

# 山东省不同地理种群棉铃虫的遗传结构

崔洪莹<sup>1</sup> 宋莹莹<sup>1</sup> 郭文秀<sup>1</sup> 魏倩彤<sup>2</sup> 于毅<sup>1</sup> 李丽莉<sup>1</sup> 吕素洪<sup>1</sup> 门兴元<sup>1\*</sup>

(1. 山东省农业科学院植物保护研究所, 济南 250100; 2. 南京农业大学植物保护学院昆虫系, 南京 210095)

**摘要:** 为明确棉铃虫 *Helicoverpa armigera* (Hübner) 在山东省不同地理种群的遗传分化及遗传多样性, 对采集得到的山东省 14 个棉铃虫种群共 109 个样本进行线粒体细胞色素氧化酶亚基 I (mitochondrial cytochrome oxidase I, mt COI) 及亚基 II (mitochondrial cytochrome oxidase I, mt COII) 基因片段测序, 并进行遗传多样性分析, 探究其在山东省的种群遗传变异情况。结果表明, 棉铃虫 mt COI 及 mt COII 基因拼接 (1 306 bp) 共有 18 个单倍型 Hap1~Hap18, 其中 Hap2 和 Hap3 单倍型包含的个体数量最多, 分别为 37 个和 20 个。莱阳种群的单倍型多样性最高, 为 1.000, 莱西种群的核苷酸多态性最高, 为 0.004 5, 14 个棉铃虫种群的总体固定系数  $F_{ST}$  值为 0.028, 说明棉铃虫种群之间几乎没有遗传分化。GENEPOP 分析表明种群间遗传距离和地理距离无显著相关性。表明山东省不同地区棉铃虫遗传分化较低, 各地区种群间没有显著的遗传差异。

**关键词:** 棉铃虫; 山东省; 地理种群; 线粒体基因; 遗传多样性; 遗传分化

## Genetic structure of the geographical populations of cotton bollworm *Helicoverpa armigera* in Shandong Province

Cui Hongying<sup>1</sup> Song Yingying<sup>1</sup> Guo Wenxiu<sup>1</sup> Wei Qiantong<sup>2</sup> Yu Yi<sup>1</sup> Li Lili<sup>1</sup>  
Lü Suhong<sup>1</sup> Men Xingyuan<sup>1\*</sup>

(1. Institute of Plant Protection, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, Shandong Province, China;

2. Department of Entomology, College of Plant Protection, Nanjing Agricultural University,  
Nanjing 210095, Jiangsu Province, China)

**Abstract:** To investigate genetic differentiation and diversity among different populations of cotton bollworm *Helicoverpa armigera* Hübner in different geographical regions in Shandong Province, this study explored the population genetic variation and conducted genetic diversity analysis. A total of 109 cotton bollworms from 14 populations were sequenced and analyzed using mitochondrial cytochrome oxidase I (mt COI) and mitochondrial cytochrome oxidase II (mt COII) gene fragments in Shandong Province. A total of 18 haplotypes (Hap1–Hap18) were identified, with the most frequent being two source haplotypes (Hap2 and Hap3), which contained the largest number of individuals, 37 and 20, respectively. Haplotype diversity was highest in the Laiyang region (1.000) while nucleotide diversity was highest in the Laixi region (0.004 5). The overall  $F_{ST}$  value of all populations was 0.028, indicating low genetic differentiation between populations. GENEPOP analysis indicated no significant correlation between genetic and geographic distances among populations. The results showed that genetic differentiation was low among different areas of Shandong Province, with no significant genetic difference observed among populations in different regions.

基金项目: 山东省农业科学院农业科技创新工程人才类任务(333 工程)(06202214442062), 山东省重点研发计划(重大科技创新工程)  
(2020CXGC010802)

\* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: menxy2000n@hotmail.com

收稿日期: 2023-09-06

**Key words:** *Helicoverpa armigera*; Shandong Province; geographical population; mitochondrial gene; genetic diversity; genetic differentiation

棉铃虫 *Helicoverpa armigera* (Hübner) 隶属于鳞翅目夜蛾科, 是一种世界范围内的重大农业害虫, 其幼虫寄主范围广泛, 取食植物可达 30 多科 200 多种, 给农业生产带来巨大损失(吴孔明和郭予元, 1996; 崔洪莹和赵紫华, 2020; Rich et al., 2023)。20世纪 90 年代初, 棉铃虫一度在我国暴发成灾, 导致棉花及其他寄主作物损失严重(Wu et al., 2008; Lu et al., 2010)。研究表明, 华北农区气候适宜, 历来是棉铃虫常发和重发区域, 尤其是 2010 年以来, 棉铃虫种群发生明显增加, 在玉米、花生等非棉花作物上为害不断加重(陆宴辉等, 2018; Lu et al., 2022)。棉铃虫又是山东省粮棉油作物的主要害虫, 其为害面积比率可达到 30%, 对粮食安全产生了严重威胁(陆宴辉等, 2018; 张磊等, 2021)。

