环境昆虫学报　2025，47（5）：1594-1604
Journal of Environmental Entomology
http://hjkcxb.alljournals.net
doi：10.3969/j.issn.1674－0858.2025.05.24

杨丽元，RIESKE-KINNEY Lynne K，邓煜，张琪，杜振勇，孙守慧．基于*mt-COI*的美国白蛾不同地理种群的遗传分化［J］. 环境昆虫学报，2025，47（5）：1594－1604．YANG Li-Yuan, RIESKE-KINNEY Lynne K, DENG Yu, ZHANG Qi, DU Zhen-Yong, SUN Shou-Hui. Genetic differentiation among different geographic populations of *Hyphantria cunea* based on *mt-COI*［J］. *Journal of Environmental Entomology*，2025，47（5）：1594-1604.

基于*mt-COI*的美国白蛾不同地理种群的遗传分化

杨丽元[1]，RIESKE-KINNEY Lynne K[2]，邓　煜[3]，张　琪[4]，杜振勇[5]，孙守慧[1*]
（1. 沈阳农业大学林学院，沈阳 110866；2. 美国肯塔基大学昆虫学系，列克星敦 40546；3. 辽宁省林业和草原局，沈阳 110804；4. 沈阳农业大学植物保护学院，沈阳 110866；5. 中国农业大学植物保护学院，北京 100193）

摘要：为探究美国白蛾*Hyphantria cunea*（Drury）地理种群系统发育关系以及黑头型和红头型的分化，本文对采自我国河北、河南、辽宁、山东、天津9个样点以及美国佐治亚州、伊利诺伊州、印第安纳州、堪萨斯州、肯塔基州、密歇根州、密苏里州、北卡罗来纳州、俄亥俄州、田纳西州、弗吉尼亚州17个样点的美国白蛾幼虫样本进行线粒体*mt-COI*基因扩增、测序和分析。结合GenBank下载的24条*mt-COI*序列，利用邻接法（Neighbor-joining，NJ）和最大似然法（Maximum likelihood，ML）重建美国白蛾系统发育关系，利用DnsSP6进行单倍型分析。结果表明：美国白蛾48条*mt-COI*序列聚成两个分支，代表了两种不同的幼虫头型，黑头型*mt-COI*基因序列进一步分成两支，第一个分支由中国、加拿大东海岸、美国中东部和东北部、日本茨城的地理种群聚成；第二个分支由美国南部和西部、日本名古屋的地理种群聚成。红头型和黑头型幼虫呈现出明显的种群分化。在黑头型美国白蛾中，中国和日本茨城的地理种群与加拿大东海岸和美国东北部的种群更接近，日本名古屋的地理种群与美国西部和南部的种群更接近，且日本种群较中国种群呈现出更明显的分化。

关键词：美国白蛾；地理种群；遗传分化；系统发育；*mt-COI*
中图分类号：Q968.1；Q963　　**文献标识码：**A　　**文章编号：**1674-0858（2025）05-1594-11

Genetic differentiation among different geographic populations of *Hyphantria cunea* based on *mt-COI*

YANG Li-Yuan[1], RIESKE-KINNEY Lynne K[2], DENG Yu[3], ZHANG Qi[4], DU Zhen-Yong[5], SUN Shou-Hui[1*]
(1. College of Forestry, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China; 2. Department of Entomology, University of Kentucky, Lexington, KY 40546, USA; 3. Liaoning Forestry and Grassland Administration, Shenyang 110804, China; 4. College of Plant Protection, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China; 5. College of Plant Protection, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

Abstract: To explore the phylogenetic relationships among geographical populations of *Hyphantria cunea* (Drury), and the divergence between black- and red-headed types, this study amplified, sequenced, and analyzed the complete mitochondrial *mt-COI* gene of larvae samples collected from nine localities in China (Hebei, Henan, Liaoning, Shandong Prov. and Tianjin) and 17 localities in the United States (Georgia, Illinois, Indiana, Kansas, Kentucky, Michigan, Missouri, North Carolina, Ohio, Tennessee and Virginia).

基金项目：国家重点研发计划项目（2021YFD1400300，2018YFC12004020）；美国肯塔基州农业试验站 McIntire-Stennis 基金（2351197000）
作者简介：杨丽元，女，博士，讲师，研究方向为森林害虫生物防治，E-mail：yangliyuan87@syau.edu.cn
*通讯作者 Author for correspondence：孙守慧，男，博士，教授，研究方向为森林害虫生物防治，E-mail：shh1@syau.edu.cn
收稿日期 Received：2024-03-27；修回日期 Revision received：2024-05-22；接受日期 Accepted：2024-05-23

Combined with the 24 *mt-COI* sequences downloaded from GenBank, the phylogenetic relationships of *H. cunea* were reconstructed by using neighbor-joining (NJ) and maximum likelihood (ML) methods, and the haplotype was analyzed using DnsSP6. The results showed that the 48 *mt-COI* sequences clustered into two branches, representing two distinct larval head-color types. The black-headed type furtherdivided into two sub-branches: the first one is composed of the geographical species of China, the eastern coast of Canada, the mid-eastern and northeastern United States and Ibaraki (Japan); the second one consists of geographic colonies of the southern and western United States and Nagoya (Japan). The red- and black-headed morphs have significant population differentiation. Among balck-headed webworms, populations of China and Ibaraki (Japan) were genetically closer to those from eastern coast of Canada and the northeastern United States. Populations of Nagoya (Japan) were closer to the western and southern United States. Additionall, Japanese populations exhibited greater genetic differentiation than those in China.

