环境昆虫学报 2025，47（5）：1605-1612
Journal of Environmental Entomology
http://hjkcxb.alljournals.net
doi:10.3969/j.issn.1674-0858.2025.05.25

黄爱军，马家钰，周俊，易龙. 基于线粒体*COI*基因的江西省柑橘木虱种群遗传结构分析[J]. 环境昆虫学报，2025，47（5）：1605-1612.
HUANG Ai-Jun, MA Jia-Yu, ZHOU Jun, YI Long. Analysis of population genetic structure of *Diaphorina citri* in Jiangxi Province based on mitochondrial *COI* gene [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2025, 47(5): 1605-1612.

基于线粒体*COI*基因的江西省柑橘木虱种群遗传结构分析

黄爱军[1,2]，马家钰[1]，周 俊[1,2]，易 龙[1,2*]
（1. 赣南师范大学生命科学学院，江西赣州 341000；2. 国家脐橙工程技术研究中心，江西赣州 341000）

摘要：柑橘木虱*Diaphorina citri* Kuwayama是柑橘新梢期的重要害虫，也是柑橘黄龙病田间传播的最主要媒介昆虫，严重威胁着柑橘产业的健康发展。掌握害虫的种群遗传结构，对于制定有效的防控策略具有重要的参考价值。本研究以柑橘木虱的线粒体*COI*基因为分子标记，开展江西省柑橘木虱的种群遗传结构和多样性研究。在16个种群316头柑橘木虱供试样本*COI*基因序列中，共检测到8种单倍型（Hap_1~ Hap_8），其中Hap_1占总群体的92.7%，是所有种群中的优势单倍型，单倍型网络图呈现典型的星型结构，且Hap_1处于中心位置，推测Hap_1为所有供试群体的祖先单倍型。总群体单倍型多样性指数（*Hd*）为0.139，核苷酸多样性指数（*Pi*）为0.00022，表现出较低的遗传多样性。XYYS种群与多数种群间分化指数（Fst）大于0.15，呈现出相对较高的分化程度，而其他种群间分化程度低。中性检验及碱基错配分布分析结果表明，江西省柑橘木虱种群经历过快速的种群扩张。本研究结果为系统了解江西省柑橘木虱种群遗传结构提供了基础数据。

关键词：柑橘木虱；柑橘黄龙病；COI基因；种群遗传结构
中图分类号：Q968.1； Q963 **文献标识码：**A **文章编号：**1674-0858（2025）05-1605-08

Analysis of population genetic structure of *Diaphorina citri* in Jiangxi Province based on mitochondrial *COI* gene

HUANG Ai-Jun[1,2], MA Jia-Yu[1], ZHOU Jun[1,2], YI Long[1,2*] (1. College of Life Science, Gannan Normal University, Ganzhou 341000, Jiangxi Province, China; 2. National Navel Orange Engineering Research Center, Ganzhou 341000, Jiangxi Province, China)

Abstract: *Diaphorina citri* Kuwayama, a major pest during the citrus shoot stage, is the primary vector of the bacterial that causes Citrus huanglongbing in the field, posing a serious threat to the healthy development of the citrus industry. Elucidation of the population genetic structure of this insect is therefore indispensable for the devising of targeted and effective management strategies. In this study, the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) gene was employed as a molecular marker to analyse the population genetic structure and diversity of *D. citri* across Jiangxi Province, China. Eight haplotypes (designated as Hap_1 ~ Hap_8) were identified in all the *COI* gene sequences of 316 *D. citri* individual samples from 16 distinct populations. Hap_1 was the dominant haplotype in all populations, accounting for 92.7% of the total samples. The observed pattern of the haplotype network manifested as a typical star-shaped structure, with Hap_1 occupying the central position, thereby suggesting its ancestral maternal status for the surveyed populations. The overall haplotype diversity index (*Hd*) was 0.139 and nucleotide

