

李优佳, 杨帆, 吕宝乾, 等. 入侵性食叶害虫椰子织蛾的单倍型多样性分析 [J]. 华南农业大学学报, 2020, 41(4): 76-81.
LI Youjia, YANG Fan, LÜ Baoqian, et al. Analysis of haplotype diversity of an invasive leaf-eating pest *Opisina arenosella*[J]. Journal of South China Agricultural University, 2020, 41(4): 76-81.

入侵性食叶害虫椰子织蛾的单倍型多样性分析

李优佳¹, 杨帆¹, 吕宝乾², 何荣晓¹, 蔡波³

(1 海南大学 林学院, 海南 海口 570228; 2 中国热带农业科学院 环境与植物保护研究所, 海南 海口 571101; 3 海口海关 热带植物隔离检疫中心, 海南 海口 570311)

摘要:【目的】分析危害棕榈科 *Palmae* 植物的一种重要入侵食叶害虫椰子织蛾 *Opisina arenosella* 单倍型在原产地和入侵地的分布特点, 揭示椰子织蛾入侵我国的虫源信息。【方法】利用线粒体 *COI* 基因分析 16 个地理种群共计 172 个样本, 比较椰子织蛾印度种群和入侵地 (中国、马来西亚和泰国) 种群的遗传关系。【结果】片段长度为 625 bp 的 172 条序列共鉴定出 12 个单倍型, 包含 15 个变异位点, 构成 2 个明显的单倍型分支, 其中一个分支由 11 个单倍型 (IN1~IN11) 组成, 均来自印度种群, 单倍型 IN1 是 6 个印度种群的共享单倍型, IN2~IN11 为独享单倍型; 另一个分支为单倍型 HAP, 由中国、马来西亚和泰国的种群共享; HAP 与 11 个来自印度的单倍型 IN1~IN11 均存在 4 个变异位点。【结论】入侵地区的椰子织蛾种群来自同一基因型或者具有相同的入侵源; 椰子织蛾种群入侵后受环境选择压力, 在新栖息地产生新的突变或杂交。

关键词: 椰子织蛾; 线粒体 DNA; 单倍型; 地理种群; 入侵
中图分类号: S43 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-411X(2020)04-0076-06

Analysis of haplotype diversity of an invasive leaf-eating pest *Opisina arenosella*

LI Youjia¹, YANG Fan¹, LÜ Baoqian², HE Rongxiao¹, CAI Bo³
(1 College of Forestry, Hainan University, Haikou 570228, China; 2 Environment and Plant Protection Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China;
3 Post-Entry Quarantine Station for Tropical Plant, Haikou Customs, Haikou 570311, China)

Abstract: 【Objective】*Opisina arenosella* is an important invasive leaf-eating pest that attack *Palmae* plants. The goal was to analyze the distribution characteristics of haplotypes of *O. arenosella* in native and invaded zones, and reveal the insect source information of *O. arenosella* invading China. 【Method】A total of 172 samples from 16 geographical populations were analyzed by mitochondrial *COI* gene, and the genetic relationship of *O. arenosella* from India and invading areas (China, Malaysia and Thailand) was compared. 【Result】Twelve haplotypes were identified in 172 sequences with fragment length of 625 bp. Fifteen variation sites were detected in the haplotype alignment. Two obvious haplotype branches were formed, one of which was composed of 11 haplotypes IN1-IN11 and they were all from Indian populations. Haplotype IN1 was shared by