Key words: *Hyphantria cunea* (Drury); geographic population; genetic differentiation; phylogenetic analysis; *mt-COI*

美国白蛾*Hyphantria cunea*（Drury）属于鳞翅目Lepidoptera夜蛾科Erebidae，又名秋幕毛虫、秋幕蛾、网幕毛虫，原产于北美，是一种多食性食叶害虫（韩辉林，2019）。北美东部的美国白蛾在成虫和幼虫阶段均表现出体色差异，不同体色的个体间有相同的生殖系统，且可以正常交配并产生可育后代（Morris，1963；Loewy，2013）。美国白蛾的幼虫可以分为黑头型和红头型，黑头型的头壳和体背毛瘤呈黑色，欧、亚及北美洲大部分发生区都只有黑头型，红头型的头壳和体背毛瘤多为橘红色，一直在北美东南部占主体地位（Nordin and Canna，1985；Vidal *et al.*，2019）。黑头型被偶然引入欧洲和亚洲并成功定殖，红头型尚未在北美以外的地区发现。然而，最近有报道称，红头型的发生范围其实更广（Yang *et al.*，2017a）。

黑头型和红头型美国白蛾很容易杂交并产生可育后代，但在寄主偏好、气候条件、个体行为和网幕结构等方面存在差异（Oliver，1964；Hattori and Ito，1973；Loewy，2013；孙守慧等，2017；Vidal *et al.*，2019），在入侵地呈现出极端多食性、持久危害性和极强入侵性（陶萌萌等，2023），需要在其本土及入侵地的果园、景观和城市树木中重点治理。

作为一种分子遗传标记，昆虫线粒体细胞色素C氧化酶亚基1 *mt-COI*基因因具有母系遗传、进化速度快以及相对保守的基因组组织结构等特点，被广泛应用于昆虫系统学研究中（Cameron，2014）。为确定昆虫类群的种内和种间关系，以及地理种群分化提供了可靠的判定依据。Gomi等（2004）调查了采集自日本、韩国和北美的两种类型的美国白蛾，并基于*mt-COI*基因证明了不同的单倍型。Yang等（2017）也基于*mt-COI*基因测序结果证实了黑头型与红头型之间的遗传差异。本研究通过对采集自中国和美国不同地理位置的美国白蛾进行*mt-COI*基因扩增、测序和分析，对美国白蛾进行种群分化研究，以期为美国白蛾在我国的入侵轨迹提供参考。

1 材料与方法

1.1 样本采集与鉴定

供试昆虫于2014-2016年，采集自中国的9个地点和美国的17个地点（表1）。从寄主植物的网幕中采集到的美国白蛾2~3龄幼虫，直接浸于95%的乙醇溶液中，采集结束后更换一次无水乙醇，并进行初步的归类与编号，置于-80℃超低温冰箱中储存备用（Hattori and Ito，1973）。测序分析之前，对所有的标本进行比较形态学分析，评估其头壳颜色和体背毛瘤等形态特征（孙守慧等，2017）。本研究选取了涵盖不同头型和地理分布的50个样本进行测序，排除完全重复的序列后获得的26条序列用于后续分析。

表1 美国白蛾幼虫采集信息

Table 1 Collection information of *Hyphantria cunea* larval

	采集地点 Sampling localities	头型 Head type	经纬度 Latitude and longitude	GenBank 登录号 GenBank accession no.
中国 China	河北秦皇岛 Qinhuangdao, Hebei	黑头型 Black-headed	39°57′21″N, 119°35′01″E	OM920576
	河北石家庄 Shijiazhuang, Hebei	黑头型 Black-headed	38°15′36″N, 114°11′42″E	OM920581
	河北武邑 Wuyi, Hebei	黑头型 Black-headed	37°44′45″N, 115°53′20″E	OM920574
	河南内黄 Neihuang, Henan	黑头型 Black-headed	37°51′59″N, 118°51′28″E	OM920577
	辽宁丹东 Dandong, Liaoning	黑头型 Black-headed	40°06′12″N, 124°20′17″E	OM920573
	辽宁沈阳 Shenyang, Liaoning	黑头型 Black-headed	36°47′08″N, 123°33′45″E	OM920575
	山东东营 Dongying, Shandong	黑头型 Black-headed	37°50′08″N, 118°35′39″E	OM920579
	山东寿光 Shouguang, Shandong	黑头型 Black-headed	37°51′59″N, 118°51′28″E	OM920578
	天津塘沽 Tanggu, Tianjin	黑头型 Black-headed	39°05′59″N, 117°40′23″E	OM920580
美国 America	佐治亚州 Georgia	红头型 Red-headed	33°40′36″N, 84°23′59″W	OM920592
	伊利诺伊州 Illinois	黑头型 Black-headed	38°32′06″N, 89°45′02″W	OM920586
	印第安纳州 Indiana	红头型 Red-headed	41°00′38″N, 87°16′40″W	OM920587
	印第安纳州 Indiana	黑头型 Black-headed	38°11′46″N, 87°54′60″W	OM920591
	堪萨斯州 Kansas	红头型 Red-headed	39°03′54″N, 96°27′27″W	OM920583
	肯塔基州 Kentucky	红头型 Red-headed	38°01′30″N 85°15′35″W	OM920582
	肯塔基州 Kentucky	黑头型 Black-headed	38°00′44″N, 84°31′10″W	OM920588
	密歇根州 Michigan	黑头型 Black-headed	42°12′01″N, 86°03′31″W	OM925490
	密苏里州 Missouri	黑头型 Black-headed	38°59′34″N, 93°35′07″W	OM920584
	密苏里州 Missouri	红头型 Red-headed	38°55′43″N, 92°47′12″W	OM920585
	北卡罗来纳州 North Carolina	红头型 Red-headed	35°51′43″N, 78°42′50″W	OM920596
	北卡罗来纳州 North Carolina	黑头型 Black-headed	35°18′03″N, 80°44′15″W	OM925491
	俄亥俄州 Ohio	黑头型 Black-headed	40°03′48″N, 84°11′19″W	OM920590
	田纳西州 Tennessee	红头型 Red-headed	35°12′25″N, 84°51′23″W	OM920589
	田纳西州 Tennessee	黑头型 Black-headed	36°04′29″N, 86°45′32″W	OM920593
	弗吉尼亚州 Virginia	红头型 Red-headed	36°50′56″N, 80°52′04″W	OM920594
	弗吉尼亚州 Virginia	黑头型 Black-headed	36°42′47″N, 82°02′10″W	OM920595

