



# 基于线粒体 *COI* 基因的广西豇豆蓟马种群遗传分化分析

王欢廷<sup>1,2\*</sup>, 黄立飞<sup>2\*</sup>, 龚芮<sup>2,3</sup>, 曹雪梅<sup>2</sup>,  
郑霞林<sup>1\*\*</sup>, 杨朗<sup>1,2\*\*</sup>

(1. 广西大学农学院, 南宁 530004; 2. 农业农村部华南果蔬绿色防控重点实验室/广西作物病虫害生物学重点实验室/广西壮族自治区农业科学院植物保护研究所, 南宁 530007; 3. 广西民族大学海洋与生物技术学院, 南宁 530006)

**摘要:** 为了明确广西田间豇豆蓟马的发生种类, 采集其 14 个设区市虫源, 利用线粒体 *COI* 基因测序并分析蓟马种群间的多样性、遗传分化和系统发育。本次合计扩增 234 条序列片段, 识别到广西豇豆田间共 5 种蓟马, 为普通大蓟马 *Megalurothrips usitatus*、花蓟马 *Frankliniella intonsa*、黄胸蓟马 *Thrips hawaiiensis*、棕榈蓟马 *Thrips palmi* 和华筒管蓟马 *Haplothrips chinensis*, 其中优势种为普通大蓟马。分析序列得出, 普通大蓟马共计 7 个单倍型; 花蓟马有 6 个单倍型; 黄胸蓟马和华筒管蓟马为 5 个单倍型; 棕榈蓟马仅 2 个单倍型。普通大蓟马多数地区种群间存在遗传分化和基因交流, 其次是花蓟马和华筒管蓟马。除个别地区外, 黄胸蓟马和棕榈蓟马的总体采样区域内分化程度较小。这一研究成果为当地豇豆蓟马制定科学合理的防治策略提供依据。

**关键词:** 豇豆蓟马; *COI* 基因; 种群鉴定; 遗传分化

中图分类号: Q968.1; Q963

文献标识码: A

## Genetic differentiation analysis of the thrips population on cowpea in Guangxi based on mitochondrial *COI* gene

WANG Huan-Ting<sup>1,2\*</sup>, HUANG Li-Fei<sup>2\*</sup>, GONG Rui<sup>2,3</sup>, CAO Xue-Mei<sup>2</sup>, ZHENG Xia-Lin<sup>1\*\*</sup>, YANG Lang<sup>1,2\*\*</sup> (1. College of Agriculture, Guangxi University, Nanning

基金项目: 广西重点研发专项 (桂科 AA17204041); 广西自然科学基金 (2023GXNSFAA026464); 国家重点研发计划 (2024YFD1400105)

\*共同第一作者: 王欢廷, 女, 硕士研究生, 主要从事农业有害生物综合防控研究, E-mail: 837198466@qq.com;

黄立飞, 女, 助理研究员, 主要从事昆虫分子生物学研究, E-mail: 1207645623@qq.com

\*\*共同通讯作者 Author for correspondence: 杨朗, 女, 博士, 研究员, 主要从事果蔬害虫研究工作, E-mail:

yang2001lang@163.com; 郑霞林, 男, 博士, 教授, 主要从事昆虫行为生态学研究, E-mail: zheng-xia-lin@163.com

收稿日期 Received: 2024-07-28; 修回日期 Revision received: 2024-12-30; 接受日期 Accepted: 2024-12-31

530004, China; 2. Guangxi Key Laboratory of Biology for Crop Diseases and Insect Pests/Key Laboratory of Green Prevention and Control on Fruits and Vegetables in South China Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Plant Protection Research Institution, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007, China; 3. School of Marine Sciences and Biotechnology, Guangxi Minzu University, Nanning 530006, China)

**Abstract:** To elucidate the thrips species composition in cowpea fields of Guangxi, systematic thrips sampling was conducted in cowpea fields across 14 prefecture-level municipalities. Mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (*CO I*) gene sequencing was employed to assess population diversity, genetic differentiation, and phylogenetic relationships. From the 234 successfully amplified sequences, five thrips species were identified: *Megalurothrips usitatus*, *Frankliniella intonsa*, *Thrips hawaiiensis*, *Thrips palmi*, and *Haplothrips chinensis*. Among them, *M. usitatus* was the dominant species. Sequence analysis revealed seven distinct haplotypes in *M. usitatus*, six in *F. intonsa*, five each in *T. hawaiiensis* and *H. chinensis*, and two in *T. palmi*. Genetic differentiation and gene flow were observed among *M. usitatus* populations across most regions, followed by *F. intonsa* and *H. chinensis*. In contrast, *T. hawaiiensis* and *T. palmi* exhibited minimal genetic differentiation among sampled locations, except in isolated cases. This research provides a foundation for developing scientifically sound control strategies against cowpea thrips in the region.

**Key words:** Cowpea thrips; *CO I* genes; population identification; genetic differentiation

豇豆 *Vigna unguiculata* (L.) Walp. 为豆科豇豆属，一年生缠绕、草质藤本或近直立草本植物，原产于南非 (Boukar *et al.*, 2019)，广西为豇豆的适生区 (陈琴等, 2020; 杨明彰等, 2021)。豇豆上为害的蓟马种类统称为豇豆蓟马。其在豇豆整个生命周期取食为害，使用锉吸式口器吸食植株的幼嫩组织和器官汁液，其若虫 1~2 龄时取食，伴随体型增大、体色加深，到 3 龄随后进入不活跃的预蛹和伪蛹期，化蛹成成虫后继续取食为并把卵产在叶面或组织里，完成继代 (Tomitaka, 2019)。为害造成豇豆生长点茎尖萎缩僵化；叶片皱缩、弯曲或畸形；花瓣显黄白色微细色斑，褐变干枯；豆荚畸形或果面表皮发黑带铁锈斑，严重影响豇豆产量和品质 (Kimihiro *et al.*, 1999; 赵明富等, 2014; 代慧洁等, 2017)。

近年来，利用 mtDNA *CO I* 基因序列鉴定蓟马被认为是一种可靠的鉴定方法，上手简单，便捷高效 (Hehe *et al.*, 2018)。常用于检验检疫、群体鉴定、定位遗传

多样性、遗传分化、分子变异和种群动态分析 (Scheffer *et al.*, 2006; 乔玮娜等, 2012)。如对于外来入侵害虫的检疫, 西花蓟马 *Frankliniella occidentalis* (王海鸿等, 2013), 美洲棘蓟马 *Echinothrips americanus* Morgan (魏书军等, 2010) 和股带针蓟马 *Hercinothrips femoralis* (曹婧钰等, 2023) 等。利用该技术, Marullo *et al.* (2020) 高效鉴定蓟马样品 238 个, 李晓宇等 (2020) 区分出湖北恩施地区的茶园蓟马种类, 张蓉等 (2019) 快速鉴定并区分温室品系和羽扇豆品系的西花蓟马, 实现对群体鉴定高效表征。Karimi *et al.* (2010) 分析了伊朗 4 个地区的烟蓟马 *Thrips tabaci* Lindeman 种群, 不同地区的烟蓟马存在着显著的遗传分化。黄丽莉等 (2014) 发现国内茶黄蓟马 *Scirtothrips dorsalis* 种内 6 个不同地理种群之间的 *COI* 基因序列的出现分化。姜宁等 (2023) 得出云南西花蓟马种群正经历明显的种群扩张的结论。

识别和鉴定农作物上的害虫种类是准确防治的第一步, 分类调查是对害虫深入研究的基础性理论。为进一步研究豇豆蓟马的发生特点, 掌握其发生规律, 科学指导豇豆蓟马的防控工作, 本研究选取广西 14 个地区的豇豆田间蓟马害虫进行系统性的调查, 分析不同地理蓟马的系统发育关系, 能进一步了解和针对性防治蓟马, 为制定科学精准的豇豆蓟马防控策略提供参考, 为农业生产和害虫管理提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试虫源

虫源产自广西 14 个市县的 34 个采样点, 寄主植物为豇豆 (图 1)。先用五点取样法选取采样地块的豇豆植株 (到采样地块后选其东南西北中五个点), 选好豇豆植株后收集蓟马采用拍打法取样。用手轻轻拍打植株, 白瓷盘放于植株底部, 使蓟马可以掉落到白瓷盘中。之后用小毛笔蘸取白瓷盘中的蓟马, 转移至装有 95% 酒精的 EP 管中, 贴上采样信息, 带回实验室后保存于 -20°C 冰箱中备用。

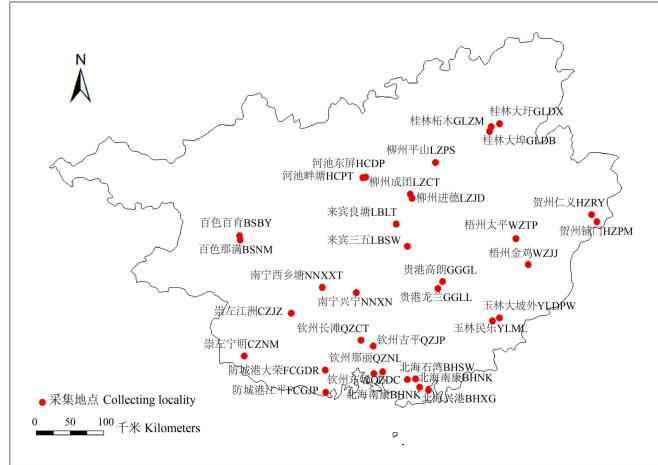


图 1 广西豇豆蓟马样品采集信息图示

Table 1 Sampling information for cowpea thrips in Guangxi

注：该图基于国家测绘地理信息局标准地图服务网站下载的审图号为 GS（2023）2767 号的标准地图制作，底图无修改，●为 34 个采样点。Note: This map was based on the standard map with the review number GS（2023）2767 downloaded from the Standard Map Service website of the National Bureau of Surveying and Mapping Geographic Information. The base map had not been modified. ● represented 34 sampling points.