收稿日期: 2019-10-27 网络首发时间: 2020-05-18 13:01:47
网络首发地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/44.1110.S.20200518.1112.002.html>
作者简介: 李优佳 (1995—), 女, 硕士研究生, E-mail: 1321313571@qq.com; 通信作者: 杨帆 (1988—), 女, 讲师, 博士, E-mail: fangf_yang@hainanu.edu.cn
基金项目: 海南省自然科学基金 (318QN195); 农业农村部农业国际交流与合作项目 (BARTP-08-LBQ); 海南大学科研启动基金 (KYQD(ZR)1821); 中国热带农业科学院基本业务费 (1630042017011)

six *O. arenosella* populations from India. IN2-IN11 were exclusive haplotypes and not shared with other populations. The other branch was haplotype HAP and shared by populations from China, Malaysia and Thailand. There were four variation sites between HAP and 11 haplotypes IN1-IN11 from India. 【Conclusion】 *O. arenosella* populations in these invading areas are from the same genotype type or have the same invasion source. *O. arenosella* invading populations produce new mutations or hybrids in new habitats under environmental selection pressure.

Key words: *Opisina arenosella*; mitochondrial DNA; haplotype; geographic population; invasion

全球变暖和日益频繁的国际贸易活动加速了外来物种的入侵, 且对当地生物多样性、生态系统和作物生产构成重大威胁, 造成巨大的经济损失^[1]。椰子织蛾 *Opisina arenosella* 是近年来发现危害棕榈科植物的入侵性食叶害虫, 最早于 19 世纪中期在印度和斯里兰卡被发现, 此后相继在缅甸、印度、孟加拉、印度尼西亚、泰国、马来西亚、巴基斯坦等地发生为害^[2-4]。在我国, 该虫于 2013 年 8 月首次在海南省万宁市被发现, 随后快速扩散至广东、广西和福建等地^[5-6]。椰子织蛾可危害不同年龄的棕榈科 *Palmae* 植物, 幼虫从棕榈科植物的下部老叶逐步向上取食, 向新叶扩展, 幼虫将叶肉吃光, 形成干枯状, 幼虫排出的粪便会 在叶片背面形成织丝虫道, 幼虫在里面潜行, 危害严重时使下部的叶片焦枯如火烧状, 甚至使植株整个树冠叶片干枯, 在短期内就能造成 树体死亡^[4]。此外, 椰子织蛾成虫具有较强飞翔能力, 可进行远距离扩散^[7]。

目前关于椰子织蛾的研究主要集中在化学防治^[8]、生物防治^[9-10]和生物学特性等^[11-12]方面, 有关地理种群的遗传结构以及分化方面的研究报道较少。分子标记技术已越来越多应用于入侵害虫的研究工作中, 如美国白蛾 *Hyphantria cunea*^[13]、舞毒蛾 *Lymantria dispar*^[14]、瓜实蝇 *Bactrocera cucurbitae*^[15] 和美洲斑潜蝇 *Liriomyza sativae*^[16] 等。线粒体 *COI* 基因是目前使用最广泛的分子标记之一, 常被应用于分析入侵物种的遗传变异、种群结构、系统发育和系统地理模式等, 对于揭示入侵种群的起源、种群基因交流、灾变遗传机制与分子进化等具有重要意义^[17-18]。

本研究采用 *COI* 基因片段对国内 10 个地区及国外 3 个地区的椰子织蛾种群进行单倍型检测, 并与其他地区公布的椰子织蛾序列进行比较分析, 探讨入侵中国的椰子织蛾的虫源信息, 了解扩张历史, 进一步预测该虫的入侵发展途径, 为椰子织蛾综合防治策略的提出提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试虫源

本研究的椰子织蛾来自入侵地中国海南和广东以及马来西亚、泰国和原产地印度等 16 个地区, 共采集 172 个样本, 其中序号 12~16 的种群序列从 GenBank 下载获得。将采集的新鲜样品浸泡于无水乙醇, -20 ℃ 冰箱保存, 备用。所采集的样本均有定位信息并进行了标注, 详细样本采集信息列于表 1。

1.2 DNA 提取、PCR 扩增及序列测定

基因组 DNA 的提取参考印红等^[19]、张德华等^[20]的方法。所有样品的 DNA 质量在超微量紫外分光光度计 (生产于上海尤尼柯 UV-3802S) 下测定, $D_{260\text{ nm}}/D_{280\text{ nm}}$ 比值均在 1.7~2.0, 提取的 DNA 稀释至 500 ng/μL, -20 ℃ 条件下保存, 备用。