1.2 *mt-COI*基因的扩增、检测与测序

使用北京全式金生物技术有限公司试剂盒（pEASY@-T5 Zero Cloning Kit）提取美国白蛾幼虫总DNA。采用通用引物LCO1490（5′-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3′）和HCO2198（5′-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3′）对*mt-COI*基因片段进行扩增（Folmer *et al.*，1994；Hebert *et al.*，2003；Liao *et al.*，2010）。PCR扩增反应体系（25 μL）：2×Taq MasterMix 25 μL，上下游引物（10 μmol/L）各0.5 μL，目的基因组DNA（模板）2 μL，无菌双蒸水9.5 μL。PCR扩增反应程序：94℃预变性3 min；94℃变性30 s，60℃退火30 s，72°C延伸30 s，30次循环扩；72℃延伸7 min。反应结束后，将样品于12℃保存。扩增产物经

NanoDrop 2000分光光度计和1.5%琼脂糖凝胶电泳进行总DNA的质量和浓度检测，检测合格的样品进行高通量测序。测序获得的样本序列已上传至NCBI的GenBank数据库。

1.3 数据分析

对测序获得的26条和GenBank下载的24条*mt-COI*基因序列进行分析。使用Clustal W 2.0进行多重序列比对，并在BioEdit中手动编辑。利用MEGA 7.0.26去除首尾的引物序列，并手动调整明显错误的位点。

1.3.1 序列组成及饱和性分析

利用MEGA 7.0.26计算DNA序列的碱基（A、G、C、T）组成、变异位点及简约信息位点等。利用MEGA 7.0.26和EXCEL对转换（Ts）和颠换（Tv）值及遗传距离作图，对不同数据集进行饱和性分析，并依据jModel 2.1.4计算结果选取进化模型。

1.3.2 系统发育

选取灯蛾科Arctiidae、豹灯蛾*Arctia caja*和目夜蛾科黄领花灯蛾*Cisseps fulvicollis*作为外群，与本研究测序获得的26条美国白蛾*mt-COI*基因序列一起分析。选取K2P进化模型，进行1 000次重复采样，通过MEGA 7.0.26构建NJ树和ML树（Posada，2008），进行系统发育分析。

1.3.3 遗传分化

对测序获得的26条和GenBank下载的22条美国白蛾*mt-COI*基因序列进行分析，不设置外群，多重序列比对后统一保留509 bp的基因长度，选取K2P进化模型，进行1 000次重复采样，使用MEGA 7.0.26构建NJ树和ML树，进行遗传分化分析。

1.3.4 单倍型

利用DnsSP6计算不同地理种群美国白蛾的遗传多样性指数，使用Network构建单倍型中介网络关系图并进行可视化单倍型分析。

2 结果与分析

2.1 序列组成特征

对26条美国白蛾*mt-COI*基因序列自测数据和GenBank下载的2个作为外群的*mt-COI*基因序列组成进行统计分析。*mt-COI*基因片段长732 bp，保守位点206个，占总位点数的28.14%；变异位点526个，占总位点数的71.86%；简约信息位点473个，占总位点数的64.62%。*mt-COI*基因序列中碱基A、T/U、C和G的组成总平均含量分别为33.2%、36.1%、15.5%和15.2%，A+T的平均含量为69.3%，G+C的平均含量为30.7%。

对美国白蛾26条自测序列和22条GenBank下载的*mt-COI*基因序列（共计48条）的组成进行统计分析。*mt-COI*基因片段长682 bp，保守位点328个，占总位点数的48.09%；变异位点354个，占总位点数的51.91%；简约信息为点有334个，占总位点数的48.97%。*mt-COI*基因序列中，碱基A、T/U、C和G的组成总平均含量分别为32.3%、37.1%、15.6%和15.0%，A+T的平均含量为69.4%，G+C的平均含量为30.6%。以上结果表明，线粒体的COI基因具有明显的A/T偏向性。

2.2 系统发育

基于美国白蛾26条自测基因序列和2条GenBank下载外群序列，运用MEGA 7.0.26构建NJ树（图1）和ML树（图2）。美国白蛾26条*mt-COI*基因序列聚成两个分支，且具有较高的自举值，代表了两种不同的头型。黑头型的分支进一步分成了两支，一支由中国的地理种群和美国中部（密苏里州、肯塔基州和俄亥俄州）的地理种群组成，另一支由美国的地理种群组成，表明中国的地理种群和美国中部的种群之间有着密切的亲缘关系。红头型的分支只包括从美国东南部和中西部收集的种群。

基于美国白蛾26条自测基因序列和22条GenBank下载基因序列，运用MEGA 7.0.26构建NJ树（图3）和ML树（图4）。美国白蛾的48个地理种群聚成两个分支，且具有较高的自举值，代表了两种不同的头型。黑头型的分支进一步分成了两支，一支由中国、加拿大东部（安大略省）和东南部（爱德华王子岛省、新斯科舍省和新不伦瑞克省）、美国中东部（密苏里州、密西西比州、肯塔基州和俄亥俄州）和东北部（康涅狄格州、特拉华州、马里兰州）、日本茨城的地理种群组成；另一支由美国中东部（伊利诺伊州、密歇根州、田纳西州、印第安纳州、弗吉尼亚州、宾夕法尼亚州）、南部（北卡罗来纳州、佛罗里达州）、西部（华盛顿州、加利福尼亚州、亚利桑那州、新墨西哥州、俄克拉何马州、德克萨斯州）、日本名古屋的地理种群组成。这表明中国的地理种群和加拿大东海岸、美国东北部的地理种群之间有密切的亲缘关系。红头型的分支只包括从美国东南部和中西部收集的种群。

