0.784。蒙氏浆角蚜小蜂单倍型遗传多样性 Hd 比未命名浆角蚜小蜂低, Pi 和 K 比未命名浆角蚜小蜂高。

2.6 浆角蚜小蜂错配分析

错配分析 (Mismatch Analysis) 可以看出浆角蚜小蜂群体在天津发展的历史动态,错配分析图为多峰曲线,表明此种群存在时间较长且近年来未出现扩张现象;错配分析图为单峰曲线,则表明此种群形成时间较短且出现扩张现象 (Peng *et al.*, 2017)。从错配分析图可以看出,多峰为蒙氏浆角蚜小蜂,单峰为未命名浆角蚜小蜂 (图2)。

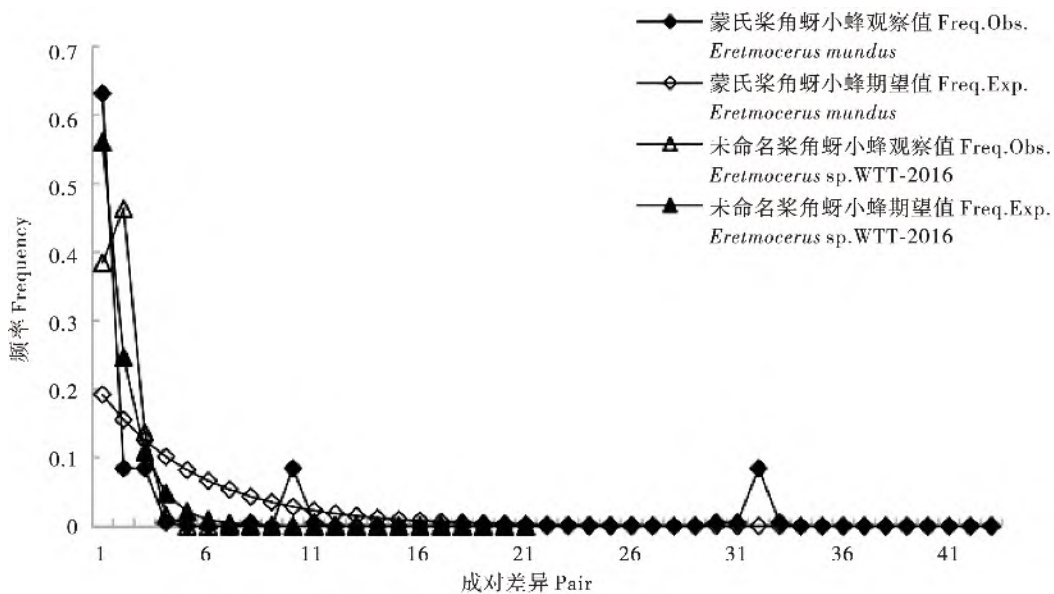


图2 基于 mtDNA *COI* 基因的蒙氏浆角蚜小蜂和未命名浆角蚜小蜂错配分布分析

Fig. 2 Mismatch distribution analysis of populations of *Eretmocerus mundus* and *Eretmocerus* sp. WTT-2016 based on mtDNA *COI* gene

3 结论与讨论

桨角蚜小蜂个体较小, 形态相似, 不易捕捉, 一般的形态学方法难以区分近缘物种。分子生物学技术可以快速鉴定物种, Hebert *et al.* (2003) 提出利用 mtDNA *COI* 基因分子标记鉴定物种必须满足两个条件: 即两个物种的种间基因差异应远大于种内差异; 同时种间差异小于 0.02 时, 可以推断两者为同种。本研究通过构建桨角蚜小蜂单倍型系统发育树, 所有种形成明显分支, 桨角蚜小蜂种群 (MH1-MH5) 与蒙氏桨角蚜小蜂聚为一支, 蒙氏桨角蚜小蜂种间遗传距离为 0.02, 可初步推断为同种。本研究中另一桨角蚜小蜂种群 (SPH1-SPH5) 与 *Eretmocerus* sp. WTT-2016 聚为一支, 未命名桨角蚜小蜂种间遗传距离为 0.00, 可推断为同种。