棉铃虫成虫具有长距离迁飞习性, 跨区域为害(吴孔明和郭予元, 2007)。棉铃虫不同种群遗传结构分析对于其演化、迁飞以及综合治理等都具有重要意义(Feng et al., 2009; Jones et al., 2019)。昆虫线粒体 DNA 是昆虫分子系统学研究中应用最为广泛的遗传物质之一(De Mandal et al., 2014)。由于线粒体进化速率快和基因组相对较小, 具有自身的遗传控制系统, 已被广泛用于系统发育、分子进化、昆虫分类学和群体遗传学等研究(Dong et al., 2021a)。线粒体细胞色素氧化酶亚基 I (mitochondrial cytochrome oxidase subunit I, mt COI) 和线粒体细胞色素氧化酶亚基 II (mitochondrial cytochrome oxidase subunit II, mt COII) 基因序列分析法, 是最常见的线粒体基因测序方法(Ren et al., 2013; 吴阳刚等, 2023)。例如, Yang et al.(2015)采用 mt COI 基因标记揭示了我国西花蓟马种群的遗传多样性水平, 并发现其在扩散中的桥头堡效应。Dong et al. (2021b)采用 mt COI 和 mt COII 基因片段分析山东省玉米螟的单倍型频率, 发现其遗传多样性水平受到景观格局的影响。随着棉铃虫在非棉花作物如玉米、花生上的为害加重, 全面揭示山东省玉米田棉铃虫种群的遗传分化是至关重要的。明确山东省不同地理区域的棉铃虫种群的遗传分化地位对于其防控具有重要的理论价值与实践意义, 有利于促进我国棉铃虫分子系统学的深入研究。

本研究利用 mt COI 和 mt COII 两个线粒体基因作为分子标记, 对分布在山东省的 14 个棉铃虫地理

种群的遗传结构进行分析, 探讨棉铃虫各地理种群的遗传多样性及遗传分化程度, 明确棉铃虫地理距离与遗传距离之间的关系, 以期为今后针对山东省不同棉铃虫发生区制订有效种群控制策略提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

供试虫源: 本研究的棉铃虫采自山东省各地的玉米寄主作物上, 采集时间为 2021 年 9 月中上旬, 采集地区包括菏泽市成武县(115°54'21" E, 35°4'8" N)、巨野县(116°7'37" E, 35°24'18" N), 济宁市泗水县(117°15'14" E, 35°32'42" N), 临沂市兰陵县(117°57'50" E, 34°52'15" N)、蒙阴县(117°55'40" E, 35°39'46" N), 青岛市胶州市(120°3'28" E, 36°19'4" N)、莱西市(120°30'50" E, 36°48'39" N)、平度市(119°44'38" E, 36°45'57" N), 泰安市肥城市(116°28'40" E, 36°12'39" N)、新泰市(117°33'32" E, 35°57'43" N), 潍坊市诸城市(119°25'30" E, 36°8'34" N), 烟台市莱阳市(120°47'52" E, 36°58'19" N)、莱州市(119°58'48" E, 37°13'30" N)和枣庄市薛城区(117°18'18" E, 34°46'4" N)。每个采集地随机选取 10 块玉米田, 每个田块采用五点取样法抽取玉米植株, 共 109 份样品, 将采集棉铃虫 3~4 龄幼虫单头放置于离心管中, 95% 乙醇浸泡, -20 ℃ 保存备用。

试剂及仪器: 细胞/组织基因组 DNA 提取试剂盒, 南京诺唯赞生物科技有限公司; TransTaq HiFi DNA Polymerase、10×TransTaq HiFi Buffer I、High Pure dNTPs, 北京全式金生物技术有限公司; 其他试剂均为国产分析纯。Mastercycler nexus gradient PCR 仪, 无锡莱弗思生物实验器材有限公司。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 DNA 提取、PCR 扩增及测序

使用细胞/组织基因组 DNA 提取试剂盒提取棉铃虫基因组 DNA。参考 Gonçalves et al.(2019)合成 mt COI 和 mt COII 基因引物, mt COI 引物序列为 F (5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3')/R (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3') ; mt COII 引物序列为 F (5'-TATATGTAATGGATTAAACC-3')/R (5'-GTTAAGAGACCACTTG-3') 进行扩增, 引物均由生工生物工程(上海)股份有限