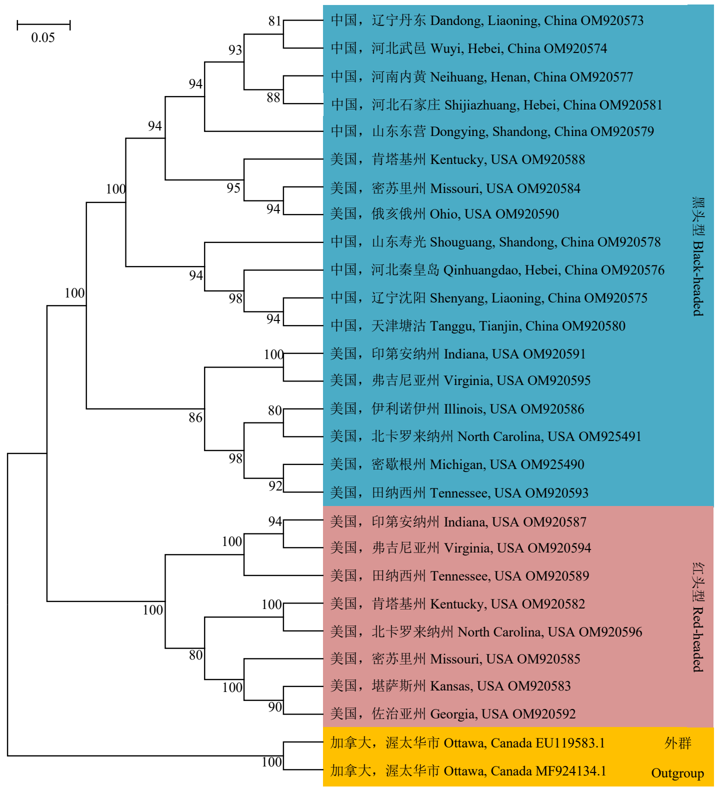

图1 邻接法构建的基于美国白蛾和2条外群 *mt-COI* 序列的系统发育树

Fig. 1 Phylogenetic tree of *Hyphantria cunea* and two outgroups based on *mt-COI* sequences using Neighbor-joining (NJ) method

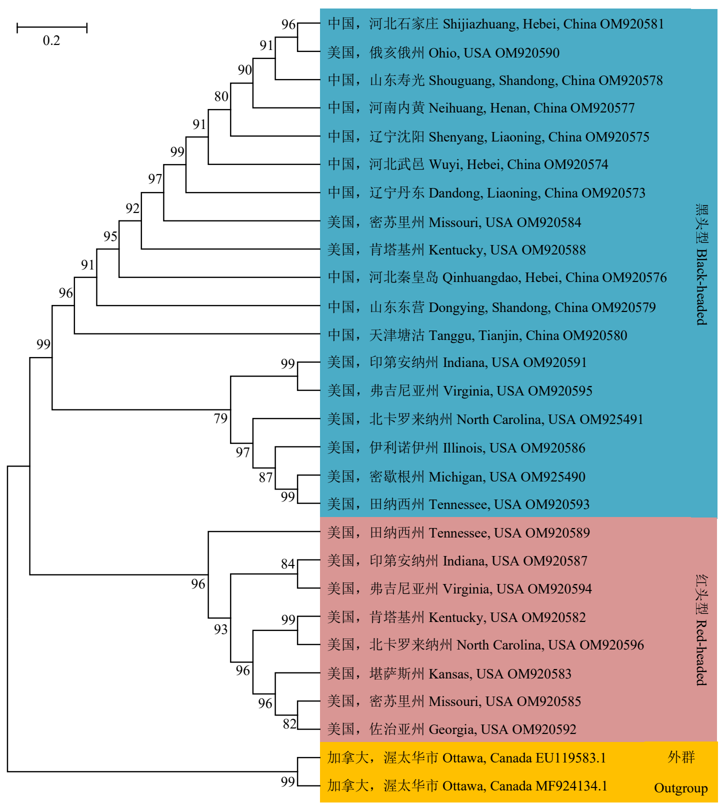

图2 最大似然法构建的基于美国白蛾和2条外群 *mt-COI* 序列的系统发育树

Fig. 2 Phylogenetic tree of *Hyphantria cunea* and two outgroups based on *mt-COI* sequences using Maximum Likelihood (ML) method