本研究获得蒙氏桨角蚜小蜂 *Eretmocerus mundus* 和未命名桨角蚜小蜂 *Eretmocerus* sp. WTT-2016 共 40 条线粒体 mtDNA *COI* 基因序列, 碱基组成表现较强的 A/T 偏倚性, 与典型的昆虫线粒体碱基组成特点一致 (赵乐等, 2018)。蒙氏桨角蚜小蜂总的转换/颠换 (R) 值为 3.3, 未命名桨角蚜小蜂 R 值为 6.8, 都属于核苷酸转换大于颠换, 表明蒙氏桨角蚜小蜂不同地理种群亲缘关系较近, 未命名桨角蚜小蜂不同地理种群亲缘关系较近 (Simon *et al.*, 1994)。此次序列分析定义了 5 种蒙氏桨角蚜小蜂单倍型和 5 种未命名桨角蚜小蜂单倍型, 两种小蜂单倍型中都是 H1 发生频率最高、分布最广, 可认为是较为原始、能够适应环境变化, 并在种群中稳定存在的优势单倍型。两种桨角蚜小蜂都拥有共享单倍型和独享单倍型, 表明各个地理种群之间既有基因交流, 又存在遗传分化的现象 (孙嵬等, 2013; 刘晓娜等, 2016)。

本研究结果显示蒙氏桨角蚜小蜂错配分析图为多峰曲线 (图 2), 表明此种群存在时间较长且近年来未出现扩张现象; 未命名桨角蚜小蜂为单峰曲线 (图 2), 表明此种群形成时间较短且出现扩张现象 (Peng *et al.*, 2017)。蒙氏桨角蚜小蜂和未命名桨角蚜小蜂的总群体单倍型指数 *Hd* 分别为 0.368 和 0.616, 表明未命名桨角蚜小蜂比蒙氏桨角蚜小蜂线粒体 mtDNA *COI* 基因具有较高的多态性 (谢艳蓝等, 2019), 综上所述, 可以推断出蒙氏桨角蚜小蜂种群在天津地区稳定存在, 未命名

桨角蚜小蜂种群存在时间较短且具有较强的适应能力及遗传变异能力。

本研究在天津各地区采样地点和采集数量较少, 初步调查发现天津市 5 个地区存在桨角蚜小蜂, 西青区和宁河区发现少量恩蚜小蜂, 后续应增加采集数量及采样点并检测每年天津寄生蜂的种类变化。仅以线粒体 mtDNA *COI* 基因作为分子标记并检测, 在种群遗传多样性和遗传变异等分析上有偏差。天津桨角蚜小蜂的遗传变异及种群多样性应分析深层原因, 加大采样点并结合更多分子标记进行系统深入研究。

参考文献 (References)