根据 NCBI 数据库椰子织蛾线粒体 *COI* 基因序列, 设计扩增片段长度为 1 152 bp 特异性引物。引物序列分别为正向引物: 5'-TTTTTTGGAA TTTGAGCAGGA-3', 反向引物: 5'-GGGATAATCC GGTA AAAAGAGG-3'。 *COI* 基因 PCR 反应体系为 20 μL, 包括 2×*Taq* Plus Master Mix 10.0 μL、上游引物 0.8 μL、下游引物 0.8 μL、Template 1.0 μL (0.1 μg)、ddH₂O 7.4 μL。PCR 反应条件: 95 ℃ 预变性 5 min; 95 ℃ 变性 30 s, 60 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 1 min, 15 个循环 (每个循环降 1 ℃); 95 ℃ 预变性 30 s, 50 ℃ 变性 30 s, 72 ℃ 退火 60 s, 28 个循环; 72 ℃ 延伸 10 min, 最后修复延伸 10 min。委托上海美吉生物医药科技有限公司测序。

1.3 数据分析

利用 BioEdit 软件对测序获得的 *COI* 基因序列进行人工修正和序列对比^[21]。使用 TCS 1.21 构建置信度为 90% 的简约单倍型网络^[22]。基于等位基因频率的方法, 运用 Dna SP v5.10 软件对入侵地区的种群进行中性检验, 分析群体历史动态, 同时分析每个地理种群中的单倍型组成及各个单倍型在所有地理种群中的分布情况。

表 1 不同地理种群椰子织蛾样本信息

Table 1 Sample information of *Opisina arenosella* from different geographical populations

序号 Serial number	种群代码 ¹⁾ Population code	采集地点 Collecting place	采集时间 Collecting time	样本量 Sample size	经纬度 Longitude and latitude	虫态 Insect stage	寄主 Host
1	HNHK	中国海南海口 Haikou, Hainan, China	2018-08	17	110.32°E 20.07°N	幼虫 Larva、 蛹 Pupa	椰子 <i>Cocos nucifera</i> 、 糖棕 <i>Borassus flabellifer</i> 、 蒲葵 <i>Livistona chinensis</i>
2	HNWC	中国海南文昌 Wenchang, Hainan, China	2018-08	20	110.82°E 19.35°N	幼虫 Larva、 蛹 Pupa	椰子 <i>C. nucifera</i>
3	HNQH	中国海南琼海 Qionghai, Hainan, China	2018-08	23	110.44°E 19.25°N	幼虫 Larva、 蛹 Pupa	椰子 <i>C. nucifera</i> 、 大王棕 <i>Roystonea regia</i> 、 蒲葵 <i>L. chinensi</i>
4	HNWN	中国海南万宁 Wanning, Hainan, China	2018-08	14	110.24°E 18.49°N	幼虫 Larva、 蛹 Pupa	椰子 <i>C. nucifera</i>
5	HNLS	中国海南陵水 Lingshui, Hainan, China	2018-08	26	110.08°E 18.49°N	幼虫 Larva、 蛹 Pupa	椰子 <i>C. nucifera</i>
6	HNSY	中国海南三亚 Sanya, Hainan, China	2018-08	16	109.16°E 18.32°N	幼虫 Larva、 蛹 Pupa	椰子 <i>C. nucifera</i> 、 蒲葵 <i>L. chinensis</i>
7	HNDZ	中国海南儋州 Danzhou, Hainan, China	2018-08	15	109.33°E 19.61°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>
8	GDFS	中国广东佛山 Foshan, Guangdong, China	2018-09	6	113.28°E 22.88°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>
9	MLSY	马来西亚, 吉隆坡 Kuala Lumpur, Malaysia	2018-12	5	101.72°E 2.99°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>
10	TLBB	泰国, 北碧府 Kanchanaburi, Thailand	2018-12	2	99.52°E 14.03°N	蛹 Pupa	椰子 <i>C. nucifera</i>
11	IDKL	印度, 喀啦啦, 加瑟勒戈德 Kerala, Kasaragod, India	2019-04	10	74.99°E 12.51°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>
12	IDSR*	印度, 安得拉, 斯里加古兰 Srikakulam, Andhra, India	2016	3	80.85°E 16.19°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>
13	IDVZ*	印度, 安得拉, 维济亚纳格勒姆 Vizianagaram, Andhra, India	2016	4	83.39°E 18.11°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>
14	IDVS*	印度, 安得拉, 维沙卡帕特南 Visakhapatnam, Andhra, India	2016	5	82.00°E 16.90°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>
15	IDEG*	印度, 安得拉, 东戈达瓦里 East Godavari, Andhra, India	2016	2	82.23°E 16.85°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>
16	IDWG*	印度, 安得拉, 西戈达瓦里 West Godavari, Andhra, India	2016	4	81.76°E 16.59°N	幼虫 Larva	椰子 <i>C. nucifera</i>