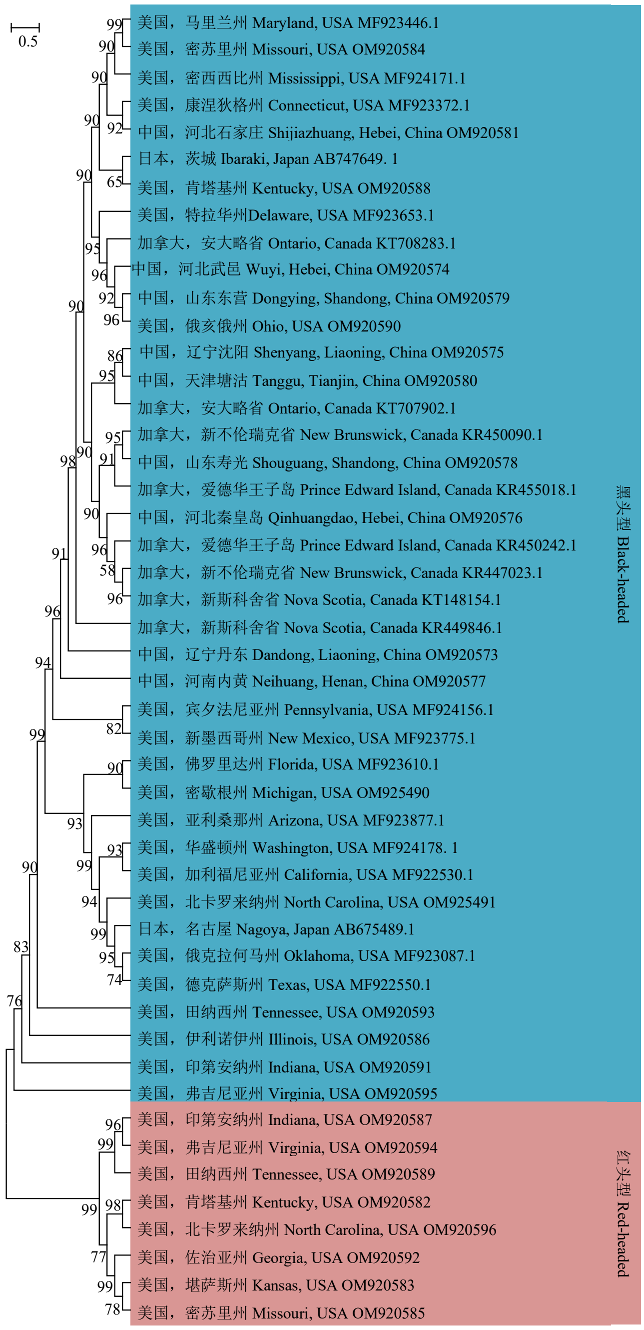

图3 邻接法构建的基于美国白蛾*mt-COI*序列的系统发育树

Fig. 3 Phylogenetic tree of *Hyphantria cunea* based on *mt-COI* sequences using Neighbor-joining (NJ) method

2.3 单倍型

对本研究测定的26条和GenBank下载的22条美国白蛾*mt-COI*基因序列进行单倍型分析，一共鉴定出24个单倍型，其中单倍型Hap_7出现的频率最高，在17个地理种群中都有出现；Hap_4次之，存在于5个地理种群中（表2）。中国（辽宁沈阳、河北秦皇岛、河北石家庄、河北武邑、河南内黄、辽宁丹东和山东寿光）、美国（特拉华州、康涅狄格州、俄亥俄州）和加拿大（爱德华王子岛、新不伦瑞克省、新斯科舍省、安大略省）采集的样品共享一个单倍型（Hap_7）。美国（佛罗里达州、俄克拉荷马州、德克萨斯州、田纳西州）和日本名古屋采集的样品共享一个单倍型（Hap_4）。

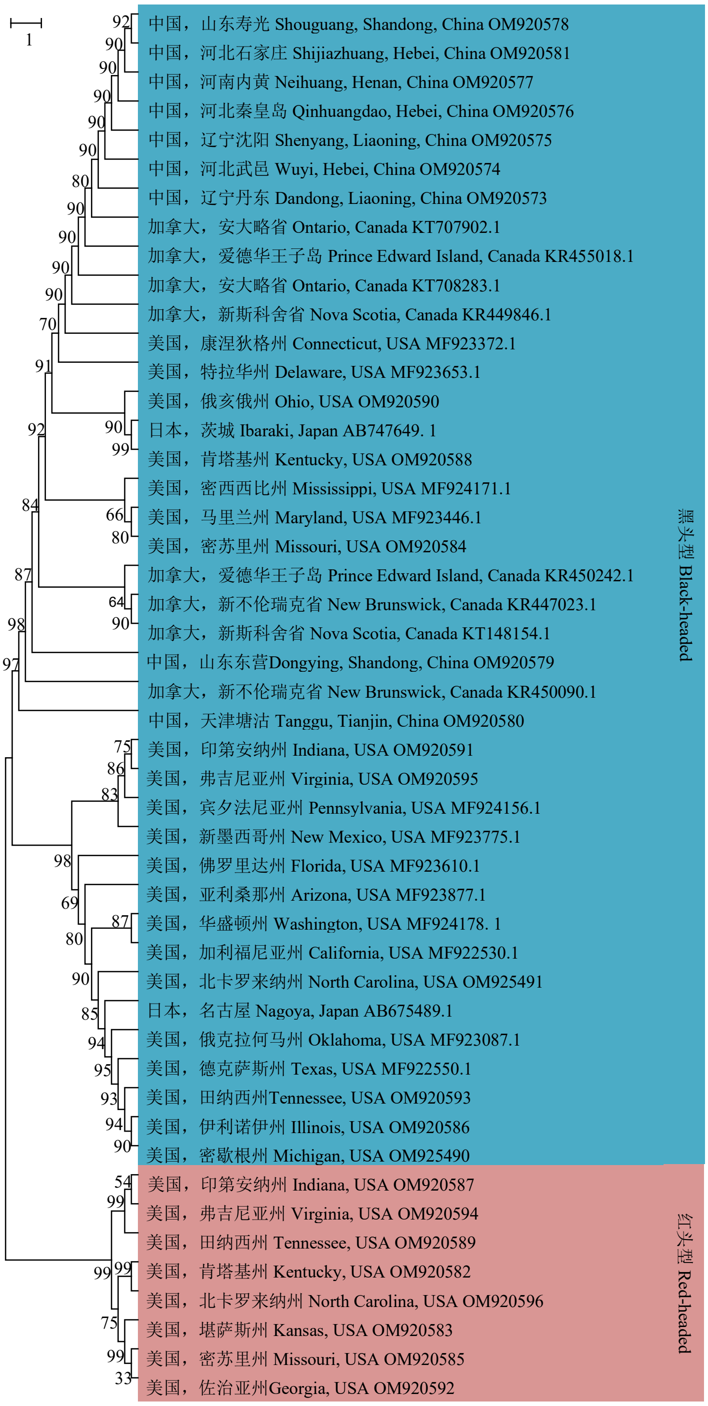

图4 最大似然法构建的基于美国白蛾*mt-COI*序列的系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree of *Hyphantria cunea based* on *mt-COI* sequences using Maximum Likelihood (ML) method

单倍型网络图（图5）总体形状呈现为星状，进一步证明美国白蛾在过去有过种群扩张。高频率单倍型周围散布着低频率单倍型，低频率单倍型与高频率单倍型之间经过一至几步突变相连在一起。Hap_6（华盛顿州、马里兰州和密苏里州）、Hap_8（新不伦瑞克省）、Hap_10（山东东营）、Hap_11（天津塘沽）和Hap_13（肯塔基州）经一步由Hap_7衍生而来，Hap_9（日本茨城）经两步由Hap_7衍生而来。Hap_12（伊利诺伊州）和Hap_15（密歇根州）经一步由Hap_4衍生而来。