- Dai P, Liu LZ, Zang LS, *et al.* Host feeding and parasitism preference in *Eretmocerus hayati* for nymphs between Q sibling species of *Bemisia tabaci* and *Trialeurodes vaporariorum* [J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2014, 30 (1): 20-25. [戴鹏, 刘林州, 臧连生, 等. 海氏桨角蚜小蜂对不同龄期 Q 隐种烟粉虱和温室白粉虱的取食和寄生选择 [J]. 中国生物防治学报, 2014, 30 (1): 20-25]
- De Barro PJ, Driver F, Naumann ID, *et al.* Descriptions of three species of *Eretmocerus* Haldeman (Hymenoptera: Aphelinidae) parasitising *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) and *Trialeurodes vaporariorum* (Westwood) (Hemiptera: Aleyrodidae) in Australia based on morphological and molecular data [J]. *Australian Journal of Entomology*, 2000, 39 (4): 259-269.
- Dou WJ, Yang SW, Liu Q, *et al.* Progress in the control of predatory and parasitic natural enemies of *Bemisia tabaci* in China [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2020, 42 (2): 342-354. [窦文珺, 羊绍武, 柳青, 等. 我国烟粉虱主要捕食和寄生性天敌控制能力研究进展 [J]. 环境昆虫学报, 2020, 42 (2): 342-354]
- Hebert PD, Cywinska A, Ball SL. Biological identifications through DNA barcodes [J]. *Proceedings of the Royal Society B - Biological Sciences*, 2003, 270 (1512): 313-321.
- Librado P, Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. *Bioinformatics*, 2009, 25 (1): 1451-1452.
- Liu XN, Xu LL, Cai L, *et al.* Haplotype analysis of *Bemisia tabaci* biotype Q in Jiangsu Province, China [J]. *Journal of Plant Protection*, 2016, 43 (1): 70-77. [刘晓娜, 许丽丽, 蔡力, 等. 江苏地区 Q 型烟粉虱的单倍型分析 [J]. 植物保护学报, 2016, 43 (1): 70-77]
- Meng XF, He JH, Liu SS, *et al.* Parasitoids of *Bemisia tabaci* and their use as biological control agents [J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2006, 3: 174-179. [孟祥锋, 何俊华, 刘树生, 等. 烟粉虱的寄生蜂及其应用 [J]. 中国生物防治, 2006, 3: 174-179]
- Monti MM, Nappo AG, Giorgini M. Molecular characterization of closely