### 1.2 豇豆蓟马 DNA 提取

每个地理种群中采集的豇豆蓟马先在显微镜下按形态分类，分类参考《中国动物志 昆虫纲 第六十九卷 缨翅目》（冯纪年等，2021），分类后按不同种群代码提取 DNA，不同采样点的每种蓟马选 3 头虫体进行 DNA 提取，不足 3 头按实际采样头数提取。DNA 提取参考魏书军团队（曹利军等，2018）提取方法。将单头蓟马虫体放入 200  $\mu$ LPCR 管中，加入 60  $\mu$ LDNA 提取液后充分研磨。匀浆后放置于 65 $^{\circ}$ C 的水浴锅中水浴 1 h，瞬时离心，放入金属 95 $^{\circ}$ C 浴锅灭活 10 min 即可。DNA 样本于 -20 $^{\circ}$ C 冰箱中保存。其中 DNA 提取液配置方法为：5 mL 1% gelatin，5 mL 1 mol/L 的 Tris-HCl（PH8.0），22.5 mL 10% Tween-20，KCl 固体粉末 1.863 g，MgCl<sub>2</sub> 固体粉末 0.12 g，350 mL ddH<sub>2</sub>O，蛋白酶 K 5 mL。

### 1.3 PCR 扩增与测序

采用动物 DNA 条形码标准引物 LCO1490 : 5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3' 和 HCO2198 : 5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3' 扩增所采蓟马样品 mtDNA CO I 基因序列（乔玮娜等，2012；谢艳兰等，2019）。扩增反应体系为：TaKaRa Premix Taq<sup>TM</sup> 酶 25  $\mu$ L，上游引物 2  $\mu$ L，下游引物 2  $\mu$ L，ddH<sub>2</sub>O 11  $\mu$ L，DNA 模板 10  $\mu$ L。PCR 扩增程序为：94 $^{\circ}$ C 5 min、94 $^{\circ}$ C 150 s、52 $^{\circ}$ C 40 s、72 $^{\circ}$ C 1 min，35c、72 $^{\circ}$ C 10 min，4 $^{\circ}$ C 保存。将 PCR 扩增产物在 1.5% 琼脂糖凝胶中 120 V 电泳 25 min，后用 UV 凝胶

成像系统观察并照相，记录结果，扩增成功样本送生工生物工程（上海）股份有限公司测序。

#### 1.4 序列处理与数据分析

采用 Chromas 对获得的序列进行整理，后在 NCBI 网站上进行 BLAST 搜索，以确定所扩增片段为目的片段，确定所测蓟马的准确种类。利用 MEGA 10.0 软件分别计算碱基组成、变异位点、转换/颠换偏倚率。利用 DnaSP 6.0 软件计算核苷酸多样性 ( $Pi$ )、单倍型多样性 ( $Hd$ )、核苷酸平均差异数 ( $K$ )、分析遗传固定指数 ( $Fst$ )、基因流 ( $Nm$ ) 数据。基于 Kimura 2-Parameter (K2P) 模型计算不同种群间的遗传距离，系统发育树采用邻接法构建。

## 2 结果与分析

### 2.1 广西豇豆蓟马种类与群落多样性分析

2023-2024 年对广西豇豆 34 个不同地理种群进行种类调查，采集蓟马 18 300 头，共鉴定到 5 种蓟马（表 1）。5 种蓟马隶属于 2 科 4 属，蓟马科 Thripidae 包含 4 种，即大蓟马属 *Megalurothrips* 的普通大蓟马 *Megalurothrips usitatus* Bagnall(15 919 头)、蓟马属 *Thrips* 的黄胸蓟马 *Thrips hawaiiensis* Morgan(733 头)和棕榈蓟马 *Thrips palmi* Karny (13 头)、花蓟马属 *Frankliniella* Karny 的花蓟马 *Frankliniella intonsa* Trybom(1 602 头)；管蓟马科 Phlaeothripidae 1 种，为简管蓟马属 *Haplothrips* Amyot & Serville 的华简管蓟马 *Haplothrips chinensis* Priesner (33 头)。在属级和种级的构成中，蓟马科的属和种占据了最大的比例，优势种为普通大蓟马，占比 86.99%，其次是花蓟马和黄胸蓟马，占比 8.74%和 4.01%，棕榈蓟马和华简管蓟马较少，为 0.07%和 0.18%。其中普通大蓟马的雌雄比为 82.62 : 17.38，呈现出明显的性别比例失衡，可能跟其为单倍-二倍体昆虫相关，单倍-二倍体型昆虫对母系进化极为有利，造成单倍体雄性的适应性和存活力往往比较低 (Blackmon *et al.*, 2017)。

从不同地理位置豇豆地的生态情况来看，普通大蓟马、黄胸蓟马、花蓟马、黄胸蓟马和棕榈蓟马等多种蓟马对豇豆造成影响。北海、钦州、柳州、崇左、南宁、玉林、防城港、贺州、梧州、河池和贵港地区的豇豆蓟马优势种为普通大蓟马，占比分别为该地区采样蓟马总数的 88.00%、99.50%、94.95%、100.00%、90.64%、99.81%、95.30%、86.46%、97.58%、75.33%和 88.24%，在这些地区的豇豆田中，普通大蓟马的数量和危害程度相对较高。特别是崇左地区，普通大蓟马种群占据了绝对的主导地位，形成单一种群。而在桂林、百色和来宾这些地区，除了普通大蓟马(42.26%、

48.00%和 50.00%) 外, 花蓟马也占据了一定的地位, 花蓟马的占比分别为 53.03%、52.00%和 42.86%。黄胸蓟马分布在北海、钦州、桂林、南宁、来宾、防城港、贺州、河池等多地。棕榈蓟马在柳州、南宁、来宾、防城港和梧州的豇豆田内被发现。钦州、柳州、桂林、南宁、玉林和河池的豇豆上还发现了华筒管蓟马的踪迹。出现种类间发生量差异的情况可能是由于不同地理位置的气候、土壤、种植结构等多种因素共同作用的结果。

表 1 豇豆蓟马种群分类

Table 1 Classification of cowpea thrips populations

种群代码 Population code	普通大蓟马		黄胸蓟马	花蓟马	棕榈蓟马	华筒管蓟马
	<i>Megalurothrips usitatus</i>		<i>Thrips</i>	<i>Frankliniella</i>	<i>Thrips</i>	<i>Haplothrips</i>
	雌性 Female	雄性 Male	<i>hawaiiensis</i>	<i>intonsa</i>	<i>palmi</i>	<i>chinensis</i>
北海石湾 BHSW	949	260	115	65	-	-
北海石康 BHSK	1 098	270	18	16	-	-
北海南康 BHNK	976	226	232	44	-	-
北海兴港 BHXG	1 202	174	213	-	-	-
钦州吉平 QZJP	772	131	-	-	-	8
钦州长滩 QZCT	1 765	175	1	3	-	5
钦州那丽 QZNL	592	136	-	2	-	-
钦州东场 QZDC	161	15	-	-	-	-
柳州成团 LZCT	32	10	-	76	5	-
柳州平山 LZPS	468	191	-	24	3	3
柳州进德 LZJD	1 162	263	-	2	-	-
桂林柘木 GLZM	14	-	65	159	-	4
桂林大埠 GLDB	498	94	-	76	-	1
桂林大圩 GLDX	17	5	-	553	-	-
崇左宁明 CZNM	276	30	-	-	-	-
崇左江洲 CZJZ	265	54	-	-	-	-
南宁西乡塘 NNXXT	511	167	12	8	1	1
南宁兴宁 NNXN	-	-	-	47	1	-
百色那满 BSNM	288	21	-	227	-	-
百色百育 BSBY	3	-	-	111	-	-
玉林大坡外 YLDPW	302	67	-	-	-	-
玉林民乐 YLML	115	36	-	-	-	1
来宾良塘 LBLT	2	-	-	24	-	-
来宾三五 LBSW	16	10	3	-	1	-
防城港江平 FCGJP	143	62	3	-	1	-
防城港大荣 FCGDR	230	11	-	18	-	-
贺州铺门 HZPM	146	61	-	13	-	-
贺州仁义 HZRY	93	32	2	37	-	-
梧州金鸡 WZJJ	471	219	-	18	-	-

梧州太平 WZTP	111	6	-	1	1	-
河池畔塘 HCPT	381	20	8	39	-	3
河池东屏 HCDP	50	4	61	31	-	7
贵港龙兰 GGLL	12	6	-	3	-	-
贵港高朗 GGGL	31	11	-	5	-	-

## 2.2 豇豆蓟马 mt DNA CO I 序列分析

本次合计扩增 234 条 mtDNA CO I 序列片段，获得普通大蓟马序列 98 条、花蓟马 71 条、黄胸蓟马 33 条、简管蓟马 21 条、棕榈蓟马 11 条。从表 2 可以看出，各种蓟马种类的保守位点百分比都达到了 98% 以上，分别为棕榈蓟马高达 99.84%，黄胸蓟马为 99.22%，普通大蓟马是 98.37%，花蓟马为 98.10%，而华简管蓟马是 98.03%。从变异位点也可以看出，花蓟马和华简管蓟马最多，为 12 个。接着是普通大蓟马 10 个，黄胸蓟马 5 个。棕榈蓟马最少，只有 2 个。保守序列越多，变异序列越少说明蓟马在进化过程中具有高度的保守性和遗传稳定性。棕榈蓟马和黄胸蓟马的高保守位点和低变异位点百分比反映了其在进化上的稳定性，而花蓟马和华简管蓟马相对较低则可能暗示其经历了更多的变异。自裔位点方面，5 种蓟马都不高。在转换与颠换方面，普通大蓟马、黄胸蓟马、花蓟马和华简管蓟马转换位点多于颠换位点，表明变异类型以转换为主。5 种蓟马都没有出现缺失位点。

在碱基组成上，普通大蓟马序列 T、C、A、G 含量分别为 38.8%、15.9%、32.3%、13.0%。黄胸蓟马为 36.8%、15.2%、34.9%、13.1%。花蓟马 T、C、A、G 含量分别为 37.3%、18.1%、30.8%、13.8%。棕榈蓟马序含量是 35.2%、16.5%、35.2%、13.1%。简管蓟马分别为 42.3%、12.4%、32.2%、13.1%。所有调查中蓟马序列中 A+T 含量大幅度高于 G+C 含量，表现出明显的碱基偏倚性。