公司合成。以DNA为模板进行PCR扩增。25 μL PCR反应体系为:RNase-free Water 18 μL、10×Trans-Taq HiFi Buffer I 2.5 μL、High Pure dNTPs 2 μL、DNA模板1 μL、正反向引物各0.5 μL、TransTaq HiFi DNA Polymerase 0.5 μL。*mt COI*基因反应程序:94 ℃预变性3 min,94 ℃变性30 s,55 ℃退火30 s,72 ℃延伸30 s,共35个循环;72 ℃终延伸10 min;*mt COII*基因反应程序:94 ℃预变性3 min,94 ℃变性30 s,52 ℃退火30 s,72 ℃延伸30 s,共35个循环;72 ℃终延伸10 min。扩增的PCR产物送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序,得到*mt COI*及*mt COII*基因片段序列。

### 1.2.2 遗传多样性分析

将序列结果在NCBI上进行BLAST比对,确认所得的序列片段为棉铃虫的*mt COI*和*mt COII*序列片段。利用SnapGene软件读取1.2.1测序结果并观察峰图。利用DNASP6软件计算单倍型数量、单倍型多样性、核苷酸多态性及中性检验分析。其中,单倍型多样性和核苷酸多态性是进行种群内变异检验的主要衡量指标;种群中性测验分析参数包括 Tajima's *D*, Fu's *F<sub>s</sub>*, Fu and Li's *D\**和Fu and Li's *F\**(Rozas et al., 2017)。利用Arlequin3.11软件计算不同种群间的固定系数 $F_{ST}$ ,遗传距离= $F_{ST}/(1-F_{ST})$

(Narum & Hess, 2011)。 $F_{ST}$ 的值表示群体遗传分化的程度,0≤ $F_{ST}≤0.05$ 时,种群几乎无分化;0.05< $F_{ST}≤0.15$ 时,种群中度分化;0.15< $F_{ST}≤0.25$ 时,种群发生明显分化; $F_{ST}>0.25$ 时,种群极度分化(Wright, 1977)。根据经度纬度计算不同种群间的地理距离,并用GENEPOP Web计算遗传距离与地理距离间的相关性(Rousset, 2008)。采用Popart ver. 1.7软件构建单倍型的网络分支图,以重建单倍型系统发育关系(Leigh & Bryant, 2015)。

## 2 结果与分析

### 2.1 棉铃虫种群单倍型类型及数量

对棉铃虫不同种群进行*mt COI*及*mt COII*扩增,测序获得14个种群的109条*mt COI*及*mt COII*核心序列,将序列两端切齐后,得到的*mt COI*及*mt COII*基因拼接的总片段序列长度为1 306 bp。共获得18个单倍型Hap1~Hap18,出现频率最高的单倍型是Hap2和Hap3,分别由37个和20个种群分享,分别占总群体的33.9%和18.3%。单倍型Hap1和Hap4分别由9个种群分享,单倍型Hap6由8个种群分享。Hap10、Hap12、Hap13、Hap15、Hap16、Hap17及Hap18为独享单倍型,分别为莱西市、平度、平度、肥城、诸城、莱阳及莱州种群所单独拥有(表1)。

表1 线粒体单倍型在山东省不同地区棉铃虫种群中的分布

Table 1 Mitochondrial haplotype distribution of *Helicoverpa armigera* in different regions of Shandong Province

单倍型 Haplotype	成武 Cheng-wu	巨野 JuYe	泗水 Sishui	兰陵 Lan-ling	蒙阴 Meng-yin	胶州 Jiao-zhou	莱西 Laixi	平度 Pingdu	肥城 Fei-cheng	新泰 Xintai	诸城 Zhu-cheng	莱阳 Lai-yang	莱州 Lai-zhou	薛城 Xue-cheng	含有 个数 Number	
Hap1	3	/	1	/	1	/	1	/	/	/	2	/	/	/	1	9
Hap2	2	6	3	2	4	1	1	/	3	3	3	2	1	6	37	
Hap3	4	/	/	/	1	4	/	2	1	3	3	/	/	2	20	
Hap4	1	/	2	1	1	1	2	/	/	/	/	/	/	1	9	
Hap5	/	1	/	/	1	/	/	/	/	1	/	/	1	/	4	
Hap6	/	/	2	/	1	1	/	/	/	/	/	1	3	/	8	
Hap7	/	/	1	/	/	/	/	/	/	1	1	/	/	/	3	
Hap8	/	/	/	2	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	2	
Hap9	/	/	/	2	1	1	1	/	/	1	/	/	/	/	6	
Hap10	/	/	/	/	/	/	1	/	/	/	/	/	/	/	1	
Hap11	/	/	/	/	/	/	/	2	/	/	/	/	/	/	2	
Hap12	/	/	/	/	/	/	/	1	/	/	/	/	/	/	1	
Hap13	/	/	/	/	/	/	/	1	/	/	/	/	/	/	1	
Hap14	/	/	/	/	/	/	/	/	1	/	/	1	/	/	2	
Hap15	/	/	/	/	/	/	/	/	1	/	/	/	/	/	1	
Hap16	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	1	/	/	/	1	
Hap17	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	1	/	/	/	1	
Hap18	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	1	/	1	