表2 美国白蛾*mt-COI*基因序列的单倍型分析

Table 2 Haplotypes analysis of *Hyphantria cunea* based on *mt-COI* sequences

单倍型 Haplotype	头型 Head type	单倍型数量 Number of haplotype	采集地 Sampling location
Hap_1	黑头 Black-headed	2	美国华盛顿州和加利福尼亚州 Washington and California in America
Hap_2	黑头 Black-headed	1	美国宾夕法尼亚州 Pennsylvania in America
Hap_3	黑头 Black-headed	1	美国新墨西哥州 New Mexico in America
Hap_4	黑头 Black-headed	5	美国佛罗里达州、俄克拉荷马州、德克萨斯州和田纳西州 Florida，Oklahoma，Texas and Tennessee in America；日本名古屋 Nagoya in Japan
Hap_5	黑头 Black-headed	1	美国亚利桑那州 Arizona in America
Hap_6	黑头 Black-headed	3	美国华盛顿州、马里兰州和密苏里州 Washington，Maryland and Missouri in America
Hap_7	黑头 Black-headed	17	美国特拉华州、康涅狄格州和俄亥俄州 Delaware，Connecticut and Ohio in America;加拿大爱德华王子岛（2）、新不伦瑞克省、新斯科舍省（2）和安大略省（2）Prince Edward Island（2），New Brunswick，Nova Scotia（2） and Ontario（2） in Canada；中国辽宁沈阳、辽宁丹东、河北秦皇岛、河北石家庄、河北武邑、河南内黄和山东寿光 Shenyang Liaoning，Dandong Liaoning，Qinhuangdao Hebei，Shijiazhuang Hebei，Wuyi Hebei，Neihuang Henan，Shouguang Shandong in China
Hap_8	黑头 Black-headed	1	加拿大新不伦瑞克省 New Brunswick in Canada
Hap_9	黑头 Black-headed	1	日本茨城 Ibaraki in Japan
Hap_10	黑头 Black-headed	1	中国山东东营 Dongying Shandong in China
Hap_11	黑头 Black-headed	1	中国天津塘沽 Tanggu Tianjin in China
Hap_12	黑头 Black-headed	1	美国伊利诺伊州 Illinois in America
Hap_13	黑头 Black-headed	1	美国肯塔基州 Kentucky in America
Hap_14	黑头 Black-headed	1	美国印第安纳州 Indiana in America
Hap_15	黑头 Black-headed	1	美国密歇根州 Michigan in America
Hap_16	黑头 Black-headed	1	美国弗吉尼亚州 Virginia in America
Hap_17	黑头 Black-headed	1	美国北卡罗来纳州 North Carolina in America
Hap_18	红头 Red-headed	2	美国北卡罗来纳州和肯塔基州 North Carolina and Kentucky in America
Hap_19	红头 Red-headed	1	美国堪萨斯州 Kansas in America
Hap_20	红头 Red-headed	1	美国密苏里州 Missouri in America
Hap_21	红头 Red-headed	1	美国印第安纳州 Indiana in America
Hap_22	红头 Red-headed	1	美国田纳西州 Tennessee in America
Hap_23	红头 Red-headed	1	美国佐治亚州 Georgia in America
Hap_24	红头 Red-headed	1	美国弗吉尼亚州 Virginia in America

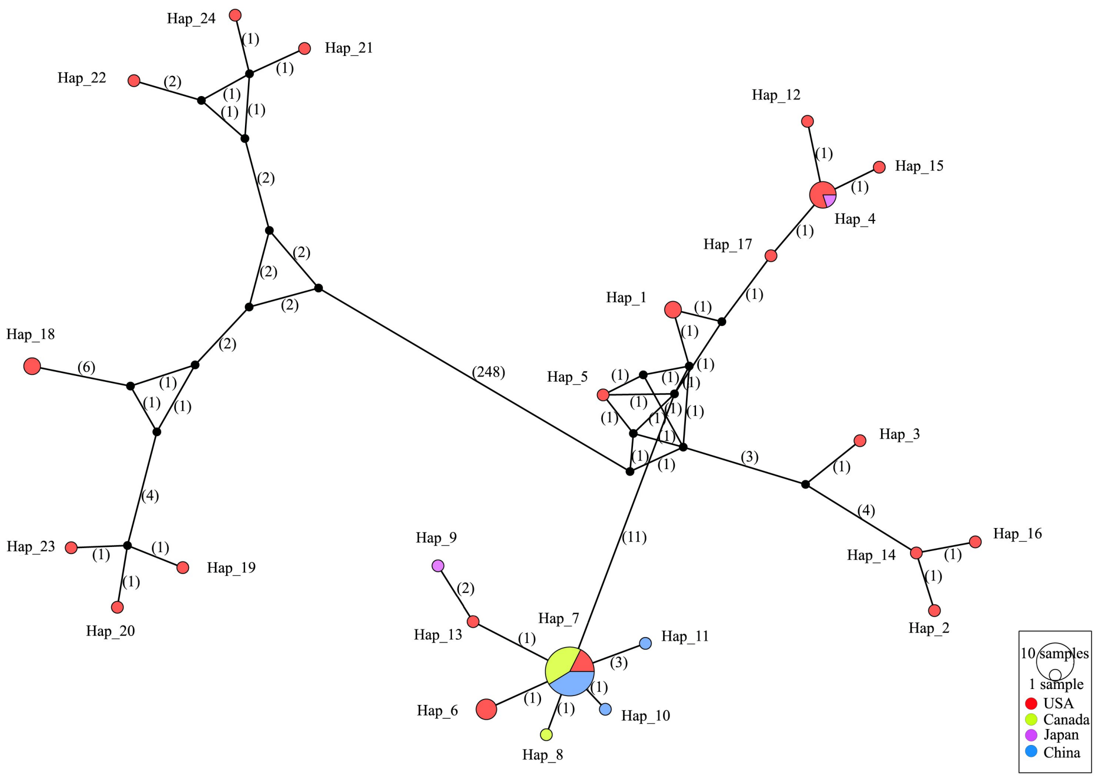

图5 美国白蛾48个地理种群*mt-COI*基因序列单倍型中介网络图

Fig. 5 Median-joining haplotype network of 48 geographical populations of Hyphantria cunea based on *mt-COI*