表 2 豇豆蓟马序列分析

Table 2 Sequence analysis of cowpea thrips

CO I 基因 CO I gene	普通大蓟马 <i>Megalurothrips usitatus</i>	黄胸蓟马 <i>Thrips hawaiiensis</i>	花蓟马 <i>Frankliniella intonsa</i>	棕榈蓟马 <i>Thrips palmi</i>	华简管蓟马 <i>Haplothrips chinensis</i>
片段长度 Fragment length	612	642	630	642	609
保守位点 Conserved sites	602	637	618	641	597
变异位点 Variable sites	10	5	12	1	12
简约性信息位点 Parsimony-informative	9	5	11	0	10

sites					
自裔位点 Singleton sites	1	0	1	1	2
转换位点 Transitions	2	1	2	0	4
颠换位点 Transversions	0	0	0	0	0

### 2.3 豇豆蓟马遗传多样性及遗传分化分析

DnaSP 6 的分析结果显示, 普通大蓟马 (表 3) 种群中种群遗传多样性检测到的单倍型最多, 为 7 种单倍型, 单倍型  $H_{MU1}$  为优势单倍型, 出现了 60 次, 占有检测个体的 61.22%, 北海和钦州种群检测到的单倍型最多, 为 4 个单倍型。其次是桂林、防城港和梧州地区, 为 3 个单倍型。柳州、崇左、玉林、贺州、河池和贵港均检测到 2 种单倍型, 南宁、百色和来宾为 1 个单倍型。从最高值来看, 防城港种群的单倍型多样性  $Hd$  值最高 ( $0.800 \pm 0.122$ ), 梧州种群的核苷酸多样性  $Pi$  值和核苷酸平均差异数  $K$  值最高, 为  $0.00545 \pm 0.00113$  和 3.333。柳州、桂林、玉林、防城港、梧州和贵港等 6 个地理种群的中性检验 Tajima's D 结果为正值, 说明 6 个地位的序列进化方式为平衡选择, 且有一些单倍型分化。北海、钦州、崇左、贺州和河池为 Tajima's D 为负值, 则进化方式为负向选择或群体扩张。花蓟马 (表 4) 种群中存在 6 种单倍型。优势单倍型为  $H_{F11}$ , 出现了 49 次, 占 69.01%。钦州、来宾、防城港、梧州和贵港种群检测到仅有 1 个单倍型, 北海、桂林、南宁、百色、贺州和河池为 2 个单倍型, 柳州有 3 个单倍型。花蓟马的  $Hd$  值范围 0.000~0.607, 其中北海、柳州、南宁、百色、贺州和河池都达到了 0.500, 桂林为 0.222。南宁种群  $Pi$  值、 $K$  值和 Tajima's D 值都是最大, 为 0.00762、4.800 和 2.18127。桂林种群的 Tajima's D 值为负值 (-1.72782)。豇豆上的黄胸蓟马 (表 5) 一共存在 5 种单倍型, 其中北海种群遗传多样性较丰富, 有 3 种单倍型, 其次是河池有 2 种单倍型, 钦州、桂林、南宁、来宾、防城港和贺州仅有 1 种单倍型的种群。但北海种群有独有单倍型  $H_{TH3}$ , 南宁有单倍型  $H_{TH4}$ 。8 个市区黄胸蓟马总群体  $Hd$  值为  $0.725 \pm 0.055$ ,  $Pi$  值为  $0.00196 \pm 0.00027$ ,  $K$  值为 1.261。本次检测中的华筒管蓟马 (表 6) 含有 5 种单倍型, 这些单倍型被标记为  $H_{HC1}$ ~ $H_{HC5}$ 。优势单倍型为  $H_{HC2}$ , 出现频率为 33.33%; 其次是出现 23.81% 的  $H_{HC3}$  和  $H_{HC4}$ , 出现 5 次。 $H_{HC1}$  和  $H_{HC5}$  出现频率较低。棕蓟马 (表 7) 有且仅有 2 种单倍型, 单倍型  $H_{TP1}$  为绝对优势单倍型, 出现了 10 次,



占比高达 90.91%，意味着 H<sub>TP1</sub> 单倍型携带着对棕榈蓟马生存重要的遗传信息，或该单倍型在环境适应性上具有优势。南宁种群有单倍型 H<sub>TP1</sub> 和 H<sub>TP2</sub>，其他地方种群只有单倍型 H<sub>TP1</sub>。南宁种群的 *Hd* 值为 1.000，*Pi* 值为 0.001 56，*K* 值为 1。

表 3 普通大蓟马不同地理种群遗传多样性分析

Table 3 Analysis of genetic diversity among different geographic populations of *Megalurothrips usitatus*

地点 Locality	单倍型数 (n) Number of haplotypes	单倍型 (个体数) Haplotypes (number of individuals)	单倍型多样性 ( <i>Hd</i> ) Haplotype diversity	核苷酸多样性 ( <i>Pi</i> ) Nucleotide diversity	核苷酸平均差异数 ( <i>K</i> ) Average number of nucleotide differences	中性检验 Tajima's D
北海 BH	4	H <sub>MU1</sub> (7) H <sub>MU2</sub> (3) H <sub>MU3</sub> (1) H <sub>MU4</sub> (1)	0.636 ± 0.128	0.00230 ± 0.00108	1.409	-1.53441
钦州 QZ	4	H <sub>MU1</sub> (8) H <sub>MU3</sub> (1) H <sub>MU4</sub> (2) H <sub>MU5</sub> (1)	0.561 ± 0.154	0.00302 ± 0.00118	1.848	-0.79261
柳州 LZ	2	H <sub>MU1</sub> (7) H <sub>MU4</sub> (2)	0.389 ± 0.164	0.00318 ± 0.00134	1.944	0.24121
桂林 GL	3	H <sub>MU1</sub> (3) H <sub>MU3</sub> (2) H <sub>MU4</sub> (4)	0.722 ± 0.097	0.00517 ± 0.00076	3.167	1.89532
崇左 CZ	2	H <sub>MU1</sub> (5) H <sub>MU6</sub> (1)	0.333 ± 0.215	0.00054 ± 0.00035	0.333	-0.93302
南宁 NN	1	H <sub>MU1</sub> (3)	0.000	0.00000	0.000	-
百色 BS	1	H <sub>MU1</sub> (6)	0.000	0.00000	0.000	-
玉林 YL	2	H <sub>MU1</sub> (2) H <sub>MU4</sub> (4)	0.533 ± 0.172	0.00436 ± 0.00141	2.667	1.21883
来宾 LB	1	H <sub>MU1</sub> (5)	0.000	0.00000	0.000	-
防城港 FCG	3	H <sub>MU1</sub> (2) H <sub>MU4</sub> (2) H <sub>MU6</sub> (2)	0.800 ± 0.122	0.00523 ± 0.00139	3.200	1.24649
贺州 HZ	2	H <sub>MU1</sub> (5) H <sub>MU4</sub> (1)	0.333 ± 0.215	0.00272 ± 0.00176	1.667	-1.33698
梧州 WZ	3	H <sub>MU1</sub> (2) H <sub>MU3</sub> (1) H <sub>MU4</sub> (3)	0.733 ± 0.155	0.00545 ± 0.00113	3.333	1.53691
河池 HC	2	H <sub>MU1</sub> (5) H <sub>MU4</sub> (1)	0.333 ± 0.215	0.00272 ± 0.00176	1.667	-1.33698
贵港 GG	2	H <sub>MU4</sub> (4) H <sub>MU7</sub> (2)	0.533 ± 0.172	0.00523 ± 0.00169	3.200	1.24649

注：H<sub>MU</sub> 为普通大蓟马单倍型代称。Note: H<sub>MU</sub> was the haplotype abbreviation for the *Megalurothrips usitatus*.

表 4 花蓟马不同地理种群遗传多样性分析

Table 4 Analysis of genetic diversity among different geographic populations of *Frankliniella intonsa*

地点 Locality	单倍型数 (n) Number of haplotypes	单倍型 (个体数) Haplotypes (number of individuals)	单倍型多样性 ( <i>Hd</i> ) Haplotype diversity	核苷酸多样性 ( <i>Pi</i> ) Nucleotide diversity	核苷酸平均差异数 ( <i>K</i> ) Average number of nucleotide differences	中性检验 Tajima's D
北海 BH	2	H <sub>F11</sub> (6) H <sub>F12</sub> (3)	0.500 ± 0.128	0.00556 ± 0.00143	3.500	1.60112
钦州 QZ	1	H <sub>F11</sub> (5)	0.000	0.00000	0.000	-
柳州 LZ	3	H <sub>F11</sub> (5) H <sub>F13</sub> (1) H <sub>F14</sub> (2)	0.607 ± 0.164	0.00312 ± 0.00106	1.964	0.08445
桂林 GL	2	H <sub>F11</sub> (8) H <sub>F15</sub> (1)	0.222 ± 0.166	0.00212 ± 0.00158	1.333	-1.72782
南宁 NN	2	H <sub>F11</sub> (3) H <sub>F16</sub> (3)	0.600 ± 0.129	0.00762 ± 0.00164	4.800	2.18127
百色 BS	2	H <sub>F11</sub> (3) H <sub>F12</sub> (3)	0.600 ± 0.129	0.00667 ± 0.00143	4.200	2.15336

来宾 LB	1	H <sub>FI</sub> 5(3)	0.000	0.00000	0.000	-
防城港 FCG	1	H <sub>FI</sub> 1(3)	0.000	0.00000	0.000	-
贺州 HZ	2	H <sub>FI</sub> 1(3) H <sub>FI</sub> 5(3)	0.600 ± 0.129	0.00571 ± 0.00123	3.600	2.11776
梧州 WZ	1	H <sub>FI</sub> 1(4)	0.000	0.00000	0.000	-
河池 HC	2	H <sub>FI</sub> 1(3) H <sub>FI</sub> 4(3)	0.600 ± 0.129	0.00381 ± 0.00082	2.400	2.00579
贵港 GG	1	H <sub>FI</sub> 1(6)	0.000	0.00000	0.000	-

注: H<sub>FI</sub>为花蓟马单倍型代称。Note: H<sub>FI</sub> was the haplotype abbreviation for the *Frankliniella intonsa*.