基金项目：江西省科技项目（20225BCJ22005）；国家自然科学基金（32160625）；国家重点研发计划（2021YFD1400805）
作者简介：黄爱军，男，博士，副教授，主要从事植物保护相关研究，E-mail：huangaijun@gnnu.edu.cn
*通讯作者 Author for correspondence：易龙，男，博士，教授，主要从事植物保护相关研究，E-mail：yilong@gnnu.edu.cn
收稿日期Received：2024-09-05；修回日期Revision received：2025-04-22；接受日期Accepted：2025-04-23

diversity index (*Pi*) was 0.00022, suggesting a low level of genetic diversity within the entire population. The differentiation index (Fst) of XYYS population between others was found to be greater than 0.15, indicating a high level of differentiation level, while a low level of differentiation among the other populations was found. The neutrality test and mismatch distribution analyses indicate that *D. citri* populations in Jiangxi Province have undergone a recent rapid dynamic expansion. The results of the study provide fundamental data for a systematic understanding of the population genetic structure of *D. citri* in Jiangxi Province.

Key words: *Diaphorina citri* Kuwayama; Citrus huanglongbing; *COI* gene; population genetic structure

柑橘木虱 *Diaphorina citri* Kuwayama 属半翅目 Hemiptera 扁木虱科 Liviidae，是最重要的柑橘害虫之一。其成虫和若虫可取食柑橘嫩叶、嫩梢引起新叶畸形、嫩梢干枯萎缩。该害虫更重要的危害是传播柑橘毁灭性病害柑橘黄龙病，是我国绝大多数产区最主要的田间传播媒介昆虫，严重威胁着柑橘产业的健康发展。柑橘木虱最早于1907年在我国台湾首次报道发生（Kuwayama，1908），后逐渐扩散广东、广西、福建等13个省、自治区或特别行政区（江宏燕，2018）。江西省于1978年报道发生（姚文生，1978），随后不断向北扩散蔓延，对该地区的柑橘产业造成了巨大损失（王晓亮，2016）。

遗传结构是指等位基因或基因型在时间或空间上的非随机分布，是物种遗传多样性的重要体现。遗传多样性丰富、结构复杂的昆虫种群对生存环境具有更强的适应性，同时也更易演化出抗药性（Xin *et al.*，2014）。掌握害虫的种群结构对于制定有效防控措施具有重要意义。线粒体基因组 DNA（mtDNA）是真核细胞的第二遗传信息，承受的选择压力小，突变易稳定，且在群体间及群体内的变异几率高，常被作为分子标记，用于种群遗传结构和多样性研究，其中细胞色素C氧化酶COⅠ、COⅡ亚基更是因其丰富的变异，在种下阶元系统发育和遗传结构中应用广泛（杨倩倩等，2012）。*COI*基因已被用于不同种群柑橘木虱遗传多样性研究（Boykin *et al.*，2012；Lashkari *et al.*，2014；Luo *et al.*，2018）。针对国内不同柑橘木虱种群研究结果显示，中国柑橘木虱具有丰富的基因型多态性，且可能具有多个传入路径（Wang *et al.*，2017；Zhang *et al.*，2019）。基于 *COI* 基因针对江西省柑橘木虱种群结构的研究发现该地区3种单倍型呈现单一直线型的网络结构，且可能经历了快速的种群动态扩张（罗育发等，2019）。但是该研究所用样品均来自于赣南，并未覆盖江西省其他柑橘产区木虱样品。

本研究以线粒体 *COI* 基因作为分子标记，收集江西省不同柑橘产区柑橘木虱样品，拟对该产区柑橘木虱种群的遗传结构和遗传多样性进行分析，旨在探讨该产区不同地理种群间的遗传变异情况，分化程度，种群历史动态，所得结果将为江西省柑橘木虱的有效防控提供重要参考依据。

1 材料与方法

1.1 样本收集、测序和序列分析

2021–2022年在江西省不同柑橘产区共收集8个地理种群240头亚洲柑橘木虱成虫样品。采集的成虫放入75%乙醇中于4℃冰箱中保存，用于基因组DNA的抽提。同时从GenBank数据库中下载已有的江西省柑橘木虱线粒体基因序列也用于分析。最终获得16个地理种群共计316头柑橘木虱序列信息。具体样本收集地点、数量、GenBank序列号信息见表1。