1) “*”表示该种群的序列从GenBank下载获得;IDSR的序列号为KP995715~KP995717, IDVZ的序列号为KP995718~KP995721, IDVS的序列号为KP995722~KP995726, IDEG的序列号为KP995727~KP995728, IDWG的序列号为KP995729~KP995732

1) “*” indicates the sequence of the population is downloaded from GenBank; The serial number of IDSR is KP995715-KP995717, IDVZ is KP995718-KP995721, IDVS is KP995722-KP995726, IDEG is KP995727-KP995728, and IDWG is KP995729-KP995732

2 结果与分析

本研究共获得 172 条来自 16 个不同地理种群的椰子织蛾线粒体 *COI* 序列, 其中 154 条在本次试验中获得, 经过比对和引物删除, 片段长度约为 1 080 bp; 18 条从 GenBank 下载获得, 片段长度为 625 bp。172 条序列共鉴定出 12 个单倍型 (图 1),

构成 2 个明显的单倍型分支, 其中 1 个分支为单倍型 HAP, 由 144 个样本共享, 包括海南琼海 (HNQH)、海南陵水 (HNLS)、海南海口 (HNHK)、海南文昌 (HNWC)、海南万宁 (HNWN)、海南三亚 (HNSY)、广东佛山 (GDFS), 以及马来西亚吉隆坡 (MLSY)、泰国北碧府 (TLBB)(表 2); 另 1 个分支由 11 个单倍

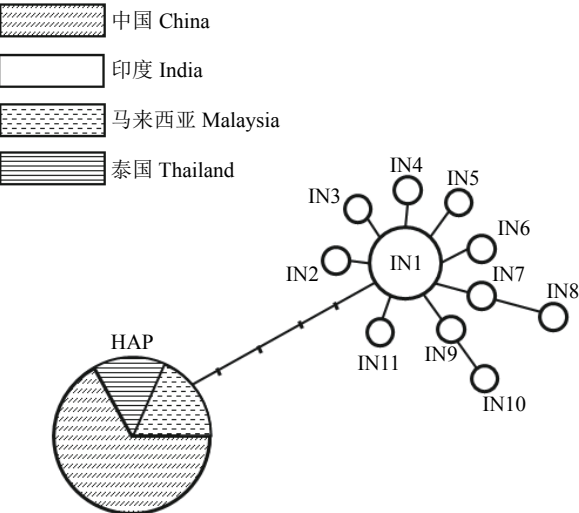


图 1 椰子织蛾 12 个 *COI* 单倍型网络进化关系图

Fig. 1 Evolution diagram of 12 *COI* haplotypes of *Opisina arenosella*

表 2 椰子织蛾 12 个 *COI* 单倍型在不同地区的分布

Table 2 Distribution of 12 *Opisina arenosella COI* haplotypes in different regions