表 5 黄胸蓟马不同地理种群遗传多样性分析

Table 5 Analysis of genetic diversity among different geographic populations of *Thrips hawaiiensis*

地点 Locality	单倍型数 (n) Number of haplotypes	单倍型 (个体数) Haplotypes (number of individuals)	单倍型多样性 (Hd)		核苷酸平均差异数 (K) Average number of nucleotide differences	中性检验 Tajima's D
			Haplotype diversity	Nucleotide diversity		
北海 BH	3	H <sub>TH</sub> 1(6) H <sub>TH</sub> 2(4) H <sub>TH</sub> 3(2)	0.667 ± 0.091	0.002551 ± 0.00047	1.636	0.82793
钦州 QZ	1	H <sub>TH</sub> 1(1)	0.000	0.00000	0.000	-
桂林 GL	1	H <sub>TH</sub> 1(3)	0.000	0.00000	0.000	-
南宁 NN	1	H <sub>TH</sub> 4(3)	0.000	0.00000	0.000	-
来宾 LB	1	H <sub>TH</sub> 5(3)	0.000	0.00000	0.000	-
防城港 FCG	1	H <sub>TH</sub> 1(3)	0.000	0.00000	0.000	-
贺州 HZ	1	H <sub>TH</sub> 1(2)	0.000	0.00000	0.000	-
河池 HC	2	H <sub>TH</sub> 2(3) H <sub>TH</sub> 4(3)	0.600 ± 0.129	0.00093 ± 0.00020	0.600	1.44510

注: H<sub>TH</sub>为黄胸蓟马单倍型代称。Note: H<sub>TH</sub> was the haplotype abbreviation for the *Thrips hawaiiensis*.

表 6 华筒管蓟马不同地理种群遗传多样性分析

Table 6 Analysis of genetic diversity among different geographic populations of *Haplothrips chinensis*

地点 Locality	单倍型数 (n) Number of haplotypes	单倍型 (个体数) Haplotypes (number of individuals)	单倍型多样性 (Hd)		核苷酸平均差异数 (K) Average number of nucleotide differences	中性检验 Tajima's D
			Haplotype diversity	Nucleotide diversity		
钦州 QZ	2	H <sub>HC</sub> 1(3) H <sub>HC</sub> 2(3)	0.600 ± 0.129	0.00887 ± 0.00191	5.400	2.20374
柳州 LZ	1	H <sub>HC</sub> 2(3)	0.000	0.00000	0.000	-
桂林 GL	2	H <sub>HC</sub> 3(2) H <sub>HC</sub> 4(2)	0.667 ± 0.204	0.00657 ± 0.00201	4.000	2.15629
南宁 NN	1	H <sub>HC</sub> 5(1)	0.000	0.00000	0.000	-
玉林 YL	1	H <sub>HC</sub> 2(1)	0.000	0.00000	0.000	-
河池 HC	2	H <sub>HC</sub> 3(3) H <sub>HC</sub> 4(3)	0.600 ± 0.129	0.00591 ± 0.00127	3.600	2.11776

注: H<sub>HC</sub>为华筒管蓟马单倍型代称。Note: H<sub>HC</sub> was the haplotype abbreviation for the *Haplothrips chinensis*.

表 7 棕榈蓟马不同地理种群遗传多样性分析

Table 7 Analysis of genetic diversity among different geographic populations of *Thrips palmi*

地点 Locality	单倍型数(n) Number of haplotypes	单倍型(个体数) Haplotypes (number of individuals)	单倍型多样性(Hd) Haplotype diversity	核苷酸多样性(Pi) Nucleotide diversity	核苷酸平均差异数(K) Average number of nucleotide differences	中性检验 Tajima's D
柳州 LZ	1	H <sub>TP</sub> 1(6)	0.000	0.00000	0.000	-
南宁 NN	2	H <sub>TP</sub> 1(1) H <sub>TP</sub> 2(1)	1.000 ± 0.500	0.00156 ± 0.00078	1.000	-
来宾 LB	1	H <sub>TP</sub> 1(1)	0.000	0.00000	0.000	-
防城港 FCG	1	H <sub>TP</sub> 1(1)	0.000	0.00000	0.000	-
梧州 WZ	1	H <sub>TP</sub> 1(1)	0.000	0.00000	0.000	-

注: H<sub>TP</sub> 为棕榈蓟马单倍型代称。Note: H<sub>TP</sub> was the haplotype abbreviation for the *Thrips palmi*.

基于序列分析, 14 个市区的普通大蓟马(表 8)地理种群两两之间的遗传分化指数( $F_{st}$ )范围为-0.20000~0.60000, 其中玉林与南宁、百色和来宾的遗传分化水平最高, 河池与贺州的遗传分化水平最低。同时, 基流动( $Nm$ )的广泛波动(-996.00~103.50), 揭示了种群间基因交流的复杂性, 其中柳州与桂林的种群间基因流动尤为显著。在广西 12 个市区采集到了花蓟马(表 9), 其的  $F_{st}$  值为-0.12500~1.00000, 来宾种群与钦州、防城港和贵港的分化程度都比较高; 南宁与百色种群的分化程度较低。柳州与桂林种群之前的基因流动相对低, 为-34.63, 而北海与柳州、河池都  $Nm$  值都超过了 20, 基因交流频繁, 显示出较高的基因流动性。在黄胸蓟马(表 10)的 8 个地理种群中, 桂林与南宁、来宾种群, 南宁与来宾、防城港、贺州种群, 防城港与贺州种群的遗传分化均较为显著。北海与河池基因交流最高, 为 2.60。华筒管蓟马(表 11)  $F_{st}$  范围为-0.26667~0.40000,  $Nm$  变异范围为-2.38~7.83, 其中桂林和河池两地种群分化程度和基因流动均为最低。棕榈蓟马不同地理种群间的  $F_{st}$  值和  $Nm$  值均表现出零值, 基因交流水平和遗传分化不明显, 表示种群间具有高度的遗传同质性。

表 8 普通大蓟马种群间分化指数  $F_{st}$  (下三角形) 和基因流  $Nm$  (上三角形)

Table 8 The differentiation index  $F_{st}$  (lower triangle) and gene flow  $Nm$  (upper triangle) among populations of *Megalurothrips usitatus*

地点 Locality	北海 BH	钦州 QZ	柳州 LZ	桂林 GL	崇左 CZ	南宁 NN	百色 BS	玉林 YL	来宾 LB	防城港 FCG	贺州 HZ	梧州 WZ	河池 HC	贵港 GG
北海 BH		-25.80	-996.00	2.29	9.58	7.75	7.75	0.68	7.75	6.87	-8.23	1.97	-8.23	0.74
钦州 QZ	-0.01976		-6.09	7.88	7.20	6.10	6.10	1.17	6.10	-15.82	-4.35	6.04	-4.35	1.22
柳州 LZ	-0.00050	-0.08946		103.50	4.10	3.50	3.50	1.75	3.50	-6.37	-3.90	47.50	-3.90	1.78
桂林 GL	0.17910	0.05966	0.00481		1.02	0.92	0.92	-14.32	0.92	-7.22	10.04	-3.73	10.04	-45.24
崇左 CZ	0.04959	0.06494	0.10870	0.32979		0.00	0.00	0.38	0.00	3.06	0.00	0.92	0.00	0.43

南宁 NN	0.06061	0.07576	0.12500	0.35227	0.00000	-	0.33	-	2.00	0.00	0.83	0.00	0.39
百色 BS	0.06061	0.07576	0.12500	0.35227	0.00000	0.00000	0.33	-	2.00	0.00	0.83	0.00	0.39
玉林 YL	0.42233	0.29937	0.22188	-0.03618	0.57143	0.60000	0.60000	0.33	8.25	1.22	-4.50	1.22	-3.88
来宾 LB	0.06061	0.07576	0.12500	0.35227	0.00000	0.00000	0.00000	0.60000	2.00	0.00	0.83	0.00	0.39
防城港 FCG	0.06782	-0.03264	-0.08516	-0.07438	0.14054	0.20000	0.20000	0.05714	0.20000	-7.82	-6.12	-7.82	6.55
贺州 HZ	-0.06469	-0.12987	-0.14706	0.04745	0.00000	0.00000	0.00000	0.29091	0.00000	-0.06829	7.50	-3.00	1.27
梧州 WZ	0.20221	0.07651	0.01042	-0.15461	0.35294	0.37500	0.37500	-0.12500	0.37500	-0.08889	0.06250	7.50	-6.12
河池 HC	-0.06469	-0.12987	-0.14706	0.04745	0.00000	0.00000	0.00000	0.29091	0.00000	-0.06829	-0.20000	0.06250	1.27
贵港 GG	0.40314	0.29006	0.21966	-0.01118	0.53913	0.56364	0.56364	-0.14783	0.56364	0.07097	0.28197	-0.08889	0.28197

表 9 花蓟马种群间分化指数  $F_{st}$  (下三角形) 和基因流  $N_m$  (上三角形)

Table 9 The differentiation index  $F_{st}$  (lower triangle) and gene flow  $N_m$  (upper triangle) among populations of *Frankliniella intonsa*

地点 Locality	北海 BH	钦州 QZ	柳州 LZ	桂林 GL	南宁 NN	百色 BS	来宾 LB	防城港 FCG	贺州 HZ	梧州 WZ	河池 HC	贵港 GG
北海 BH		1.50	22.95	3.35	-13.83	-5.50	0.19	1.50	2.27	1.50	29.50	1.50
钦州 QZ	0.25000		3.44	0.00	0.75	0.75	0.00	-	0.75	-	0.75	-
柳州 LZ	0.02132	0.12698		-34.63	2.28	2.84	0.11	3.44	2.35	3.44	-19.09	3.44
桂林 GL	0.13000	0.00000	-0.01465		1.21	1.30	0.07	0.00	2.31	0.00	2.00	0.00
南宁 NN	-0.03750	0.40000	0.18009	0.29231		-4.50	0.26	0.75	1.62	0.75	4.50	0.75
百色 BS	-0.10000	0.40000	0.14975	0.27826	-0.12500		0.24	0.75	1.77	0.75	8.25	0.75
来宾 LB	0.72368	1.00000	0.82540	0.87500	0.65714	0.67692		0.00	0.75	0.00	0.16	0.00
防城港 FCG	0.25000	0.00000	0.12698	0.00000	0.40000	0.40000	1.00000		0.75	-	0.75	-
贺州 HZ	0.18077	0.40000	0.17566	0.17778	0.23636	0.22000	0.40000	0.40000		0.75	3.00	0.75
梧州 WZ	0.25000	0.00000	0.12698	0.00000	0.40000	0.40000	1.00000	0.00000	0.40000		0.75	-
河池 HC	0.01667	0.40000	-0.02689	0.20000	0.10000	0.05714	0.76000	0.40000	0.14286	0.40000		0.75
贵港 GG	0.25000	0.00000	0.12698	0.00000	0.40000	0.40000	1.00000	0.00000	0.40000	0.00000	0.40000	