1.2 DNA提取、PCR扩增、测序

采用试剂盒DNeasy Blood & Tissue Kit（QIAGEN）提取单个柑橘木虱样本的总基因组DNA，具体提取过程按照试剂盒说明书步骤进行操作。以引物对COI–F（5′–AGGAGGTGGAGACCCAATCT–3′）和COI–R（5′–TCAATTGGGGGAGAGTTTTG–3′）（Boykin *et al.*，2012）扩增柑橘木虱线粒体 *CO*Ⅰ基因片段序列。引物由南京金斯瑞生物科技有限公司合成。PCR反应总体系为20 μL：其中Premix Taq（TaKaRa）反应液10 μL，10 μM的上游和下游引物各1.0 μL，50 ng/μLDNA模板1.0 μL，ddH_2O 7.0 μL。PCR反应程序：94℃预变性3 min；94℃变性30 S，56℃退火30 S，72℃延伸1 min，35个循环；72℃延伸10 min。所有PCR产物通过1.3%琼脂糖凝胶进行电泳检测后，送江苏金唯智生物科技有限公司纯化、双向测序。

表1 柑橘木虱种群信息及样本数量

Table 1 Detailed information and sample sizes of the collected *Diaphorina citri* populations

采样地点 Sampling location	种群代码 Population code	经纬度 Longitude and latitude	样品数量（头） Sample number	采样地点 Sampling location	种群代码 Population code	经纬度 Longitude and latitude	样品数量（头） Sample number
宜春市宜丰县 Yifeng County, Yichun City	YCYF	28.59°N，114.98°E	30	赣州市宁都县 Ningdu County, Ganzhou City	GZND	26.25°N，116.14°E	30
新余市渝水区 Yushui County, Xinyu City	XYYS	27.87°N，114.91°E	30	赣州市瑞金县* Ruijin County, Ganzhou City	GZRJ	25.89°N，116.02°E 25.79°N，115.97°E	10
新余市分宜县 Fenyi County, Xinyu City	XYFY	27.86°N，116.25°E	30	赣州市南康区* Nankang County, Ganzhou City	GZNK	25.83°N，114.70°E	5
抚州市临川区 Linchuan County, Fuzhou City	FZLC	27.83°N，114.59°E	30	赣州市崇义县* Chongyi County, Ganzhou City	GZCY	25.61°N，114.29°E 25.55°N，114.28°E	6
抚州市南丰县 Nanfeng County, Fuzhou City	FZNF	27.22°N，116.49°E 27.22°N，116.52°E*	35	赣州市大余县* Dayu County, Ganzhou City	GZDY	25.40°N，114.36°E 25.44°N，114.45°E	13
吉安市泰和县 Taihe Count, Ji′an City	JATH	26.81°N，114.94°E	30	赣州市信丰县* Xinfeng County, Ganzhou City	GZXF	25.39°N，114.92°E	7
吉安市万安县* Wanan County, Ji′an City	JAWA	26.46°N，114.78°E	8	赣州市安远县 Anyuan County, Ganzhou City	GZAY	25.19°N，115.35°E 25.14°N，115.39°E*	35
赣州市兴国县* Xingguo County, Ganzhou City	GZXG	26.27°N，115.34°E	6	赣州市寻乌县* Xunwu County, Ganzhou City	GZXW	24.97°N，115.64°E 24.96°N，115.66°E	11

注：*标记种群为从GenBank中下载序列。Note: * indicated sequences downloaded from GenBank.

1.3 DNA种群的遗传多样性分析

通过Chromas软件读取测序数据，并将正方向序列拼接后在NCBI网站进行BLAST比对后，确认为亚洲柑橘木虱*COI*基因后再用于后续的比对分析。为方便与之前已存在于GenBank数据库中的数据进行比较分析，将测序所得序列统一截取其中706 bp长度序列用于后续分析。利用软件MEGA 7.0（Kumar，2018）中的Clustal W算法进行序列比对。应用DnaSP ver.5.10（Librado and Rozas，2010）软件计算种群变异位点、单倍型数、单倍型多样性（*Hd*）、核苷酸多样性指数（*Pi*）等信息。应用Arlequin v3.5（Excoffier and Lischer，2010）软件计算种群间遗传分化程度参数Fst，种群间基因流Nm，并进行种群变异分析（AMOVA），并进行中性分析检验。应用Network 4.6（Leigh and Bryant，2015）软件用于构建单倍型的网络中介图，采用Median-joining模型，用于实现单倍型系统发育关系的重建和祖先单倍型的推断。