单倍型 Haplotype	种群分布 Population distribution	
	国别 Country	种群代码 ¹⁾ Population code
HAP	中国 China	HNQH(23)、HNLS(26)、 HNHK(17)、HNWC(20)、 HNWN(14)、HNSY(16)、 GDFS(6)
	马来西亚 Malaysia	MLSY(5)
	泰国 Thailand	TLBB(2)
IN1	印度 India	IDKL(8)、IDSR(2)、 IDVS(2)、IDEG(1)、 IDWG(3)、IDVZ(2)
IN2	印度 India	IDSR(1)
IN3	印度 India	IDVS(1)
IN4	印度 India	IDEG(1)
IN5	印度 India	IDWG(1)
IN6	印度 India	IDVZ(1)
IN7	印度 India	IDKL(1)
IN8	印度 India	IDKL(1)
IN9	印度 India	IDVS(1)
IN10	印度 India	IDVS(1)
IN11	印度 India	IDVZ(1)

1) 括号中数据为共享单倍型的样本数

1) Numbers of samples sharing haplotypes are shown in parentheses

型 IN1-IN11 组成, 均来自印度种群, 单倍型 IN1 是印度 6 个地区椰子织蛾的共享单倍型, IN2-IN11 均为独享单倍型, 不与其他种群共享。

序列对比显示 *COI* 单倍型包含 15 个变异位点 (图 2), 其中, 73% 是碱基转换, 27% 是碱基颠换。11 个来自印度的单倍体(IN1~IN11)与分布在中国、马来西亚和泰国的单倍体 HAP 存在 4 个变异位点, 位点 17 的碱基为嘌呤转换, 位点 161、257 和 608 的碱基为嘧啶转换。

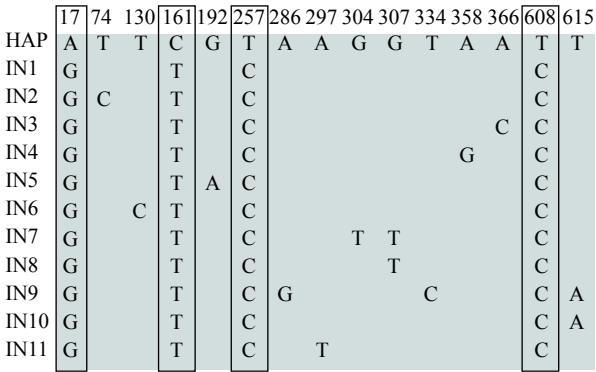


图 2 椰子织蛾 *COI* 单倍型变异位点分布

Fig. 2 Variable site distribution of *Opisina arenosella COI* haplotypes in different regions

对入侵地区椰子织蛾种群基于等位基因频率的中性检验并结合错配分布的分析结果显示, Tajima's *D* 值为 $-1.159\ 67(P>0.05)$, Fu's *F_s* 值为 $-3.515(P>0.05)$, 二者均为负值, 但分化值不显著。错配分布图 (图 3) 显示, 16 个种群的所有单倍型的歧点先形成 L 形, 而后出现单峰分布曲线, 表明椰子织蛾在整体水平上并未出现快速扩张等历史事件。

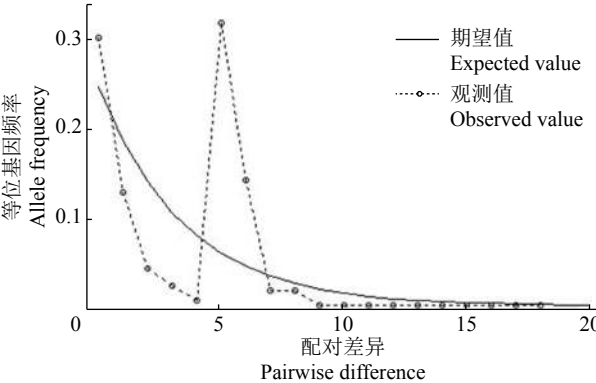


图 3 基于等位基因频率的 172 个椰子织蛾样本的错配分布图

Fig. 3 Distribution of mismatch in 172 *Opisina arenosella* samples based on allele frequency