表 10 黄胸蓟马种群间分化指数  $F_{st}$  (下三角形) 和基因流  $N_m$  (上三角形)

Table 10 The differentiation index  $F_{st}$  (lower triangle) and gene flow  $N_m$  (upper triangle) among populations of *Thrips hawaiiensis*

地点 Locality	北海 BH	钦州 QZ	桂林 GL	南宁 NN	来宾 LB	防城港 FCG	贺州 HZ	河池 HC
北海 BH		-	1.17	1.17	0.30	1.17	1.17	2.60
钦州 QZ	-		-	-	-	-	-	-
桂林 GL	0.29870	-		0.00	0.00	0.00	0.00	0.13
南宁 NN	0.29870	-	1.00000		0.00	0.00	0.00	0.75

来宾 LB	0.62238	-	1.00000	1.00000		0.00	0.00	0.07
防城港 FCG	0.29870	-	0.00000	1.00000	1.00000		0.00	0.13
贺州 HZ	0.29870	-	0.00000	1.00000	1.00000	0.00000		0.13
河池 HC	0.16136	-	0.80000	0.40000	0.88000	0.80000	0.80000	

表 11 华简管蓟马种群间分化指数  $F_{st}$  (下三角形) 和基因流  $Nm$  (上三角形)

Table 11 The differentiation index  $F_{st}$  (lower triangle) and gene flow  $Nm$  (upper triangle) among populations of *Haplothrips chinensis*

地点 Locality	钦州 QZ	柳州 LZ	桂林 GL	南宁 NN	玉林 YL	河池 HC
钦州 QZ		0.75	7.83	-	-	4.50
柳州 LZ	0.40000		1.00	-	-	0.75
桂林 GL	0.06000	0.33333		-	-	-2.38
南宁 NN	-	-	-		-	-
玉林 YL	-	-	-	-		-
河池 HC	0.10000	0.40000	-0.26667	-	-	

## 2.4 豇豆蓟马系统发育关系分析

不同地理种群间的蓟马遗传距离呈现一定的分布特点。普通大蓟马 (表 12) 在 14 个市区种群间的遗传距离为 0.00000~0.00631, 平均为 0.00348, 其中贵港与北海、崇左种群的遗传距离差异较大。来宾与南宁、百色种群, 百色与南宁的遗传为 0.00000, 表示两个群体中遗传标记都存在, 在遗传上非常相似或完全相同。在出现的 12 个地理位置里, 花蓟马 (表 13) 的种群间在 0.00000 和 0.01111 之间, 遗传距离最远的是南宁和来宾的种群, 其次是来宾与百色、北海种群。黄胸蓟马、华简管蓟马和棕榈蓟马 (表 14~表 16) 分布的市区位置较少, 分别为 8 个、6 个和 5 个。黄胸蓟马的遗传距离为 0.00000~0.00389, 种群之间的遗传距离都在 0.01 以下, 遗传距离差异较小。华简管蓟马遗传距离为 0.00000~0.01642, 平均值为 0.00837, 南宁与柳州、玉林种群的遗传距离最远, 玉林与柳州种群的遗传距离最近。棕榈蓟马 5 个市区的位置遗传距离差异为 0.00000~0.00078, 表明这 5 个市区的棕榈蓟马种群在遗传上非常接近, 表现出高度的保守性。

加入 GenBank 中公布的蓟马 mtDNA CO I 序列, 横纹蓟马 *Aeolothrips fasciatus*、浅二色管蓟马 *Dyothrips pallescens*、菊简管蓟马 *Haplothrips gowdeyi*、西花蓟马、烟蓟马作外群, 基于邻接法构建豇豆蓟马系统发育树 (详情见网络版增强出版附件材料), 可看出 5 种豇豆蓟马与已公开同种蓟马聚为一群且同种蓟马的序列聚为一支, 均与外群形成明显的分支, 也可以进一步确认同种蓟马之间的序列具有高相似性并与外群在遗传上存在显著差异。

表 12 不同地理种群间普通大蓟马的遗传距离

Table 12 Genetic distance among different geographical populations of *Megalurothrips usitatus*

北海 BH 钦州 QZ 柳州 LZ 桂林 GL 崇左 CZ 南宁 NN 百色 BS 玉林 YL 来宾 LB 防城港 FCG 贺州 HZ 梧州 WZ 河池 HC 贵港 GG											
北海 BH											
钦州 QZ	0.00261										
柳州 LZ	0.00274	0.00284									
桂林 GL	0.00455	0.00436	0.00420								
崇左 CZ	0.00150	0.00191	0.00209	0.00427							
南宁 NN	0.00123	0.00163	0.00182	0.00399	0.00027						
百色 BS	0.00123	0.00163	0.00182	0.00399	0.00027	0.00000					
玉林 YL	0.00576	0.00527	0.00484	0.00460	0.00572	0.00545	0.00545				
来宾 LB	0.00123	0.00163	0.00182	0.00399	0.00027	0.00000	0.00000	0.00545			
防城港 FCG	0.00404	0.00399	0.00387	0.00484	0.00336	0.00327	0.00327	0.00508	0.00327		
贺州 HZ	0.00236	0.00254	0.00257	0.00415	0.00163	0.00136	0.00136	0.00499	0.00136	0.00372	
梧州 WZ	0.00486	0.00458	0.00436	0.00460	0.00463	0.00436	0.00436	0.00436	0.00436	0.00490	0.00436
河池 HC	0.00236	0.00254	0.00257	0.00415	0.00163	0.00136	0.00136	0.00499	0.00136	0.00372	0.00227
贵港 GG	0.00631	0.00581	0.00539	0.00514	0.00626	0.00599	0.00599	0.00418	0.00599	0.00563	0.00554

表 13 不同地理种群间花蓟马的遗传距离

Table 13 Genetic distance among different geographical populations of *Frankliniella intonsa*

北海 BH 钦州 QZ 柳州 LZ 桂林 GL 南宁 NN 百色 BS 来宾 LB 防城港 FCG 贺州 HZ 梧州 WZ 河池 HC 贵港 GG											
北海 BH											
钦州 QZ	0.00370										
柳州 LZ	0.00443	0.00179									
桂林 GL	0.00441	0.00106	0.00258								
南宁 NN	0.00635	0.00635	0.00655	0.00688							
百色 BS	0.00556	0.00556	0.00575	0.00608	0.00635						
来宾 LB	0.01005	0.00952	0.00893	0.00847	0.01111	0.01032					
防城港 FCG	0.00370	0.00000	0.00179	0.00106	0.00635	0.00556	0.00952				
贺州 HZ	0.00688	0.00476	0.00536	0.00476	0.00873	0.00794	0.00476	0.00476			
梧州 WZ	0.00370	0.00000	0.00179	0.00106	0.00635	0.00556	0.00952	0.00000	0.00476		
河池 HC	0.00476	0.00317	0.00337	0.00370	0.00635	0.00556	0.00794	0.00317	0.00556	0.00317	

表 14 不同地理种群间黄胸蓟马的遗传距离

Table 14 Genetic distance among different geographical populations of *Thrips hawaiiensis*

	北海 BH	钦州 QZ	桂林 GL	南宁 NN	来宾 LB	防城港 FCG	贺州 HZ	河池 HC
北海 BH								
钦州 QZ	0.00182							
桂林 GL	0.00182	0.00000						
南宁 NN	0.00182	0.00156	0.00156					
来宾 LB	0.00337	0.00156	0.00156	0.00312				
防城港 FCG	0.00182	0.00000	0.00000	0.00156	0.00156			
贺州 HZ	0.00182	0.00000	0.00000	0.00156	0.00156	0.00000		
河池 HC	0.00208	0.00234	0.00234	0.00078	0.00389	0.00234	0.00234	

表 15 不同地理种群间华筒管蓟马的遗传距离

Table 15 Genetic distance among different geographical populations of *Haplothrips chinensis*

	钦州 QZ	柳州 LZ	桂林 GL	南宁 NN	玉林 YL	河池 HC
钦州 QZ						
柳州 LZ	0.00739					
桂林 GL	0.00821	0.00493				
南宁 NN	0.01067	0.01642	0.01314			
玉林 YL	0.00739	0.00000	0.00493	0.01642		
河池 HC	0.00821	0.00493	0.00493	0.01314	0.00493	

表 16 不同地理种群间棕榈蓟马的遗传距离

Table 16 Genetic distance among different geographical populations of *Thrips palmi*

	柳州 LZ	南宁 NN	来宾 LB	防城港 FCG	梧州 WZ
柳州 LZ					
南宁 NN	0.00078				
来宾 LB	0.00000	0.00078			
防城港 FCG	0.00000	0.00078	0.00000		
梧州 WZ	0.00000	0.00078	0.00000	0.00000	

### 3 结论与讨论

现国外报导的豇豆蓟马种类主要有丝大蓟马 *Megalurothrips sjostedi* Trybom、普通大蓟马、棕榈蓟马、小鬃蓟马 *Thrips parvispinus* Karny、烟蓟马、黄胸蓟马和梳缺花蓟马 *Frankliniella schultzei* Trybom、*Sericothrips occipitalis* Hood 等，其中优势种是丝大蓟马 (Ezueh, 1981; Reynaud *et al.*, 2008; Viteri *et al.*, 2010; Muchero