1.4 DNA种群历史动态分析

通过两种方法分析种群的历史动态。（1）应用DnaSP ver. 5.10软件对各个种群进行中性检验，主要包括：Tajima′s D（Tajima，1989），Fu and Li′s D和Fu and Li′s F（Fu，1997）检验。（2）应用软件Arlequin v3.中的错配分析检验柑橘木虱种群在江西是否经历过近期的扩张事件。错配分布是以可视化方式体现群体历史动态的方法。一般来说，动态平衡的种群错配分布呈现多个峰形，而经历过近期扩张的种群错配分布分析呈现单个峰形（Slatkin and Hudson，1991；Rogers and Harpending，1992）。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性与遗传结构

所采集240头样本均可扩增到*COI*基因片段，加上GenBank中下载的序列，共316条序列用于后续分析（序列信息见表2）。共存在7个多态性位点，其中4个为简约信息位点，3个为单一变异位点。在序列中没有发现碱基的插入或缺失现象。所有供试种群中共发现8种单倍型，即Hap_1 ~ Hap_8，其中Hap_1为所有种群共享单倍型，出现频率最高，在各个种群中占据绝对优势，占总样本的92.7%；Hap_3为第二高频率单倍型，分别在XYFY、FZLC、GZXG、GZCY、GZDY这5个供试种群中检测到，占总样本的2.8%；剩余6种单倍型仅在单个种群中检测到。

供试16个柑橘木虱种群的总种群单倍型多样性指数（*Hd*）为0.139，核苷酸多样性指数（*Pi*）为0.00022。16个种群内单倍型数在1 ~ 3，*Hd*值范围在0 ~ 0.4，*Pi*值范围在0 ~ 0.00057（表2）。总群体和各个群体的*Hd* <0.5且*Pi*<0.05，表明群体遗传多样性低，同时也表明群体内最近发生了瓶颈效应（Bottleneck effect）或奠基者效应（Founder effect）。

表2 柑橘木虱各种群*COI*基因单倍型组成，单倍型多样性及核苷酸多样性分析

Table 2 Haplotype composition, haplotype diversity (*Hd*) and nucleotide diveristy (*Pi*) of the *COI* gene in each *Diaphorina citri* population

种群 Population	种群内单倍型 Haplotype	基因型多态性 *Hd*	核苷酸多态性 *Pi*	GenBank序列号 Accession number
YCYF	Hap_1(30)	0	0	OP906166 – OP906195
XYYS	Hap_1(23),Hap_4(7)	0.370 ± 0.084	0.00052 ± 0.00012	OP905956 – OP905985
XYFY	Hap_1(27),Hap_3(3)	0.186 ± 0.084	0.00026 ± 0.00012	OP905986 – OP906015
FZLC	Hap_1(30)	0	0	OP905686 – OP905715
FZNF	Hap_1(30),Hap_3(3),Hap_8(2)	0.262 ± 0.093	0.00051 ± 0.0002	OP905896 – OP905925 MH970606 – MH970610
JATH	Hap_1(28),Hap_5(1),Hap_6(1)	0.131 ± 0.082	0.00019 ± 0.00012	OP905836 – OP905865
JAWA	Hap_1(8)	0	0	MH970621 – MH970628
GZXG	Hap_1(5),Hap_3(1)	0.333 ± 0.215	0.00047 ± 0.0003	MK804806 – MK804809 MK804842 – MK804843
GZND	Hap_1(30)	0	0	OP905926 – OP905955
GZRJ	Hap_1(10)	0	0	MH970616 – MH970620 MK804797 – MK804799 MK804837 – MK804838
GZNK	Hap_1(4),Hap_2(1)	0.400 ± 0.237	0.00057 ± 0.00034	MH970611 – MH970615
GZCY	Hap_1(5),Hap_3(1)	0.333 ± 0.215	0.00047 ± 0.0003	MK804810 – MK804814 MK804844
GZDY	Hap_1(12),Hap_3(1)	0.154 ± 0.126	0.00022 ± 0.00018	MH970591 – MH970595 MK804821 – MK804828