3 讨论与结论

本研究对 16 个椰子织蛾种群的 172 个样本 *COI* 序列进行分析,所有序列无插入或缺失现象,并且 A+T 平均占比为 68.9%,明显高于 G+C 占比 (31.1%),表现出 A+T 碱基偏嗜,符合昆虫线粒体 DNA 碱基组成结构^[23]。将所有个体作为整体进行中性检测分析,种群未经历大规模的扩张,单倍型 IN1 在印度种群中广泛分布,并作为中心向其他单倍型发散,推断 IN1 是祖先单倍型;单倍型 HAP 则形成另一分支,并由中国、马来西亚和泰国的种群共享,表明入侵地区的椰子织蛾种群为同一基因类型或者有相同的入侵源,且该基因型在入侵地区快速繁殖和扩散,说明具有较高的适应和竞争能力。椰子织蛾在入侵地区未形成遗传分化,分析原因可能是椰子织蛾入侵我国的时间较短,新栖息地的地理环境相似,尚未积累丰富的遗传变异。

遗传变异是物种适应环境的基础,当面临新的环境条件时,丰富的遗传变异为物种适应新环境提供了选择材料。因此,较高的遗传变异可以增强环境适应能力。然而,高水平的遗传多样性并非成功入侵的必要条件^[24]。外来物种在入侵过程中常伴随奠基者效应,导致遗传多样性水平降低^[25-26]。一些入侵物种遗传多样性的降低反而促进其成功入侵。如阿根廷蚂蚁 *Linepithema humile* 入侵北美,其遗传多样性的降低减少了种群内部斗争,因此提高了种群的生存与繁殖能力,在数量上占据优势,从而形成了有利于在新环境中竞争的行为特性^[27]。在本研究中,入侵中国、马来西亚、泰国等地区的椰子织蛾种群中仅检测到一种 *COI* 基因型,原产地印度椰子织蛾种群的多态位点显著多于入侵地区种群的,表明椰子织蛾入侵后遗传多样性下降,种群经历了奠基者效应。一些理论研究表明,入侵过程的瓶颈效应可以增加性状的遗传变异^[28]或改变遗传背景^[29]。外来物种在入侵过程中通过与转座子的相互作用影响基因组结构、组织和功能,从而促进快速适应,特别是在遗传多样性低的群体中。应激诱导的转座子活性变化可以改变基因作用,并促进遗传变异,有助于遗传多样性低的物种能够在新环境中快速适应^[30-31],使群体达到新的适应高峰。入侵地区与原产地印度的椰子织蛾单倍型均存在 4 个碱基位点的差异,推测是椰子织蛾种群受环境选择压力影响,在新栖息地产生了新的突变或杂交。有研究已证实线粒体的基因突变可以影响与生物学特性有关的表型变化,如灰飞虱 *Laodelphax striatellus*

在我国存在 2 种不同的线粒体单倍型群 (HGI、HGII),而这 2 种单倍型灰飞虱在产卵量和寿命等方面存在显著差异,灰飞虱线粒体 DNA 的变异导致了 DNA 复制能力的提高,使其能够抵御遗传漂变作用而被保留下来;同时这些变异带来了生殖和耐寒力方面的优势,使其能够在种群中得到扩散^[32]。

在我国,椰子织蛾主要分布在纬度 23.5°N 以南的局部地区,且暴发为害多发生在以棕榈植物种植为主的公园、国道以及滨江滨海绿化带^[33]。据报道,椰子织蛾分布最北的地区为印度德里,纬度约为 28.6°N^[34]。因此,椰子织蛾在我国可能向北持续扩散,且随着全球变暖日益严重,该虫向北扩散蔓延的速度将进一步加快。本研究分析了 3 个入侵国家的椰子织蛾单倍型,该信息对精准监测椰子织蛾,综合分析其侵入来源和扩散路径具有重要指导意义。

参考文献:

[1] PIMENTEL D, LACH L, ZUNIGA R, et al. Environmental and economic costs of nonindigenous species in the United States[J]. *Bio Sci*, 2000, 50(1): 53-66.