*et al.*, 2010; *Fontes et al.*, 2011; *Oladejo et al.*, 2017; *Arunkumar et al.*, 2022; *Nagdev et al.*, 2022)。在我国, 为害豇豆的蓟马种类主要有普通大蓟马、花蓟马、黄胸蓟马和棕榈蓟马, 其中花蓟马和普通大蓟马最为常见, 为害程度也最重 (吴圣勇等, 2023)。本次调查中共发现广西豇豆蓟马有普通大蓟马、花蓟马、黄胸蓟马、棕榈蓟马和华筒管蓟马, 其中优势种是普通大蓟马, 与吴圣勇等 (2023) 调查结果相似。随着地理环境不同, 种植结构和耕作制度变化, 各省份豇豆蓟马种类也有所差异 (曲春娟等, 2024)。海南豇豆蓟马为普通大蓟马和花蓟马 (唐良德等, 2015)。贵州上为端大蓟马 *Megalurothrips distalis*、花蓟马、豇豆毛蓟马 *Ayyari chaetophora*、西花蓟马、普通大蓟马和色蓟马 *Thrips coloratus* (叶佳琴等, 2023)。广西的豇豆上出现华筒管蓟马也可能是跟广西的地理环境及种植作物有关。在本次样本分析中, 所采集到的普通大蓟马个体呈现出显著的性别比例差异, 雌性占比高达 82.72%, 而雄性仅占 17.28%。造成上述变化, 从遗传角度看, 普通大蓟马是典型的单倍-二倍体生物, 生殖方式采用两性生殖和孤雌生殖, 加上性别比例失调因子调控, 可以灵活的调节后代比例 (杨鹤鸣等, 2022)。外因可能是温度的变化, 高温能改变昆虫的性别。在气候适宜时, 昆虫雌性比例较高, 气候不适宜, 雌体较少 (章士美等, 1986)。从中也反应广西气候适宜普通大蓟马生存繁殖。外界因子可导致性染色体发生异常分离, 或影响配子及合子的选择过程, 从而影响性别决定。当雌性个体比例上升时, 通常预示着该昆虫种群有大发生的可能 (章士美等, 1986)。

在本研究中, 成功获取了 234 条豇豆蓟马的 mtDNA *COI* 基因序列, 所研究的五种豇豆蓟马在碱基组成上均展现出显著的 A/T 偏好性, 这一特征与昆虫线粒体 DNA 中典型的碱基组成特点相吻合 (谢艳兰等, 2019)。在所分析的序列数据中, 普通大蓟马展现出了最丰富的单倍型多样性, 为 7 种单倍型; 花蓟马次之, 为 6 种单倍型; 黄胸蓟马与华筒管蓟马检测出 5 种单倍型; 棕榈蓟马最少, 仅有 2 个单倍型。不同种群的单倍型种类的多样性反映了豇豆蓟马种群在进化过程中经历了多次基因流、突变、重组和自然选择等事件, 反映它们在历史、地理和文化上的隔离和分化。高频单倍型反应其在种群中的历史悠久, 具备强大的环境适应能力和遗传稳定性, 是种群中的核心与基石 (张桂芬等, 2014)。在广西豇豆田间生态系统中, 花蓟马与黄胸蓟马的 *Fst* 值超过 0.25 的比例分别高达 46.97% 与 61.00% (王富平等, 2022), 表明这两种蓟马在该地区的遗传分化程度较为显著。相比之下, 普通大蓟马与华筒管蓟马的 *Fst* 值超过 0.25 的比例分别为 25.27% 与 20.00%, 显示出它们在不同地理种群间的分化虽存在但总体程度相对较低。而棕榈蓟马未表现出基因流与



遗传分化的迹象，具有高度保守性。

从本次广西豇豆蓟马采集及鉴定的情况可以看出，广西各地区豇豆上的花蓟马、华筒管蓟马和普通大蓟马种群遗传分化和基因交流较多，黄胸蓟马和棕榈蓟马较低。但这一数据分析结果与采样数量也有关系，样本数量越多，呈现的分化也比较大。本次棕榈蓟马采样量最少，仅采到 13 头，可能导致分析结果不够准确。当然，分析结果还受到蓟马种类多样性及其田间数量的影响，从而在一定程度上塑造了观察到的遗传分化格局。从遗传距离和发育树来看，5 种豇豆蓟马没有明显分支，种群间分子变异主要来自种群内部。

豇豆蓟马体型细微，具备飞行、跳跃能力，但其长途飞行的能力相对有限，主要依赖人类活动实现远距离的扩散。广西是中国豇豆生产的主要区域（潘云娟，2023），豇豆幼苗与果实在市场上的广泛流通，可能是当前广西豇豆蓟马分布特征的关键因素。本研究聚焦于广西境内 34 个豇豆田的样本采集，历时两年，但受限于实验样本量有限及各地豇豆生长环境的多样性等原因，实验结果在遗传分化和多态性的阐述上可能有待完善。因此，为更全面地理解地理种群间的遗传变异与分化，有必要扩大采样范围并增加样本量。此外，当前研究对识别出的 5 种豇豆蓟马种类的分析尚属初步，未来需进一步深入探索，以揭示这些蓟马种群遗传变异的具体机制及其分布格局形成的根本原因。

### 参考文献（References）

- Arun Kumar P, Kennedy JS, Rajabaskar D, *et al.* Impact of watermelon bud necrosis virus (WBNV) infected plants on the volatile emission pattern in cowpea plants [J]. *Journal of Applied and Natural Science*, 2022, 14 (SI): 16-23.
- Blackmon H, Ross L, Bachtrog D. Sex determination, sex chromosomes, and karyotype evolution in insects [J]. *Hered.* 2017, 108 (1): 78-93.
- Boukar O, Belko N, Chamarthi S, *et al.* Cowpea (*Vigna unguiculata*): Genetics, genomics and breeding [J]. *Plant Breeding*, 2019, 138 (4): 415-424.
- Cao JY, Liu RS, Wang J. New alien invasion banded greenhouse thrips *Hercinothrips femoralis* (Thysanoptera: Thripidae) in China [J]. *Journal of Biosafety*, 2023, 32 (2): 188-192. [曹婧钰, 刘若思, 王军. 警惕新外来入侵害虫——股带针蓟马 *Hercinothrips femoralis* (缨翅目:蓟马科) [J]. 生物安全学报, 2023, 32 (2): 188-192]
- Cao LJ, Zhou XY, Gong YJ, *et al.* Molecular identification and genetic diversity of spider mites on strawberry from 12 regions of China [J]. *Plant Protection*, 2018, 44 (4): 158-161. [曹利军, 周晓怡, 宫亚军, 等. 我国 12 个地区草莓叶螨种类分子鉴定及遗传多样性 [J]. 植物保护, 2018, 44 (4): 158-161]
- Chen Q, Zhang CM, Guo YY, *et al.* Character evaluation and variety screening of different *Vigna sesquipedalis* varieties in coastal areas of Guangxi [J]. *Seed*, 2020, 39 (12): 146-150, 9. [陈琴, 张朝明, 郭元元, 等. 广西沿海地区不同长豇豆品种性状评价及品种筛选 [J]. 种子, 2020, 39 (12): 146-150, 9]
- Dai HJ, Liu J, Liu YJ, *et al.* Melon yellow spot virus (MYSV) transmitted by *Thrip palmi* in Shandong [J]. *China Vegetables*, 2017, 4: 61-64. [代惠洁, 刘锦, 刘永杰, 等. 山东地区棕榈蓟马对甜瓜黄斑病毒的传播 [J]. 中国蔬菜, 2017, 4: 61-64]
- Ezueh MI. Nature and significance of preflowering damage by thrips to cowpea [J]. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 1981, 29 (3): 305-312.

- Feng JN, Hu QL, Zhang SM. Fauna Sinica. Insecta. Volume 69. Thysanoptera (Volumes I & II) [M]. Beijing: Science Press, 2021. [冯纪年, 胡庆玲, 张诗萌. 中国动物志 昆虫纲 第六十九卷 缨翅目(上下卷) [M]. 北京: 科学出版社, 2021]
- Fontes LS, Pinet SMJ, Lima ÉFB, *et al.* First register of occurrence of *Frankliniella schultzei* (Trybom, 1910) (Thysanoptera: Thripidae) in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) in the state of Piauí, Brazil [J]. *Brazilian Journal of Biology*, 2011, 71 (4): 1023-1024.
- Hehe W, George GK, Francis PFR, *et al.* Molecular identification of thrips species infesting cotton in the Southeastern United States [J]. *Journal of Economic Entomology*, 2018, 111 (2): 892-898.
- Huang LL, Que HY, Che F. Molecular identification of *Scirtothrips dorsalis* and related species through DNA barcoding in tea garden [J]. *Plant Quarantine*, 2014, 28 (6): 68-72. [黄丽莉, 阙海勇, 车飞. 茶园茶黄蓟马及其近似种的DNA条形码鉴定 [J]. 植物检疫, 2014, 28 (6): 68-72]
- Jiang N, Xia ZY, Xie YF, *et al.* Population genetic diversity of *Frankliniella occidentalis* in Yuannan based on mtDNA *CO I* gene [J]. *Acta Tabacaria Sinica*, 2023, 29 (4): 66-75. [姜宁, 夏振远, 谢永辉, 等. 基于线粒体CO I基因的云南西花蓟马种群遗传多样性研究 [J]. 中国烟草学报, 2023, 29 (4): 66-75]
- Karimi J, Hassani-kakhki M, Awal MM. Identifying thrips (Insecta: Thysanoptera) using DNA barcodes [J]. *Journal of Cell and Molecular Research*, 2010, 2 (1): 35-41.
- Kimihiko K, Kaoru H, Mitsuro K. Transmission Mode, Host range and electron microscopy of a pathogen causing a new disease of melon (*Cucumis melo*) in Japan [J]. *Japanese Journal of Phytopathology*, 1999, 65 (6): 624-627.
- Li XY, Jiang AB, Cao CX, *et al.* Identification of thrips on tea in Hefeng, Enshi by DNA barcoding [J]. *China Plant Protection*, 2020, 40 (8): 19-23, 29. [李晓宇, 江爱兵, 曹春霞, 等. 利用DNA条形码技术鉴定恩施州鹤峰县茶叶上的蓟马 [J]. 中国植保导刊, 2020, 40 (8): 19-23, 29]
- Marullo R, Mercati F, Vono G. DNA barcoding: A reliable method for the identification of thrips species (Thysanoptera: Thripidae) collected on sticky traps in onion fields [J]. *Insects*, 2020 11 (8): 489.
- Muchero W, Ehlers JD, Roberts PA. QTL analysis for resistance to foliar damage caused by *Thrips tabaci* and *Frankliniella schultzei* (Thysanoptera: Thripidae) feeding in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] [J]. *Molecular Breeding*, 2010, 25 (1): 47-56.
- Nagdev P, Beerendra JG, Ganguli RN. First report of a new invasive thrips, *Thrips parvispinus* (Karny) (Thysanoptera: Thripidae) in cowpea (*Vigna unguiculata*) at Raipur, Chhattisgarh [J]. *The Pharma Innovation Journal*, 2022, 11 (7): 4560-4562.
- Oladejo SA, Boukar O, Fatokun AC, *et al.* Genetic analysis of thrips resistance in cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.) [J]. *Euphytica*, 2017, 213 (9): 213-216.
- Pang YJ. Mechanized high-yield and high-efficiency cultivation technology of cowpea in Hepu County, Guangxi [J]. *Journal of Changjiang Vegetables*, 2023, 15: 7-9. [潘云娟. 广西合浦县豇豆机械化高产高效栽培技术 [J]. 长江蔬菜, 2023, 15: 7-9]
- Qiao WN, Wang FH, Zhang AB, *et al.* Application of DNA barcoding technology for species identification of common thrips (Insecta: Thysanoptera) in China [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2012, 55 (3): 344-356. [乔玮娜, 万方浩, 张爱兵, 等. DNA条形码技术在田间常见蓟马种类识别中的应用 [J]. 昆虫学报, 2012, 55 (3): 344-356]
- Qu CJ, Liu S, Jiang XJ, *et al.* Species composition and population dynamics of thrips (Thysanoptera: Thripidae) in different peanut-growing regions of China [J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2025, 47 (1): 176-185. [曲春娟, 刘燊, 姜晓静, 等. 我国不同地区花生蓟马的物种组成及种群动态 [J]. 中国油料作物学报, 2025, 47 (1): 176-185]
- Reynaud P, Balmes V, Pizzol J. *Thrips hawaiiensis* (Morgan, 1913) (Thysanoptera: Thripidae), an Asian pest thrips now established in Europe [J]. *EPPO Bulletin*, 2008, 38 (1): 155-160.
- Scheffer SJ, Lewis ML, Joshi RC. DNA barcoding applied to invasive leafminers (Diptera: Agromyzidae) in the philippines [J]. *Annals of the Entomological Society of America*, 2006, 99 (2): 204-210.
- Tang LD, Liang YP, Han Y, *et al.* Investigation of damage caused by cowpea thrips in Hainan Province and research on blue plate monitoring technology [J]. *China Plant Protection*, 2015, 35 (3): 53-57, 93. [唐良德, 梁延坡, 韩云, 等.]