续表2 Continued table 2

种群 Population	种群内单倍型 Haplotype	基因型多态性 *Hd*	核苷酸多态性 *Pi*	GenBank序列号 Accession number
GZXF	Hap_1(7)	0	0	MH970629 – MH970635
GZAY	Hap_1(33),Hap_7(2)	0.111 ± 0.070	0.00016 ± 0.0001	OP905866 – OP9058995 MH970586 – MH970590
GZXW	Hap_1(11)	0	0	MH970636 – MH970640 MK804815 – MK804820
总计Total	Hap_1 ~ Hap_8	0.139 ± 0.025	0.00022 ± 0.00004	

注：表中单倍型后括号内的数字表示对应单倍型木虱个体数量。Note: Numbers in parentheses after the haplotypes in the table indicated the number of individuals of the corresponding haplotype of Asian citrus psyllid.

2.2 柑橘木虱*COI*基因单倍型分析

江西省亚洲柑橘木虱的单倍型网络图为典型的星型结构（图1）。Hap_1均衡的分布在所有的采集种群，其他7种单倍型均是Hap_1经过1次或多次突变形成。祖先单倍型通常分布范围较广，同时位于网络图中心的特征，因此推测Hap_1为本研究所有单倍型的祖先单倍型。其他7种单倍型群体数量均较低，均位于网络结构终端，推测可能是在进化过程中近期突变形成的。

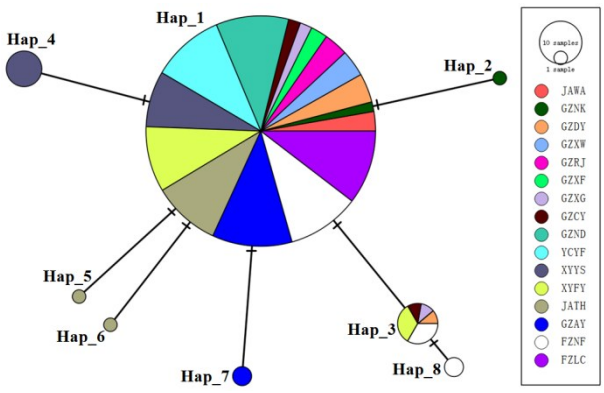

图1 江西亚洲柑橘木虱的单倍型网络结构图

Fig. 1 Haplotype network structure of Asian citrus psyllid in Jiangxi Province

2.3 柑橘木虱种群间遗传分化与基因流分析

供试16个亚洲柑橘木虱种群分化程度通过计算种群间分化指数Fst估测。若种群间因为不存在多态性位点，则不能计算Fst值。可计算种群间Fst值范围在0~0.207之间（表3），大部分种群间分化指数小于0.05，表现出较低的分化程度。值得注意的是XYYS种群与11个种群的分化指数高于0.15，且差异显著，说明该种群与省内其他种群分化程度较高。基因流*Nm*值计算结果显示，除XYYS与个别种群间*Nm*值小于1，其他种群间*Nm*值均大于1，说明种群间基因交流频繁（表3）。

AMOVA结果显示遗传变异种群间方差组分为0.0066，所占方差比率为8.45%；种群内方差组分为0.07149，所占方差比率为91.55%，二者水平显著，表明江西省亚洲柑橘木虱种群的遗传分化主要来自种群内部个体间的变异，其次才是来自于种群间的分化（表4）。

2.4 江西省亚洲柑橘木虱种群历史动态分析

中性检测结果显示，江西省亚洲柑橘木虱总种群的Tajima′s D，Fu and Li′s F和Fu and Li′s D检测结果均为负值但不显著，说明供试种群在进化上未偏离中性模型，即遵循中性模型。错配分布曲线分析中，可期望值和观察值两条曲线拟合程度较好，SSD（Sum of square deviations）和HR（Harpending′s raggedness index）两个参数统计检验不显著，表示种群近期经历过快速扩张过程（图2）。