/: 无此单倍型。/: No haplotype.

## 2.2 棉铃虫种群间的遗传多样性及中性检验分析

14个棉铃虫种群总单倍型多样性为0.833, 总核苷酸多样性为0.002 2。不同种群的单倍型多样性在

0.286~1.000之间, 核苷酸多样性在0.000 7~0.004 5之间, 其中莱阳种群的单倍型多样性最高, 为1.000, 莱西种群的核苷酸多态性最高, 为0.004 5(表2)。

表2 山东省不同地区棉铃虫种群遗传多样性参数

Table 2 The genetic diversity indices of *Helicoverpa armigera* in different regions of Shandong Province

种群 Population	单倍型数量 Number of haplotypes	单倍型多样性 Haplotype diversity	核苷酸多态性 Nucleotide diversity
混合种群 Mixed populations	18	0.833±0.001	0.002 2±0.000 3
成武 Chengwu	4	0.778±0.008	0.001 9±0.000 9
巨野 Juye	2	0.286±0.039	0.000 7±0.000 5
泗水 Sishui	5	0.861±0.008	0.003 5±0.000 9
兰陵 Lanling	4	0.857±0.011	0.003 0±0.001 2
蒙阴 Mengyin	7	0.867±0.012	0.002 5±0.000 9
胶州 Jiaozhou	5	0.786±0.023	0.002 4±0.001 1
莱西 Laixi	5	0.933±0.015	0.004 5±0.000 9
平度 Pingdu	5	0.905±0.011	0.001 8±0.000 6
肥城 Feicheng	4	0.800±0.029	0.001 2±0.000 4
新泰 Xintai	5	0.833±0.010	0.001 1±0.000 3
诸城 Zhucheng	5	0.844±0.006	0.001 0±0.000 2
莱阳 Laiyang	4	1.000±0.031	0.003 8±0.001 1
莱州 Laizhou	4	0.800±0.030	0.001 9±0.000 5
薛城 Xuecheng	4	0.644±0.023	0.001 7±0.000 9

表中数据为平均数±标准误。Data are mean±SE.

当把14个棉铃虫种群作为混合种群进行分析时, Tajima’s *D*和Fu’s  $F_s$ 值均为负值, 莱西种群的Fu’s  $F_s$ 值为-0.055, 表明该地区的种群相较于其他

种群更加稳定。对14个种群进行Tajima’s *D*和Fu’s  $F_s$ 检验, 虽然大部分种群的Tajima’s *D*和Fu’s  $F_s$ 值为负值, 但均未达到显著水平(表3)。

表3 山东省不同地区棉铃虫种群中性测验分析参数

Table 3 The neutrality test indices of *Helicoverpa armigera* populations in different regions of Shandong Province

种群 Population	Tajima’s <i>D</i>	Fu’s $F_s$	Fu and Li’s <i>D</i> * Fu and Li’s $F^*$
混合种群 Mixed populations	-0.011	-4.358	1.585 <sup>*</sup>
成武 Chengwu	-1.256	1.135	-1.509
巨野 Juye	-1.358	1.514	-1.427
泗水 Sishui	0.210	1.016	0.898
兰陵 Lanling	-0.705	1.196	-0.823
蒙阴 Mengyin	-1.536	-1.798	-1.786
胶州 Jiaozhou	-1.336	-0.211	-1.299
莱西 Laixi	0.785	-0.055	0.865
平度 Pingdu	-0.863	-1.177	-0.746
肥城 Feicheng	-0.469	-0.909	-0.627
新泰 Xintai	-0.910	-1.593	-1.239
诸城 Zhucheng	-0.279	-1.587	-0.338
莱阳 Laiyang	0.184	-0.524	0.184
莱州 Laizhou	-0.351	-0.119	-0.416
薛城 Xuecheng	-1.590	0.875	-1.879

\*表示  $P<0.05$ 。\* indicates  $P<0.05$ .