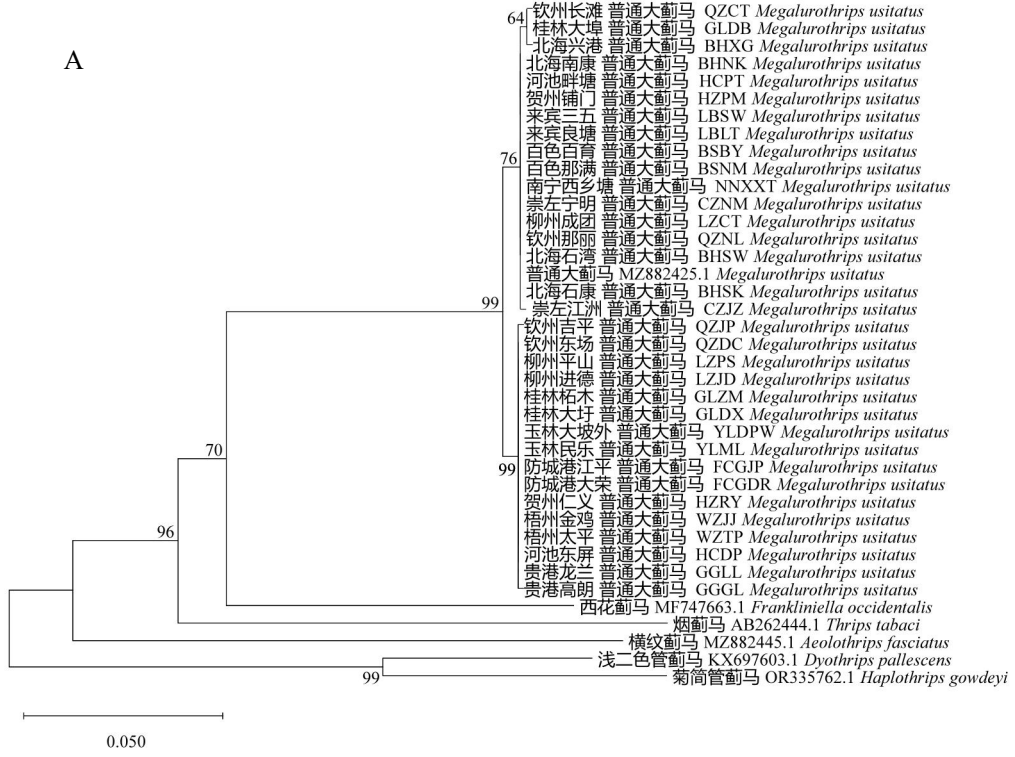
- 海南豇豆蓟马发生为害调查及蓝板监测技术研究 [J]. 中国植保导刊, 2015, 35 (3): 53-57, 93]
- Tomitaka Y. Studies on the interaction between tomato spotted wilt tospovirus and thrips [J]. *Journal of General Plant Pathology*, 2019, 85 (6): 465-467.
- Viteri D, Cabrera I, Estévez de Jensen C. Identification and abundance of thrips species on soybean in Puerto Rico [J]. *International Journal of Tropical Insect Science*, 2010, 30 (1): 57-60.
- Wang FP, Yang ZZ, Wang F, et al. Based on mitochondrial CO I gene analysis of genetic differentiation among geographic populations of *Thrips palmi* Karny in Tianjin [J]. *Tianjin Agricultural Sciences*, 2022, 28 (S1): 70-75. [王富平, 杨泽众, 王芳, 等. 基于线粒体CO I基因的天津地区棕榈蓟马种群遗传分化分析 [J]. 天津农业科学, 2022, 28 (S1): 70-75]
- Wang HO, Lei ZR, Li X, et al. An important invasive pest, *Frankliniella occidentalis*, inspected in Tibet [J]. *Plant Protection*, 2013, 39 (1): 181-183. [王海鸿, 雷仲仁, 李雪, 等. 西藏发现重要外来入侵害虫——西花蓟马 [J]. 植物保护, 2013, 39 (1): 181-183]
- Wei SJ, Ma JD, Shi BC, et al. External morphology and molecular identification of the newly found invasive pest *Echnothrips americanus* Morgan (Thysanoptera: Thripidae) China [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2010, 53 (6): 715-720. [魏书军, 马吉德, 石宝才, 等. 我国新入侵外来害虫美洲棘蓟马的外部形态和分子鉴定 [J]. 昆虫学报, 2010, 53 (6): 715-720]
- Wu SY, Xie W, Liu WC, et al. Research progress on thrips in Chinese cowpea and integrated control measures [J]. *Plant Protection*, 2024, 50 (2): 10-18. [吴圣勇, 谢文, 刘万才, 等. 我国豇豆蓟马研究进展及综合防控措施 [J]. 植物保护, 2024, 50 (2): 10-18]
- Xie YL, Zhang HE, Li ZY. Analysis of genetic differentiation among geographic populations of *Helionothrips mube* (Thysanoptera: Thripidae) in southwestern China based on mitochondrial CO I gene [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2019, 62 (3): 370-380. [谢艳兰, 张宏瑞, 李正跃. 基于线粒体CO I基因的中国西南地区木蓟马地理种群的遗传分化分析 [J]. 昆虫学报, 2019, 62 (3): 370-380]
- Yang HM, Ye ZL, Huang HX, et al. Offspring sex ratio response to odors from conspecific adults in *Megalurothrips usitatus* (Bagrall) (Thysanoptera: Thripidae) [J]. *Journal of Tropical Biology*, 2022, 13 (6): 628-633. [杨鹤鸣, 叶子龙, 黄慧秀, 等. 普通大蓟马子代性比对比同种成虫气味的响应 [J]. 热带生物学报, 2022, 13 (6): 628-633]
- Yang MZ, Chen GZ, Yang XW, et al. Recommendation of early spring high-efficiency cultivation techniques and superior varieties for integrated water and fertilizer management of cowpea in Beihai, Guangxi [J]. *Journal of Changjiang Vegetables*, 2021, 17: 13-15. [杨明彰, 陈冠州, 杨晓文, 等. 广西北海市豇豆水肥一体化早春高效栽培技术及优势品种推荐 [J]. 长江蔬菜, 2021, 17: 13-15]
- Ye JQ, Li DY, Ye WB, et al. New dynamics and prevention and control of thrips on cowpea in Guizhou Province [J]. *Journal of Changjiang Vegetables*, 2023, 13: 52-55. [叶佳琴, 李定银, 岳文波, 等. 贵州省豇豆上蓟马发生新动态及防控 [J]. 长江豇豆, 2023, 13: 52-55]
- Zhang GF, Qiao WN, Gu JL, et al. Genetic variability of mtDNA CO I and population structure of *Frankliniella occidentalis* (Pergande) in China [J]. *Journal of Biosafety*, 2014, 23 (3): 196-209. [张桂芬, 乔玮娜, 古君伶, 等. 我国西花蓟马线粒体DNA-CO I基因变异及群体遗传结构分析 [J]. 生物安全学报, 2014, 23 (3): 196-209]
- Zhang R, Wang YS, Yang LM, et al. One-step duplex rapid identification technique of *Frankliniella occidentalis* greenhouse and lupin races based on species-specific CO I marker [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2019, 52 (16): 2809-2823. [张蓉, 王玉生, 杨丽梅, 等. 基于种特异性CO I标记的西花蓟马温室品系和羽扇豆品系一步双重快速鉴定技术 [J]. 中国农业科学, 2019, 52 (16): 2809-2823]
- Zhang SM, Yang MX. A preliminary study on sex ratios of insects [J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxie*, 1986, S3: 8-13. [章士美, 杨明旭. 昆虫性比的初步研究 [J]. 江西农业大学学报, 1986, S3: 8-13]
- Zhao MF, Huang Q, Wu YX, et al. Research progress on *Maize chlorotic mottle virus* and its transmission vectors [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2014, 16 (5): 78-82. [赵明富, 黄菁, 吴毅歆, 等. 玉米褪绿斑驳病毒及传播介体研究进展 [J]. 中国农业科技导报, 2014, 16 (5): 78-82]