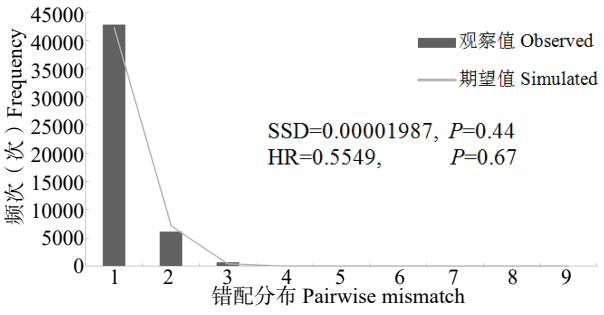

图2 基于*COI*序列江西省柑橘木虱总种群错配分布分析

Fig. 2 Mismatch distribution analysis of Asian citri psyllid in Jiangxi Province based on *COI* gene sequence

表3 江西省柑橘木虱地理种群间遗传分化指数（Fst）（下三角）与基因流（Nm）（上三角）

Table 3 Pairwise genetic differentiation coeffecient (Fst) (Below) and gene flow (Nm) between geographic populations of Asian citri psyllid

种群 Population	YCYF	XYYS	XYFY	FZLC	FZNF	JATH	JAWA	GZXG	GZND	GZRJ	GZNK	GZCY	GZDY	GZXF	GZAY	GZXW
YCYF		0.96	3.38	–	2.45	Inf	–	Inf	–	–	Inf	Inf	Inf	–	8.25	–
XYYS	0.207**		1.26	0.96	1.37	1.30	0.96	1.82	0.96	0.96	1.99	1.82	1.36	0.96	1.20	0.96
XYFY	0.069	0.166**		3.38	21.54	5.79	3.38	2.46	3.38	3.38	10.63	2.46	5.01	3.38	4.33	3.38
FZLC	–	0.207**	0.069		2.45	Inf	–	Inf	–	–	Inf	Inf	–	–	8.25	–
FZNF	0.092	0.154**	0.012	0.092		3.36	2.45	2.99	2.45	2.45	5.16	2.99	18.51	2.45	2.94	2.45
JATH	0	0.161*	0.041	0	0.069		Inf	Inf	Inf	Inf	Inf	Inf	Inf	Inf	18.17	Inf
JAWA	–	0.207	0.069	–	0.092	0		Inf	–	–	Inf	Inf	Inf	Inf	8.25	Inf
GZXG	0	0.121*	0.113	0*	0.091	0	0		Inf	Inf	Inf	1.50	2.38	Inf	33.04	Inf
GZND	–	0.207**	0.069	–	0.092	0	–	0*		–	Inf	Inf	Inf	–	2.94	–
GZRJ	–	0.207	0.069	–	0.092	0	–	0	–		Inf	Inf	Inf	–	8.25	–
GZNK	0*	0.111*	0.023*	0*	0.046	0	0	0	0*	0		Inf	Inf	Inf	38	Inf
GZCY	0*	0.121*	0.113	0*	0.091	0	0	0.200	0*	0	0		2.38	Inf	33.04	Inf
GZDY	0	0.156	0.053	0	0.014	0	0	0.118	0	0	0	0.118		Inf	19.69	Inf
GZXF	–	0.207	0.069	–	0.092	0	0	0	–	–	0	0	0		8.25	Inf
GZAY	0.029	0.172**	0.055	0.029	0.078	0.014	0.029	0.008*	0.029	0.029	0.006*	0.008*	0.013	0.029		8.25
GZXW	–	0.207	0.069	–	0.092	0	0	0	–	–	0	0	0	0	0.029	

注：*表示差异显著（P<0.05），**表示极差异显著（P <0.01）；“–”表示两个种群间无多态性位点，无法计算Fst和Nm值；Inf，无限大。Note: * indicated significant differences (P<0.05); ** indicated highly significant differences (P<0.01); “–” indicated no polymorphic loci between the two populations and Fst and Nm values could not be calculated; Inf, infinite

表4 基于*COI*序列江西省柑橘木虱地理种群变异分子方差分析

Table 4 Analysis of molecular variance (AMOVA) in geographical population of Asian citri psyllid in Jiangxi Province based on *COI* gene sequence

变异来源 Source of variation	自由度 df	平方和 Sum of squares	方差组分 Variance components	方差比率（%） Percentage of variation
种群间 Inter-population	15	2.980	0.0066** Va	8.45
种群内 Intra-population	300	21.447	0.07149* Vb	91.55
总变异 Total variation	315	24.427	0.07809	
固定系数 Fixed indices		FST: 0.084**		

注：*表示差异显著（$P<0.05$），**表示极差异显著（$P<0.01$）。Note: * indicated significant differences ($P<0.05$); ** indicated highly significant differences ($P<0.01$).