[2] PERERA P, HASSELL M, GODFRAY H. Population dynamics of the coconut caterpillar, *Opisina arenosella* Walker (Lepidoptera: Xyloryctidae), in Sri Lanka[J]. *Bull Entomol Res*, 1988, 78(3): 479-492.

[3] MOHAO C, NAIR C R, NAMPOOTHIRI C K, et al. Leaf-eating caterpillar (*Opisina arenosella*)-induced yield loss in coconut palm[J]. *Int J Trop Insect Sci*, 2010, 30(3): 132-137.

[4] 吕宝乾, 严珍, 金启安, 等. 警惕椰子织蛾 *Opisina arenosella* Walker(鳞翅目: 织蛾科) 传入中国[J]. *生物安全学报*, 2013, 22(1): 17-22.

[5] 阎伟, 吕宝乾, 李洪, 等. 椰子织蛾传入中国及其海南省的风险性分析[J]. *生物安全学报*, 2013, 22(3): 163-168.

[6] 阎伟, 刘丽, 李朝绪, 等. 入侵害虫椰子织蛾对海南椰子造成的经济损失评估[J]. *中国南方果树*, 2015, 44(4): 156-159.

[7] 刘向蕊, 吕宝乾, 金启安, 等. 新入侵害虫椰子织蛾飞行能力测定[J]. *热带作物学报*, 2014, 35(8): 1610-1614.

[8] 刘向蕊, 吕宝乾, 金启安, 等. 5 种杀虫剂对入侵害虫椰子织蛾的室内毒力测定[J]. *生物安全学报*, 2014, 23(1): 13-17.

[9] 黄山春, 李朝绪, 阎伟, 等. 海南发现椰子织蛾的重要天敌褐带卷蛾茧蜂[J]. *生物安全学报*, 2017, 26(3): 256-258.

[10] 孙晓东, 阎伟, 李朝绪, 等. 苏云金芽胞杆菌的鉴定及对椰子织蛾的致死作用[J]. *生物安全学报*, 2016, 25(1): 49-53.

[11] 陆永跃, 王敏. 椰子织蛾的形态特征识别[J]. *环境昆虫学报*, 2013, 35(6): 838-842.

[12] 金涛, 李应梅, 林玉英, 等. 椰子木蛾的产卵节律及其对寄主植物的产卵选择性[J]. *生物安全学报*, 2016, 25(1):

39-43.

[13] YANG F, KAWABATA E, TUFAIL 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]. *Ecol Evol*, 2017, 7(24): 10592-10603.

[14] CHEN F, LUO Y, KEENA M A, et al. DNA barcoding of gypsy moths from China (Lepidoptera: Erebidiae) reveals new haplotypes and divergence patterns within gypsy moth subspecies[J]. *J Econ Entom*, 2015, 109(1): 366-374.

[15] 张亚楠, 龚治, 牛黎明, 等. 基于 *COI* 基因片段的瓜实蝇遗传多样性分析[J]. *热带作物学报*, 2017, 38(5): 926-931.

[16] DU Y Z, TANG X T, WANG L P, et al. Genetic differentiation of geographical populations of *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) in China based on mitochondrial *COI* gene sequences[J]. *Mitochond DNA*, 2016, 27(6): 3936-3940.