附表 1 豇豆蓟马 34 个不同地理种群样本信息

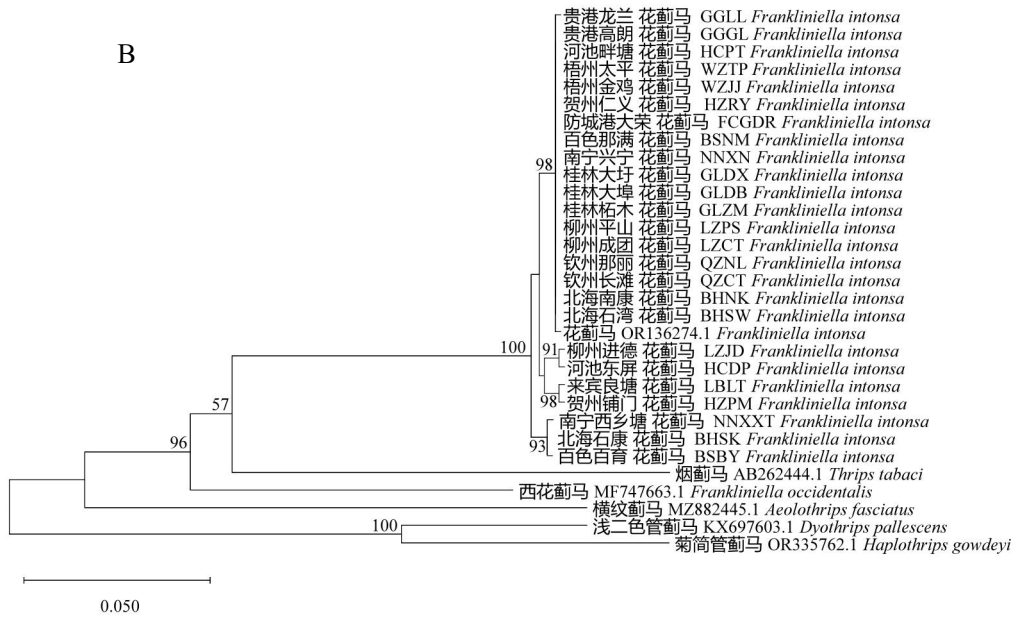
Annexed table 1 Sample information of 34 different geographical populations of cowpea thrips

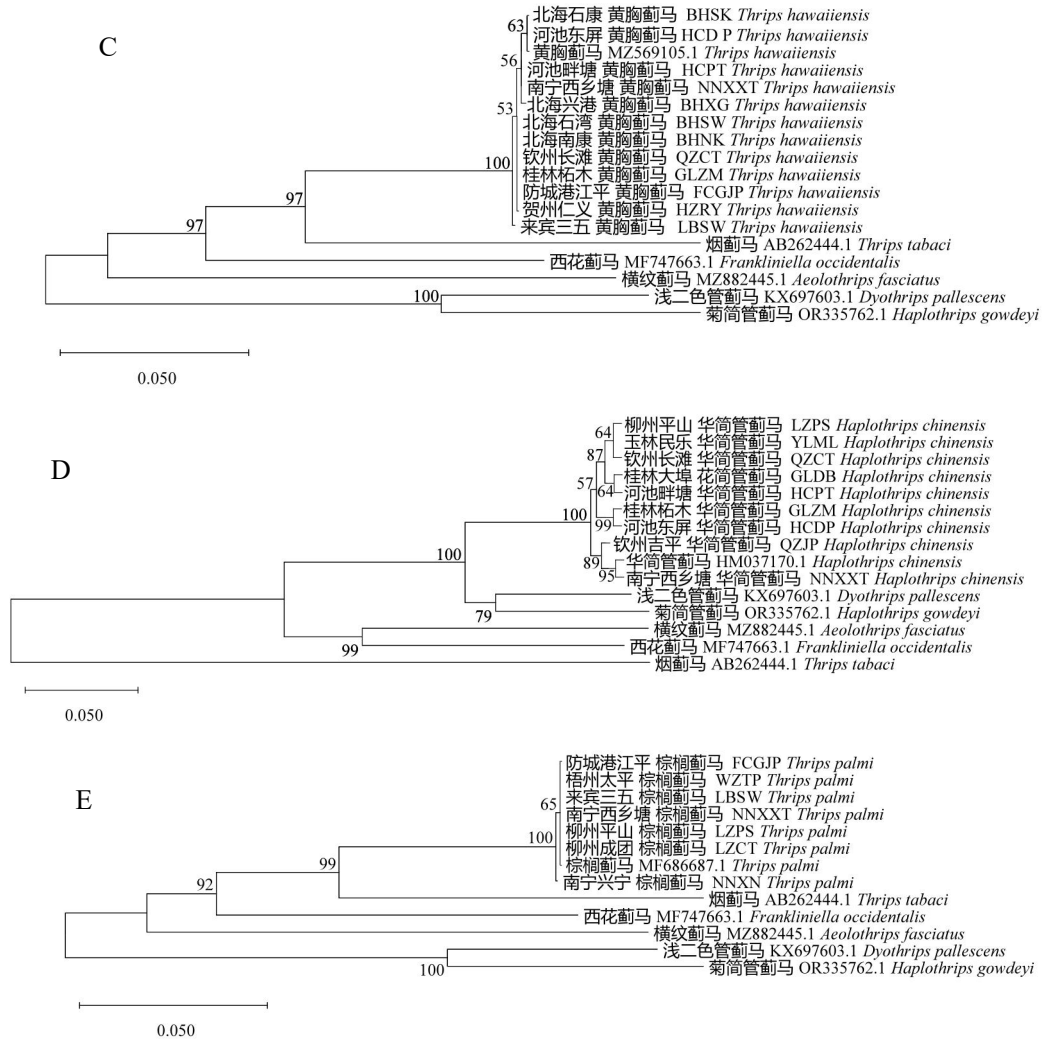
种群代码	采集地点	经纬度	采集时间	样本数量 (头)
Population code	Collecting locality	Latitude and longitude	Collecting date	Number of specimens (Heads)
BHSW	北海石湾镇	21°45'35" N,109°13'48" E	2023-04-16	1 389
BHSK	北海石康镇	21°46'15" N,109°20'12" E	2023-04-16	1 402
BHNC	北海南康镇	21°39'47" N,109°23'40" E	2023-04-16	1 478
BHXG	北海兴港镇	21°36'69" N,109°30'51" E	2023-04-16	1 589
QZJP	钦州吉平镇	22°12'49" N,108°46'22" E	2023-05-30	911
QZCT	钦州长滩镇	22°17'20" N,108°36'41" E	2023-05-30	1 949
QZNL	钦州那丽镇	21°51'57" N,108°53'43" E	2023-05-30	730
QZDC	钦州东场镇	21°50'21" N,108°46'42" E	2023-05-30	176
LZCT	柳州成团镇	24°14'47" N,109°15'73" E	2023-05-31	123
LZPS	柳州平山镇	24°40'11" N,109°35'87" E	2023-06-21	689
LZJD	柳州进德镇	24°10'91" N,109°17'33" E	2023-06-21	1 427
GLZM	桂林柘木镇	25°8'38" N,110°20'68" E	2023-06-08	242
GLDB	桂林大埠乡	25°5'10" N,110°19'36" E	2023-06-08	669
GLDX	桂林大圩镇	25°11'12" N,110°27'36" E	2023-06-09	575
CZNM	崇左宁明县	22°4'39" N,107°2'45" E	2023-08-11	306
CZJZ	崇左江洲区	22°38'48" N,107°40'42" E	2023-08-17	319
NNXT	南宁西乡塘区	22°59'49" N,108°5'39" E	2024-05-26	700
NNXN	南宁兴宁区	22°55'42" N,108°32'45" E	2024-04-07	48
BSNM	百色那满镇	23°37'58" N,106°59'26" E	2024-04-09	536
BSBY	百色百育镇	23°41'00" N,106°59'16" E	2024-04-19	114
YLDPW	玉林大坡外镇	22°35'17" N,110°27'34" E	2024-05-04	369
YLML	玉林民乐镇	22°32'52" N,110°22'14" E	2024-07-09	152
LBLT	来宾良塘镇	23°50'35" N,109°4'42" E	2024-05-07	26
LBSW	来宾三五镇	23°32'49" N,109°13'38" E	2024-05-30	30
FCGJP	防城港江平镇	21°35'35" N,108°8'11" E	2024-05-25	209
FCGDR	防城港大荣镇	21°53'7" N,108°7'35" E	2024-05-28	259
HZPM	贺州铺门镇	23°52'30" N,111°45'36" E	2024-05-30	220
HZRY	贺州仁义镇	23°58'19" N,111°41'31" E	2024-05-30	164
WZJJ	梧州金鸡镇	23°17'58" N,110°50'39" E	2024-05-28	708
WZTP	梧州太平镇	23°38'42" N,110°40'53" E	2024-05-29	119
HCPT	河池畔塘村	24°27'34" N,108°37'46" E	2024-06-12	451
HCDP	河池东屏村	24°28'25" N,108°40'26" E	2024-06-12	153
GGLL	贵港龙兰村	22°58'36" N,109°38'13" E	2024-06-25	21
GGGL	贵港高朗村	23°4'25" N,109°41'45" E	2024-06-25	47

A



B





附图 1 豇豆蓟马不同种群间进化关系

Attached figure 1 Evolutionary relationships among different populations of cowpea thrips

注: A, 普通大蓟马 *Megalurothrips usitatus*; B, 花蓟马 *Frankliniella intonsa*; C, 黄胸蓟马 *Thrips hawaiiensis*; D, 华筒管蓟马 *Haplothrips chinensis*; E, 棕桐蓟马 *Thrips palmi*。图片中的数值为自展值。Note: The values in the picture were bootstrap values.