3 结论与讨论

本研究利用线粒体*COI*基因作为分子标记，对江西省不同地理分布的柑橘木虱种群的遗传多样性、遗传结构及种群分化进行了系统的研究。在16个种群中共检测到8种基因型，各种群内单倍型数在1~3之间。Hap_1是所有种群的共享单倍型，且在所有的种群中占据绝对优势，结合单倍型网络图Hap_1处于中心位置这些结果来看，Hap_1为本研究所有基因型的祖先单倍型。同时也说明江西省柑橘木虱种群单倍型分布比较单一，可能是由单一种群繁殖而来。柑橘木虱于1978年首次在江西省报道发生（姚文生，1978），传入后较好的适应了当地气候环境，并随着近年来全球气候变暖，及江西省柑橘栽培面积逐步扩大，逐步向北扩散（张洋，2022）。

遗传分化指数*Fst*可以反映种群间的遗传分化程度，普遍认为当$Fst<0.05$时群体间分化程度很低，$0.05<Fst<0.15$时分化程度中等，$0.15<Fst<0.25$时种群间存在较高水平遗传分化，$Fst>0.25$时群体间分化程度很高（Rousset，1997）。本研究中15个种群间分化指数小于0.15，且大多数种群间*Fst*小于0.05，说明各个种群间遗传分化较小。虽然赣南、赣中气候，及种植的柑橘品种存在差异，但这些外在环境暂未促使柑橘木虱种群产生严重的遗传分化。值得注意的是XYYS种群，该种群与11个种群的*Fst*值大于0.15，且显著差异，说明该种群与省内其他种群已产生了高度分化。推测该种群变异的原因可能与果园栽培措施或当地小气候相关，如：果园长期施用大剂量的杀虫剂，或果园地区低洼，冬季冻害来临时，更容易出现极端低温天气，导致了木虱的变异。

江西是我国重要的柑橘主产区，拥有赣南脐橙、南丰蜜桔、井岗蜜柚等众多特色柑橘品牌。柑橘木虱的北扩，同时也伴随着病害继续北扩的可能，为保障柑橘产业的健康持续发展，需要有效的柑橘木虱防控策略。本研究针对江西省柑橘木虱遗传多样性和种群结构进行了研究，该结果对于制定有效柑橘木虱防控策略具有一定的参考价值。但如果要更加全面的了解该省柑橘木虱种群结构，在今后的研究中还应扩大地理种群采样范围，同时采用更多的分子标记，这样才能为制定更加合理的防控策略提供更加全面的种群分子遗传学方面的数据。

参考文献（References）

Boykin LM, de Barro P, Hall DG, *et al*. Overview of worldwide diversity of *Diaphorina citri* Kuwayama mitochondrial cytochrome oxidase I haplotypes: Two old world lineages and an new world invasion [J]. *Bulletin of Entomological Research*, 2012, 102: 573-582.

Excoffier L, Lischer HE. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under linux and windows [J]. *Molecular. Ecology Resources*, 2010, 10: 564-567.

Fu YX. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection [J]. *Genetics*, 1997, 147: 915-925.

Hall DG, Wenninger EJ, Hentz MG. Temperature studies with the Asian citrus psyllid, *Diaphorina citri*: Cold hardiness and temperature thresholds for oviposition [J]. *Journal of Insect Science*, 2011, 11 (1): 83.

Jiang HY, Wu FN, Wang YJ, *et al*. Research advences on the origin, distribution and dispersal of the Asian citrus psyllid (*Diaphorina*

citri Kuwayama) [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2018, 40 (5): 1014−1020. [江宏燕, 吴丰年, 王妍晶, 等. 亚洲柑橘木虱的起源、分布和扩散能力研究进展 [J]. 环境昆虫学报, 2018, 40 (5): 1014−1020]

Kumar S, Stecher G, Li M, *et al*. Mega X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms [J]. *Molecular Biology Evolution*, 2018, 35: 1547−1549.