### 2.3 棉铃虫不同种群的遗传分化

Arlequin 分析表明, 棉铃虫不同种群间的固定系数  $F_{ST}$  在 -0.164~0.375 之间, 14 个种群的总体固定系数  $F_{ST}$  为 0.028。莱州种群与巨野、诸城种群间的

固定系数  $F_{ST}$  分别为 0.375 和 0.275,  $F_{ST}>0.25$ , 说明这两种群之间有很大的遗传分化(表 4)。莱州种群与巨野种群间的固定系数  $F_{ST}$  最大, 即其遗传分化程度最大(表 4)。

表 4 山东省不同地区棉铃虫种群间遗传分化

Table 4 Genetic differentiation among populations of *Helicoverpa armigera* in different regions of Shandong Province

种群 Population	成武 Chengwu	巨野 Juye	泗水 Sishui	兰陵 Lanling	蒙阴 Mengyin	胶州 Jiaozhou	莱西 Laixi	平度 Pingdu	肥城 Feicheng	新泰 Xintai	诸城 Zhucheng	莱阳 Laiyang	莱州 Laizhou
成武 Chengwu													
巨野 Juye		0.131*											
泗水 Sishui		0.023	0.086										
兰陵 Lanling		0.048	0.129*	0.029									
蒙阴 Mengyin		-0.059	-0.006	-0.047	-0.037								
胶州 Jiaozhou		-0.062	0.133*	-0.036	-0.037	-0.089							
莱西 Laixi		0.040	0.190*	-0.093	-0.012	-0.004	-0.019						
平度 Pingdu		0.021	-0.044	-0.012	0.043	-0.067	0.006	0.025					
肥城 Feicheng		-0.031	0.053	-0.003	0.041	-0.083	-0.059	0.071	-0.024				
新泰 Xintai		0.008	0.037	0.098	0.038	-0.048	-0.006	0.162*	0.004	-0.079			
诸城 Zhucheng		-0.022	0.075	0.105*	0.092*	-0.027	0.030	0.178*	0.043	-0.059	-0.059		
莱阳 Laiyang		0.026	0.202*	-0.164	-0.007	-0.066	-0.088	-0.158	0.011	0.009	0.161*	0.196*	
莱州 Laizhou		0.142*	0.375*	0.074	0.167*	0.065	0.046	0.169*	0.246*	0.187*	0.238*	0.275*	0.049
薛城 Xuecheng		-0.017	-0.040	-0.021	0.049	-0.073	-0.010	0.044	-0.084	-0.065	-0.003	-0.016	0.013
													0.228*

\*表示  $P<0.05$ 。 \* indicates  $P<0.05$ .

GENEPOP 分析结果表明棉铃虫不同种群间遗传距离与地理距离之间无显著相关性( $R^2=0.024\ 4$ ,  $P=0.139$ )(图 1)。表明地理距离对种群间的遗传距离没有显著性影响, 山东省棉铃虫的遗传分化没有一定的地域性差异, 地理隔离不会导致山东省棉铃虫的种群遗传分化。

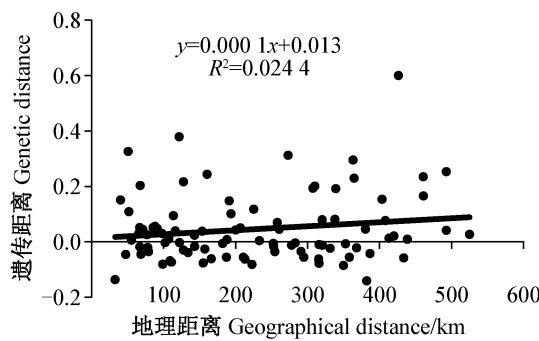


图 1 山东省不同地区棉铃虫种群间遗传距离与地理距离的相关性

Fig. 1 Correlation between genetic and geographical distances among populations of *Helicoverpa armigera* in different regions of Shandong Province