注：Hap_1-24，单倍型；采集信息见表1。黑色圆圈表示未观察到的缺失单倍型；每个圆形表示一种单倍型，圆面积与单倍型频率成正比；红色代表美国地理种群，黄色代表加拿大地理种群，紫色代表日本地理种群，蓝色代表中国地理种群。

Note: Hap_1-24, Haplotypes; collection information shown in Table 1. Black circles represented missing haplotypes that were not observed. Each circle indicated one haplotype, and the circle area was proportional to the halotype frequency. Red represented the USA geographical populations, yellow represented the Canada geographical populations, purple represented the Japan geographical populations, and blue represented the China geographical populations.

3 结论与讨论

美国白蛾能在复杂多样的生态环境中成功入侵定殖，从宏观上看是其在体型、化性、寄主植物、气候条件等方面表现出了明显的适应性（邱莹等，2020；卢修亮等，2021）。从遗传学角度分析，丰富的遗传多样性及快速分化能力可能是美国白蛾具有强大入侵能力和生态适应能力的根源（刘颉等，2012）。DNA条形码广泛应用于近缘种和种群的区分（Hebert *et al.*，2003），本研究基于*mt-COI*基因序列对美国白蛾进行DNA条形码分析。研究了中国和美国不同地理位置采集的美国白蛾地理种群系统发育关系，以及黑头型和红头型幼虫种群分化，以期对美国白蛾在中国的入侵历史有更加深入的了解。

黑头型和红头型幼虫聚类为两个不同的进化支，且两者之间的种群分化程度很高（图1~图4）。黑头型和红头型的美国白蛾不仅个体颜色有异，在个体发育（Schowalter and Ring，2017）、化性（Takeda，2005）、寄主偏好（Jaenike and Selander，1980）、气候条件（Nordin and Canna，1985）、个体行为（Oliver，1964）和网幕结构（Morris，1967）等方面也存在差异。调查结果（表1）显示，两种头型的幼虫在美国肯塔基州、印第安纳州、密苏里州、北卡罗来纳州、田纳西州和弗吉尼亚州等很多地区混合发生，危害程度相当；在佐治亚州和堪萨斯州红头型幼虫占优势；在伊利诺伊州、密歇根州和俄亥俄州黑头型幼虫占优势。在两种头型的幼虫共同发生区，存在高水平的遗传分化，推测有一种额外的机制例如物候差异（Nordin and Canna，1985；Takeda，2005；Yang *et al.*，2017a）和寄主植物（Vidal *et al.*，2019）允

许或推动这种分化，导致两种头型在空间上共同出现。

中国采集的美国白蛾*mt-COI*序列聚集在一起，与加拿大东部（安大略省）和东南部（爱德华王子岛省、新斯科舍省和新不伦瑞克省），美国中东部（密苏里州、密西西比州、肯塔基州和俄亥俄州）和东北部（康涅狄格州、特拉华州、马里兰州），日本茨城的亲缘关系更近，且在遗传上更接近于加拿大东海岸的种群。美国中东部（伊利诺伊州、密歇根州、田纳西州、印第安纳州、弗吉尼亚州、宾夕法尼亚州）、南部（北卡罗来纳州、佛罗里达州）和西部（华盛顿州、加利福尼亚州、亚利桑那州、新墨西哥州、俄克拉何马州、德克萨斯州）的美国白蛾地理种群与日本名古屋的亲缘关系更近（图3、图4）。符合日本名古屋、东京和新潟的种群与美国田纳西州、路易斯安那州和佛罗里达州的种群更接近（Yang *et al*., 2017a）。中国（辽宁沈阳、河北秦皇岛、河北石家庄、河北武邑、河南内黄、辽宁丹东、山东寿光）、美国（特拉华州、康涅狄格州、俄亥俄州）和加拿大（爱德华王子岛、新不伦瑞克省、新斯科舍省、安大略省）采集的17个样品共享单倍型Hap_7，美国（佛罗里达州、俄克拉荷马州、德克萨斯州、田纳西州）和日本名古屋采集的5个样品共享单倍型Hap_4，种群间联系密切。单倍型Hap_9由Hap_7经两步衍生而来，日本茨城与名古屋的种群分化明显（图5）。符合中国、日本、韩国、伊朗的美国白蛾地理种群有共同的祖先，且至少从本土发生了一次成功的传入事件（Yang *et al*., 2017b）。与美国白蛾可能受气流影响，从中朝边境一次性传入的结论相符（Lu and Sun，2017）。

本研究表明红头型和黑头型幼虫呈现出明显的种群分化。在黑头型美国白蛾中，中国和日本茨城的地理种群与加拿大东海岸和美国东北部的种群更接近，日本名古屋的地理种群与美国西部和南部的种群更接近，且日本种群较中国种群呈现出更明显的分化。

致谢：承蒙肯塔基大学昆虫系Lee Townsend教授对美国白蛾野外标本采集进行指导，Thais Rodrigues博士在DNA提取方面提供帮助，Ignazio Graziosi博士后和Shane Stiles硕士协助采集样本和鉴定寄主植物。特此感谢！

参考文献（References）

Cameron SL. Insect mitochondrial genomics: Implications for evolution and phylogeny [J]. *Annual Review of Entomology*, 2014, 59 (1): 95–117.

Folmer O, Black M, Hoeh W, *et al*. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates [J]. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 1994, 3(5): 294–299.