Kuwayama S. Die psylliden Japans [J]. *Transaction of the Sopporo Natural History Society*, 1908, 2: 149−189.

Lashkari M, Manzari S, Sahragard A, *et al*. Global genetic variation in the Asian citrus psyllid, *Diaphorina citri* (Hemiptera: Liviidae) and the endosymbiont Wolbachia: Links between Iran and the USA detected [J]. *Pest Management Science*, 2014, 70: 1033−1040.

Leigh JW, Bryant D. PopART: Full−feature software for haplotype network construction [J]. *Methods Ecology*, *Evolution*, 2015, 6: 1110−1116.

Librado P, Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. *Bioinformatics*, 2009, 25, 1451−1452.

Luo YF, Agnarsson I. Global mtDNA genetic structure and hypothesized invasion history of a major pest of citrus, *Diaphorina citri* (Hemiptera: Liviidae) [J]. *Ecology and Evolution*, 2018, 8: 257−265.

Luo YF, Wu K, Fu D, *et al*. Population genetic structure of the Asian citrus psyllid, *Diaphorina citri* Kuwayama (Hemiptira: Liviidae) in Jiangxi [J]. *Plant Protection*, 2019, 45 (3): 55−59. [罗育发, 吴凯, 付丹, 等. 江西亚洲柑橘木虱的种群遗传结构研究 [J]. 植物保护, 2019, 45 (3): 55−59]

Rogers AR, Harpending H. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences [J]. *Molecular Biology Evoluation*, 1992, 9: 552−569.

Rousset F. Genetic differentiation and estimation of gene flow from F−statistics under isolation by distance [J]. *Genetics*, 1997, 145 (4): 1219−1228.

Slatkin M, Hudson RR. Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing population [J]. *Genetics*, 1991, 129 (2): 555−562.

Tajima F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism [J]. *Genetics*, 1989, 123: 585−595.

Wang XL, Li XN, Feng XD, *et al*. Investigation on the Asian citrus psyllid (*Diaphorina citri* Kuwayama) and huanglongbing disease in China [J]. *Plant Quarantine*. 2016, 30 (2): 44. [王晓亮, 李潇楠, 冯晓东, 等. 柑橘黄龙病与柑橘木虱在我国发生情况调查 [J]. 植物检疫, 2016, 30 (2): 44]

Wang YJ, Xu CB, Tian MY, *et al*. Genetic diversity of *Diaphorina citri* and its endosymbionts across east and southeast Asia [J]. *Pest Management Science*, 2017, 73 (10): 2090−2099.

Xin JJ, Shang QL, Desneux N, *et al*. Genetic diversity of *Sitobion avenae* (Homoptera: Aphididae) population from different geographic regions in China [J]. *PLoS ONE*, 2014, 9 (10): e109349.

Yang QQ, Li ZH, Wu Y, *et al*. Advance and application of mtDNA *COI* barcodes on insects [J]. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 2012, 49 (6): 1687−1695. [杨倩倩, 李志红, 伍祎, 等. 线粒体基因*COI*在昆虫DNA条形码中的研究与应用 [J]. 应用昆虫学报, 2012, 49 (6): 1687−1695]

Yao WS. Brief introduction of huanglongbing in Yunnan, Guizhou, Sichuan, Hunan, Jiangxi Province [J]. *Plant Proetection*, 1985, 2: 47−48. [姚文生. 云、贵、川、湘、赣柑橘黄龙病发生简况 [J]. 植物保护, 1985, 2: 47−48]

Zhang C, Xiang X, Liu X, *et al*. *Diaphorina citri* (Hemiptera: Psylloidea) in China: Two invasion routes and three transmission paths [J]. *Journal of Economic Entomology*, 2019, 112 (3): 1418−1427.

Zhang Y, Gao L, Yu XH, *et al*. Occurrence characteristics and control measures of *Diaphorina citri* Kuwayama in Jiangxi [J]. *Biological Disaster Science*, 2022, 45 (3): 311−317. [张洋, 郭莲, 余宪华, 等. 江西境内柑橘木虱的发生特点与控制对策 [J]. 生物灾害科学, 2022, 45 (3): 311−317]