### 2.4 棉铃虫单倍型网状分支图

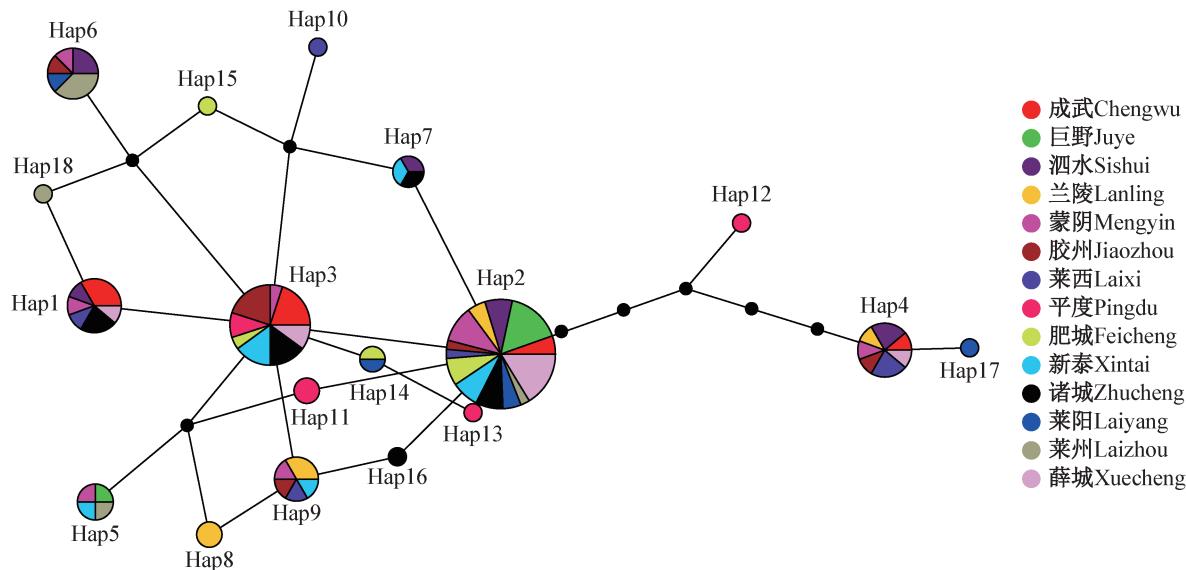
单倍型网络分支图显示, 常见单倍型 Hap2 和 Hap3 位于中间位置, 其他单倍型以 Hap2 和 Hap3 为中心聚在一起。Hap2 和 Hap3 是优势单倍型, 推测 Hap2 和 Hap3 可能为祖先单倍型(图 2)。

## 3 讨论

本研究对来自山东省 14 个地区棉铃虫种群的 109 个个体进行了 mt COI 及 mt COII 基因分析, 以估计棉铃虫不同种群的遗传变异性。本研究表明山东省存在多种棉铃虫线粒体单倍型, 并且不同地区间存在共有单倍型, 这与 Behere et al.(2007)研究结论一致, 即发现采集于澳大利亚、乌干达、印度及巴基斯坦等国家的棉铃虫也存在共有的单倍型 Harm-1。本研究表明单倍型 Hap2 是几乎所有种群所共有的单倍型, 对生态环境的适应性较其他单倍型强, 是棉铃虫种群中稳定存在的优势单倍型。而在得到的 18 个单倍型中, 其中 7 个为独享单倍型, 在棉铃虫种群中以很低的频率存在, 究其原因可能是由于出现的历史时期较短, 或因为适合度较低。莱阳种群的

单倍型多样性最高,说明其遗传多样性高,遗传资源丰富。对山东省14个棉铃虫种群Tajima's *D*和Fu's *F<sub>s</sub>*值进行中性检验的结果显示,14个地区的棉铃虫种群差异均未达到显著水平,表明混合和各地区棉

铃虫种群未经历过种群扩张。山东省14个棉铃虫种群的总体固定系数 $F_{ST}$ 为0.028,说明棉铃虫种群之间几乎无遗传分化。



图中每一个圆代表一个单倍型,颜色表示各采样区的单倍型频率。Each circle represents one haplotype. The colored segments in the circle represent the proportion of population in each haplotype.

图2 山东省不同地区棉铃虫种群单倍型网状分支图

Fig. 2 Median joining network based on the haplotypes of *Helicoverpa armigera* in different regions of Shandong Province

本研究发现棉铃虫不同种群间遗传距离与地理距离之间没有相关性,结果表明棉铃虫的遗传分化没有一定的地域性差异,地理隔离对山东省棉铃虫的遗传分化无显著影响。杨现明和陆宴辉(2018)对采集自宁夏回族自治区银川市、内蒙古自治区巴彦淖尔市等7个地区的棉铃虫田间种群进行mt COI基因片段测序,发现种群间遗传距离和地理距离无显著相关性,种群间的基因交流不受地理距离的影响,与本研究结果一致。但是前期也有研究表明地理隔离对昆虫的遗传分化有显著影响。如Wei et al.(2015)研究认为,采自中国及韩国的梨小食心虫 *Grapholita molesta* (Busck)种群间的遗传距离和地理距离具有显著相关性,梨小食心虫种群在不同地理距离上具有不同的遗传水平,地理隔离对梨小食心虫的遗传分化具有显著影响。综上所述推测昆虫种群地理距离和遗传距离是否相关,可能与地域性、昆虫种类、地理距离远近等诸多因素有关。