- related species in the parasitic genus *Encarsia* (Hymenoptera: Aphelinidae) based on the mitochondrial cytochrome oxidase subunit I gene [J]. *Bulletin of Entomological Research*, 2005, 95 (5): 401–408.
- Peng L, Zhang PH, Zhang S, et al. Phylogeography of *Angiostrongylus cantonensis* (Nematoda: Angiostrongylidae) in southern China and some surrounding areas [J]. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 2017, 11 (8): e0005776.
- Qiu BL, Ren SX, Wen SY. Application of molecular marker in taxonomy of *Aphelinid* parasitoids (Hymenoptera: Aphelinidae) of *Bemisia tabaci* [J]. *Entomological Journal of East China*, 2005, 14 (1): 5–8. [邱宝利, 任顺祥, 温硕洋. 分子标记在烟粉虱蚜小蜂分类中的应用 [J]. 华东昆虫学报, 2005, 14 (1): 5–8]
- Ronquist F, John P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models [J]. *Bioinformatics*, 2003, 19 (12): 1572–1574.
- Simon C, Frati F, Beckenbach AT, et al. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers [J]. *Annals of the Entomological Society America*, 1994, 87 (6): 651–701.
- Sudhir K, Glen S, Michael L, et al. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2018, 35 (6): 1547–1549.
- Sun W, Zhang ZT, Dong H, et al. Analysis of genetic differentiation and gene flow among different geographic populations of *Oedaleus infernalis* (Orthoptera: Acrididae) based on mtDNA *COI* gene sequences [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2013, 56 (8): 907–916. [孙崑, 张柱亭, 董辉, 等. 基于线粒体 *COI* 基因序列的黄胫小车蝗不同地理种群的遗传分化及基因流分析 [J]. 昆虫学报, 2013, 56 (8): 907–916]
- Wang ED, Wu SY, Lv JL, et al. Control of whitefly *Bemisia tabaci* on tomato plants in greenhouse by releasing *Neoseiulus bakeri* [J]. *Plant Protection*, 2020, 46 (4): 234–238. [王恩东, 吴圣勇, 吕佳乐, 等. 释放巴氏新小绥螨防治温室大棚番茄上的烟粉虱 [J]. 植物保护, 2020, 46 (4): 234–238]
- Wang ZH, Pan DM, Huang J. Parasitic wasp resources of *Bemisia tabaci* in China and their floristic distribution [J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2010, 31 (9): 1571–1579. [王竹红, 潘东明, 黄建. 中国烟粉虱寄生蜂资源及其区系分布 [J]. 热带作物学报, 2010, 31 (9): 1571–1579]
- Xie YL, Zhang HR, Li ZY. Analysis of genetic differentiation among geographic populations of *Heliothrips mube* (Thysanoptera: Thripidae) in southwestern China based on mitochondrial *COI* gene [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2019, 62 (3): 370–380. [谢艳兰, 张宏瑞, 李正跃. 基于线粒体 *COI* 基因的中国西南地区木领针蓟马地理种群的遗传分化分析 [J]. 昆虫学报, 2019, 62 (3): 370–380]
- Xue X, Peng WL, Muhammad Z, et al. Phylogenetic analysis of three species of *Encarsia* (Hymenoptera: Aphelinidae) parasitizing *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in China based on their 28S rRNA gene [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2012, 55 (2): 189–198. [薛夏, 彭伟录, Muhammad Z, 等. 中国寄生烟粉虱的三种恩角蚜小蜂 28S rRNA 系统发育分析 [J]. 昆虫学报, 2012, 55 (2): 189–198]
- Yin YY, Chen H, Zhai YF, et al. Parasitic and host feeding preference of *Encarsia formosa* on *Bemisia tabaci* and *Trialeurodes vaporariorum* [J]. *Journal of Hebei Agricultural Sciences*, 2017, 21 (6): 77–80, 84. [尹园园, 陈浩, 翟一凡, 等. 丽蚜小蜂对烟粉虱和温室白粉虱若虫的寄生与取食选择性 [J]. 河北农业科学, 2017, 21 (6): 77–80, 84]
- Zhang DZ, Zhang YL, Hu MX, et al. Species identification and phylogenetic analysis of *Bemisia tabaci* in Tianjin and surrounding areas [J]. *Tianjin Agricultural Sciences*, 2020, 26 (3): 21–26. [张邓壮, 张艳玲, 胡明鑫, 等. 天津周边地区烟粉虱隐种鉴定及其系统发育分析 [J]. 天津农业科学, 2020, 26 (3): 21–26]
- Zhang RR, Zhang GF, Xian ZH, et al. SCAR marker for rapid identification of *Encarsia formosa* Gahan (Hymenoptera: Aphelinidae) [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2012, 55 (12): 1386–1393. [张锐锐, 张桂芬, 贤振华, 等. 基于 SCAR 标记技术的丽蚜小蜂快速识别 [J]. 昆虫学报, 2012, 55 (12): 1386–1393]
- Zhang X, Gabor LL, Marco F, et al. The potential of trap and barrier cropping to decrease densities of the whitefly *Bemisia tabaci* MED on cotton in China [J]. *Pest Management Science*, 2020, 76 (1): 366–374.
- Zhang XM, Xu HX, Wang S, et al. Molecular and iso-enzymatic identification of the nymphal parasitoid, *Encarsia sophia* (Hymenoptera: Aphelinidae) of the whitefly, *Bemisia tabaci* Genn. (Homoptera: Aleyrodidae) [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2013, 35 (2): 196–203. [张晓曼, 徐红星, 王甦, 等. 分子生物学和同工酶电泳法鉴定烟粉虱幼期寄生蜂浅黄恩蚜小蜂 [J]. 环境昆虫学报, 2013, 35 (2): 196–203]
- Zhang YB, Yang NW, Zhang GF, et al. Identification of naturally occurring *Eretmocerus* parasitoids by *COI* sequence analysis and crossing test [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2015, 37 (2): 281–292. [张毅波, 杨念婉, 张桂芬, 等. 利用 *COI* 基因序列和杂交实验分析鉴定桨角蚜小蜂属的本地种群 [J]. 环境昆虫学报, 2015, 37 (2): 281–292]
- Zhao L, Li XZ, Huang Y. Characterization of the mitochondrial genomics and phylogeny of *Orthoptera* (Insecta: Arthropoda) [J]. *Chinese Bulletin of Life Sciences*, 2018, 30 (1): 113–123. [赵乐, 李雪娟, 黄原. 直翅目昆虫线粒体基因组特征及系统发育研究 [J]. 生命科学, 2018, 30 (1): 113–123]