[17] LAVRINIENKO A, KESÄNIEMI J, WATTS P C, et al. First record of the invasive pest *Drosophila suzukii* in Ukraine indicates multiple sources of invasion[J]. *J Pest Sci*, 2017, 90(2): 421-429.

[18] NADEL R L, SLIPPERS B, SCHOLEN M C, et al. DNA bar-coding reveals source and patterns of *Thaumastocoris peregrinus* invasions in South Africa and South America[J]. *Biol Inv*, 2010, 12(5): 1067-1077.

[19] 印红, 刘晓丽, 王彦芳, 等. 一种改进的昆虫基因组 DNA 的提取方法[J]. *河北大学学报(自然科学版)*, 2002, 22(1): 80-83.

[20] 张德华, 周开亚, 孙红英. 乙醇保存的动物标本基因组 DNA 提取方法的比较[J]. *生物杂志*, 2004, 21(6): 46-48.

[21] HALL T. A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows TM[J]. *Bioed Vers*, 1999, 7(41): 95-98.

[22] CLEMENT M, POSADA D, CRANDALL K A. TCS: A computer program to estimate gene genealogies[J]. *Mol Ecol*, 2000, 9(10): 1657-1659.

[23] ZHOU Z, HUANG Y, SHI F. The mitochondrial genome of *Ruspolia dubia* (Orthoptera: Conocephalidae) contains a short A+T-rich region of 70 bp in length[J]. *Genome*, 2007, 50(9): 855-866.

[24] 施雯, 耿宇鹏, 欧晓昆. 遗传多样性与外来物种的成功入侵: 现状和展望[J]. *生物多样性*, 2010, 18(6): 590-597.

[25] AUSTERLITZ F, JUNG-MULLER B, GODELLE B, et al. Evolution of coalescence times, genetic diversity and structure during colonization[J]. *Theor Popul Biol*, 1997, 51(2): 148-164.

[26] DLUGOSCH K M, PARKER I. Founding events in species invasions: Genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions[J]. *Mol Ecol*, 2008, 17(1): 431-449.

[27] TSUTSUI N D, SUAREZ A V, HOLWAY D A, et al. Reduced genetic variation and the success of an invasive species[J]. *Proc Nat Acad Sci USA*, 2000, 97(11): 5948-5953.

[28] VAN HEERWAARDEN B, WILLI Y, KRISTENSEN T N, et al. Population bottlenecks increase additive genetic variance but do not break a selection limit in rain forest drosophila[J]. *Genetics*, 2008, 179(4): 2135-2146.

[29] WILLI Y, VAN BUSKIRK J, HOFFMANN A A. Limits to the adaptive potential of small populations[J]. *Annu Rev Ecol Evol Syst*, 2006, 37: 433-458.

[30] STAPLEY J, SANTURE A W, DENNIS S R. Transposable elements as agents of rapid adaptation may explain the genetic paradox of invasive species[J]. *Mol Ecol*, 2015, 24(9): 2241-2252.

[31] NIU X M, XU Y C, LI Z W, et al. Transposable elements drive rapid phenotypic variation in *Capsella rubella*[J]. *Proc Nat Acad Sci USA*, 2019, 116(14): 6908-6913.

[32] SUN J T, DUAN X Z, HOFFMANN A A, et al. Mitochondrial variation in small brown planthoppers linked to multiple traits and likely reflecting a complex evolutionary trajectory[J]. *Mol Ecol*, 2019, 28(14): 3306-3323.

[33] JALALI S, SINGH S, VENKATESAN T. Selection of promising species of trichogrammatid egg parasitoid for field evaluation against coconut leaf eating caterpillar, *Opisina arenosella* Walker[J]. *J Plant Crop*, 2002, 30(2): 30-32.

[34] 唐真正, 王谨, 刘向蕊, 等. 热带两种入侵棕榈害虫耐寒性比较[J]. *植物检疫*, 2016, 30(2): 40-44.

【责任编辑 李晓卉】