本研究从遗传多样性、遗传分化、中性检验等多方面进行分析,结果发现山东省14个地区的棉铃虫种群几乎没有遗传分化,表明大部分地区之间棉铃虫遗传分化较低,不同种群间存在着大量的个体迁移,基因交流广泛,各地区种群间没有显著的遗传差

异,亲缘关系较近。这可能与棉铃虫的迁飞习性有很大的关系(周燕等,2020),山东省属于黄河流域棉区,也是棉铃虫南北迁飞的重要路经地,这致使山东省不同地区棉铃虫种群的基因交流频繁,遗传组成具同质性,遗传分化低。因此,通过对山东省不同地区棉铃虫种群的遗传多样性研究,对山东省棉铃虫在不同地区的转移扩散有了更深入的了解,为加强山东省地区棉铃虫迁入种群动态监测及其综合防治提供了科学依据。

## 参考文献 (References)

- Behere GT, Tay WT, Russell DA, Heckel DG, Appleton BR, Kranthi KR, Batterham P. 2007. Mitochondrial DNA analysis of field populations of *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae) and of its relationship to *H. zea*. *BMC Evolutionary Biology*, 7: 117
- Cui HY, Zhao ZH. 2020. Asymmetrical responses of cotton bollworm *Helicoverpa armigera* to global warming and agricultural intensification in Bt cotton fields. *Journal of Plant Protection*, 47(4): 912–919 (in Chinese) [崔洪莹, 赵紫华. 2020. 转Bt基因棉田棉铃虫对气候变暖与集约化种植的不对称响应. 植物保护学报, 47(4): 912–919]
- De Mandal S, Chhakchhuak L, Gurusubramanian G, Kumar NS. 2014. Mitochondrial markers for identification and phylogenetic studies in insects: a review. *DNA Barcodes*, 2(1): 1–9