Gomi T, Muraji M, Takeda M. Mitochondrial DNA analysis of the introduced fall webworm, showing its shift in life cycle in Japan [J]. *Entomological Science*, 2004, 7 (2): 183–188.

Han HL. Progress of taxonomy of Erebidae (part), Euteliidae, Nolidae and Noctuidae (Lepidoptera) in the Northeast China [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2019, 41 (6): 1181–1195. [韩辉林. 中国东北目夜蛾科(部分)、尾夜蛾科、瘤蛾科和夜蛾科(鳞翅目)分类学研究进展 [J]. 环境昆虫学报, 2019, 41 (6): 1181–1195]

Hattori I, Ito Y. Status of black-headed and red-headed types of *Hyphantria cunea* Drury (Lepidoptera: Arctiidae). II. External characters of the two types and their hybrid [J]. *Applied Entomology and Zoology*, 1973, 8 (3): 172–182.

Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, *et al*. Biological identifications through DNA barcodes [J]. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, 2003, 270 (1512): 313–321.

Jaenike J, Selander RK. On the question of host races in the fall webworm, *Hyphantria cunea* [J]. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 1980, 27 (1): 31–37.

Liao F, Wang L, Wu S, *et al*. The complete mitochondrial genome of the fall webworm, *Hyphantria cunea* (Lepidoptera: Arctiidae) [J]. *International Journal of Biological Sciences*, 2010, 6 (2): 172–186.

Liu J, Li J, Chen M, *et al*. Genetic diversity of *Hyphantria cunea* populations in China by AFLP analysis [J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2012, 34 (4): 107–113. [刘颉, 李婧, 陈敏, 等. 中国美国白蛾种群遗传多样性的AFLP分析 [J]. 北京林业大学学报, 2012, 34 (4): 107–113]

Loewy KJ. Host Use and Geographic Variation in Fall Webworms (*Hyphantria cunea*) [D]. Colorado: University of Denver PhD Thesis, 2013.

Lu M, Sun JH. Biological Invasions and Its Management in China [M]. Switzerland: Springer Nature, 2017: 53–66.

Lu XL, Han FY, Wen XY, *et al*. Analysis on the occurrence situation and countermeasures of *Hyphantria cunea* [J]. *Forest Pest and Disease*, 2021, 40 (1): 44–48. [卢修亮, 韩凤英, 温玄烨, 等. 美国白蛾发生形势分析与对策建议 [J]. 中国森林病虫, 2021, 40 (1): 44–48]

Morris RF. Influence of parental food quality on the survival of *Hyphantria cunea* [J]. *Canadian Entomologist*, 1967, 99 (1): 24–33.

Morris RF. Synonymy and color variation in the fall webworm, *Hyphantria cunea* Drury (Lepidoptera: Arctiidae) [J]. *Canadian Entomologist*, 1963, 95 (11): 1217–1223.

Nordin GL, Canna DO. Developmental Threshold Temperatures and

Thermal Constants for Two Types of Fall Webworm, *Hyphantria cunea* (Drury) (Lepidoptera: Arctiidae), Occurring in Central Kentucky [J]. *Journal of the Kansas Entomological Society*, 1985, 58: 626-630.

Oliver AD. A behavioral study of two races of the fall webworm, *Hyphantria cunea* (Lepidoptera: Arctiidae), in Louisiana [J]. *Annals of the Entomological Society of America*, 1964, 57 (2): 192-194.

Posada D. jModelTest: Phylogenetic model averaging [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2008, 25 (7): 1253-1256.

Qiu Y, Wang W, Zhao LQ. Geographic variation in body size and fecundity of the fall webworm, *Hyphantria cunea* when spreading from north to south in China [J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2020, 40 (11): 65-72. [邱莹, 王玮, 赵吕权. 美国白蛾在我国由北向南扩散过程中体型与繁殖能力的地理变异 [J]. 中南林业科技大学学报, 2020, 40 (11): 65-72]

Schowalter TD, Ring DR. Biology and Management of the fall webworm, *Hyphantria cunea* (Lepidoptera: Erebidae) [J]. *Journal of Integrated Pest Management*, 2017, 8 (1): 1-6.

Sun SH, Sun LL, Deng Y, *et al*. Observation of black- and red-headed races of *Hyphantria cunea* in the eastern US, with implications to populations in China [J]. *Forest Pest and Disease*, 2017, 36 (5): 13-18. [孙守慧, 孙丽丽, 邓煜, 等. 美国白蛾两种色型的研究及其对我国美国白蛾防控的启示 [J]. 中国森林病虫, 2017, 36 (5): 13-18]

Takeda M. Differentiation in life cycle of sympatric populations of two forms of *Hyphantria* moth in central Missouri [J]. *Entomological Science*, 2005, 8 (2): 211-218.

Tao MM, Ma QH, Meng ZJ, *et al*. Progress in the sustainable control of *Hyphantria cunea* [J]. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 2023, 60 (1): 13-22. [陶萌萌, 马庆辉, 孟昭军, 等. 美国白蛾绿色防控研究进展 [J]. 应用昆虫学报, 2023, 60 (1): 13-22]

Vidal MC, Quinn TW, Stireman JO, *et al*. Geography is more important than host plant use for the population genetic structure of a generalist insect herbivore [J]. *Molecular Ecology*, 2019, 28 (18): 4317-4334.

Yang F, Kawabata E, Tufaill M, *et al*. r/K-like trade-off and voltinism discreteness: The implication to allochronic speciation in the fall webworm, *Hyphantria cunea* complex (Arctiidae) [J]. *Ecology and Evolution*, 2017, 7 (24): 10592-10603.

Yang F, Sendi JJ, Johns RC, *et al*. Haplotype diversity of mtCOI in the fall webworm *Hyphantria cunea* (Lepidoptera: Arctiidae) in introduced regions in China, Iran, Japan, Korea, and its homeland, the United States [J]. *Applied Entomology and Zoology*, 2017, 52 (3): 401-406.