- Dong ZK, Li C, Zhang QQ, Li LL, Lu ZB, Ouyang F, Song YY, Yu Y, Men XY. 2021b. Landscape genetic analyses reveal host association of mitochondrial haplotypes in the Asian corn borer, *Ostrinia furnacalis*. Insect Science, 28(4): 1169–1178
- Dong ZK, Wang YZ, Li C, Li LL, Men XY. 2021a. Mitochondrial DNA as a molecular marker in insect ecology: current status and future prospects. Annals of the Entomological Society of America, 114(4): 470–476
- Feng HQ, Wu XF, Wu B, Wu KM. 2009. Seasonal migration of *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae) over the Bohai Sea. Journal of Economic Entomology, 102(1): 95–104
- Gonçalves RM, Mastrangelo T, Rodrigues JCV, Paulo DF, Omoto C, Corrêa AS, de Azeredo-Espin AML. 2019. Invasion origin, rapid population expansion, and the lack of genetic structure of cotton bollworm (*Helicoverpa armigera*) in the Americas. Ecology and Evolution, 9(13): 7378–7401
- Jones CM, Parry H, Tay WT, Reynolds DR, Chapman JW. 2019. Movement ecology of pest *Helicoverpa*: implications for ongoing spread. Annual Review of Entomology, 64: 277–295
- Leigh JW, Bryant D. 2015. POPART: full-feature software for haplotype network construction. Methods in Ecology and Evolution, 6(9): 1110–1116
- Lu YH, Jiang YY, Liu J, Zeng J, Yang XM, Wu KM. 2018. Adjustment of cropping structure increases the risk of cotton bollworm outbreaks in China. Chinese Journal of Applied Entomology, 55(1): 19–24 (in Chinese) [陆宴辉, 姜玉英, 刘杰, 曾娟, 杨现明. 2018. 种植业结构调整增加棉铃虫的灾变风险. 应用昆虫学报, 55(1): 19–24]
- Lu YH, Wu KM, Jiang YY, Xia B, Li P, Feng HQ, Wyckhuys KAG, Guo YY. 2010. Mirid bug outbreaks in multiple crops correlated with wide-scale adoption of Bt cotton in China. Science, 328(5982): 1151–1154
- Lu YH, Wyckhuys KAG, Yang L, Liu B, Zeng J, Jiang YY, Desneux N, Zhang W, Wu KM. 2022. Bt cotton area contraction drives regional pest resurgence, crop loss, and pesticide use. Plant Biotechnology Journal, 20(2): 390–398
- Narum SR, Hess JE. 2011. Comparison of  $F_{ST}$  outlier tests for SNP loci under selection. Molecular Ecology Resources, 11: 184–194
- Ren GJ, Liu Q, Gao TX, Yanagimoto T. 2013. Population demography and genetic structure of the fat greenling (*Hexagrammos otakii*) inferred from mtDNA control region sequence analyses. Biochemical Systematics and Ecology, 47: 156–163
- Rich M, Noh E, Wang HH, Greene J, Gilligan T, Reay-Jones FPF, Turnbull M, Zink F. 2023. Field-based recombinase polymerase amplification and lab-based qPCR assays for detection of *Helicoverpa armigera*. Journal of Economic Entomology, 116(3): 973–982
- Rousset F. 2008. Genepop' 007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. Molecular Ecology Resources, 8(1): 103–106
- Rozas J, Ferrer-Mata A, Sánchez-DelBarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins SE, Sánchez-Gracia A. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. Molecular Biology and Evolution, 34(12): 3299–3302
- Wei SJ, Cao LJ, Gong YJ, Shi BC, Wang S, Zhang F, Guo XJ, Wang YM, Chen XX. 2015. Population genetic structure and approximate Bayesian computation analyses reveal the southern origin and northward dispersal of the oriental fruit moth *Grapholita molesta* (Lepidoptera: Tortricidae) in its native range. Molecular Ecology, 24(16): 4094–4111
- Wright S. 1977. (Book review) Evolution and the genetics of populations, volume 3: experimental results and evolutionary deductions. Systematic Botany, 59(6): 815–826
- Wu KM, Guo YY. 1996. Investigations on the migration and diapause in *Helicoverpa armigera*: diapause termination and emergence pattern in *Helicoverpa armigera*. Scientia Agricultura Sinica, 29(1): 15–20 (in Chinese) [吴孔明, 郭予元. 1996. 棉铃虫迁飞与滞育的研究——棉铃虫滞育的解除与羽化形式. 中国农业科学, 29(1): 15–20]
- Wu KM, Guo YY. 2007. Geotype differentiation and regional migratory regularity of *Helicoverpa armigera* in China. Plant Protection, 33(5): 6–11 (in Chinese) [吴孔明, 郭予元. 2007. 棉铃虫种群的地理型分化和区域性迁飞规律. 植物保护, 33(5): 6–11]
- Wu KM, Lu YH, Feng HQ, Jiang YY, Zhao JZ. 2008. Suppression of cotton bollworm in multiple crops in China in areas with Bt toxin-containing cotton. Science, 321(5896): 1676–1678
- Wu YG, Yuan LY, Huang DC, Li YF, Xiao HX, Zhang ZF. 2023. Dynamics monitoring and analysis of genetic polymorphism of overwintering generation of Asiatic pink stem borer *Sesamia inferens* populations in Guangdong rice area. Journal of Plant Protection, 50(5): 1120–1129 (in Chinese) [吴阳刚, 袁龙宇, 黄德超, 李燕芳, 肖汉祥, 张振飞. 2023. 广东省稻区越冬代大螟种群动态监测及遗传多态性差异分析. 植物保护学报, 50(5): 1120–1129]
- Yang XM, Lou H, Sun JT, Zhu YM, Xue XF, Hong XY. 2015. Temporal genetic dynamics of an invasive species, *Frankliniella occidentalis* (Pergande), in an early phase of establishment. Scientific Reports, 5(1): 11877
- Yang XM, Lu YH. 2018. Population genetic structure of *Helicoverpa armigera* in Ningxia, Inner Mongolia and neighboring areas. Chinese Journal of Applied Entomology, 55(1): 25–31 (in Chinese) [杨现明, 陆宴辉. 2018. 基于线粒体DNA的宁夏、内蒙古及周边地区棉铃虫种群遗传结构. 应用昆虫学报, 55(1): 25–31]
- Zhang L, Liang XY, Zhang J, Xiao YT. 2021. Population genetic structure of cotton bollworm *Helicoverpa armigera* in northern China based on complete mitochondrial genomes. Journal of Plant Protection, 48(5): 964–969 (in Chinese) [张磊, 梁馨月, 张纪, 萧玉涛. 2021. 基于线粒体全基因组解析华北地区棉铃虫种群遗传结构. 植物保护学报, 48(5): 964–969]
- Zhou Y, Zhang HW, Wu KM. 2020. Frequency of migration of agricultural pests across the Bohai Sea in northern China and a control strategy for these species. Chinese Journal of Applied Entomology, 57(2): 233–243 (in Chinese) [周燕, 张浩文, 吴孔明. 2020. 农业害虫跨越渤海的迁飞规律与控制策略. 应用昆虫学报, 57(2): 233–243]