



乔艳艳, 吴珍平, 吴洁, 等. 鄱阳湖地区扶桑绵粉蚧寄主植物调查及寄生蜂鉴定[J]. 江西农业大学学报, 2023, 45(5): 1147–1156.

QIAO Y Y, WU Z P, WU J, et al. Host plant investigation and parasitoid identification of mealybug (*Phenacoccus solenopsis*) in Poyang Lake Area[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2023, 45(5): 1147–1156.

鄱阳湖地区扶桑绵粉蚧寄主植物调查 及寄生蜂鉴定

乔艳艳^{1,2}, 吴珍平², 吴洁², 魏洪义^{1*}

(1. 江西农业大学 农学院/昆虫研究所, 江西 南昌 330045; 2. 江西省经济作物研究所, 江西 九江 332100)

摘要:【目的】为明确扶桑绵粉蚧 *Phenacoccus solenopsis* 在鄱阳湖地区发生危害情况, 掌握其寄生性天敌的种类、寄生特点及生态控害功能。【方法】对鄱阳湖周边地区扶桑绵粉蚧及寄生天敌概况进行随机抽样调查, 采用形态学结合 mtCO I 基因序列分析对寄生蜂鉴定分析。【结果】该地区扶桑绵粉蚧发生较为普遍, 寄主植物种类较多, 共涉及 26 科 59 种, 棉花、胡麻等大田经济作物发生较重, 辣椒等部分蔬菜、马齿苋等部分杂草类也是该虫的偏好型寄主; 扶桑绵粉蚧寄生蜂共有 2 科 4 个种, 分别为跳小蜂科的班氏跳小蜂 *Aenasius bambawalei*、南京刷盾跳小蜂 *Cheiloneurus nankingensis*、缘长原跳小蜂 *Prochiloneurus* sp. 和蚜小蜂科的豹纹花翅蚜小蜂 *Marietta picta*, 其中班氏跳小蜂是初级寄生蜂的优势种, 其余 3 种均为重寄生蜂, 而南京刷盾跳小蜂为重寄生蜂的优势种。班氏跳小蜂与南京刷盾跳小蜂的寄生僵蚧所占比例分别为 47.91%、32.89%, 孵化出的寄生蜂分别为 126 头、751 头, 出蜂数占全部寄生蜂总量的 13.26%、79.05%, 且南京刷盾跳小蜂始终伴随班氏跳小蜂的发生而发生, 对后者控害功能具有巨大的干扰作用。通过 Kimura2-Parameter (K_2P) 计算 4 种寄生蜂的 mtCO I 序列的遗传距离为 0.060 2~0.335 5, 总平均遗传距离 0.102 6。【结论】基于鄱阳湖地区扶桑绵粉蚧发生的普遍性, 利用班氏跳小蜂的寄生功能, 是控制扶桑绵粉蚧种群数量的重要方法, 但降低南京刷盾跳小蜂的重寄生干扰, 是发挥班氏跳小蜂生态控害功能的关键。

关键词: 扶桑绵粉蚧; 生物防治; 班氏跳小蜂; 南京刷盾跳小蜂; DNA 条形码

中图分类号: S476.3; Q968

文献标志码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):

文章编号: 1000-2286(2023)05-1147-10



Host Plant Investigation and Parasitoid Identification of mealybug (*Phenacoccus solenopsis*) in Poyang Lake Area

QIAO Yanyan^{1,2}, WU Zhenping², WU Jie², WEI Hongyi^{1*}

(1. College of Agronomy/Institute of Entomology, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China; 2. Jiangxi Industrial Crop Institute, Jiujiang, Jiangxi 332100, China)

Abstract: [Objective] This study aims to confirm the occurrence, distribution and host range of

收稿日期: 2023-07-05 修回日期: 2023-08-26

基金项目: 江西省重点研发计划项目(20203BBF63037)和江西省现代农业产业技术体系项目(JXARS-23)

Project supported by the Key Research and Development Project of Jiangxi Province (20203BBF63037) and Jiangxi Province Modern Agricultural Industrial Technology System Construction Special Project (JXARS-23)

作者简介: 乔艳艳, 副研究员, 博士生, orcid.org/0000-0002-7857-7016, 66842025@qq.com; *通信作者: 魏洪义, 教授, 博士, 博士生导师, 主要从事昆虫化学生态学, orcid.org/0000-0002-9080-1738, hywei@jxau.edu.cn。

the mealybug *Phenacoccus solenopsis* (Hemiptera: Pseudococcidae) and its parasitoids' species, characteristics and control potential in Poyang Lake area. [Method] Random sampling investigations were conducted in the area, the parasitoids of mealybug were identified by the analysis of morphological and mitochondrial cytochrome c oxidase 1 (mtCO I) gene sequence. [Result] The occurrence of the mealybug is common in Poyang Lake area. It has many host plants including 59 species belonging to 26 families. The pest occurs seriously in cotton, flax and other cash crops in the field. Some vegetables such as pepper and some weeds such as purslane were the preferred host plants of the mealybug. The parasitoid wasps of *P. solenopsis* were categorized into 2 families and 4 species, *Aenasius bambawalei*, *Cheiloneurus nankingensis*, *Prochiloneurus* sp. (Hymenoptera: Encyrtidae) and *Marietta picta* (Hymenoptera: Aphelinidae). Among these wasp species, *A. bambawalei* was the primary parasitoid and the dominant taxon while the other three species are hyperparasitoids with a prevalence of *C. nankingensis*. The proportion of the mummy for *A. bambawalei* and *C. nankingensis* was 47.91% and 32.89%, respectively. The number of hatched parasitoid was 126 and 751, accounting for 13.26% and 79.05% of the total number of parasitic wasps. In addition, the occurrence of the two wasps was always accompanied by each other, which had a huge interference on pest control. Kimura2 Parameter (K2P) calculated that the genetic distance of mtCO I sequence of four parasitoids was 0.060 2~0.335 5, and the total average genetic distance was 0.102 6. [Conclusion] Based on the occurrence of mealybug in Poyang Lake area, making full use of the ecological control function of *A. bambawalei* is an important method to prevent the outbreak of *P. solenopsis*. In addition, reducing the interference of hyperparasitoids *C. nankingensis* is the key to exert the ecological function of *A. bambawalei*.

Keywords: *Phenacoccus solenopsis*; biological control; *Aenasius bambawalei*; *Cheiloneurus nankingensis*; DNA barcode

【研究意义】扶桑绵粉蚧 *Phenacoccus solenopsis* (Hemiptera: Pseudococcidae) 最早于 1898 年在美国新墨西哥州公园两种杂草 *Boerhavia spicata* 和 *Kallstroemia brachystylis* 根部的红火蚁 *Solenopsis geminata* 巢穴中被发现并命名^[1-2], 之后近一个世纪在美国各州之间传播, 鲜有报道。1991 年在美国得克萨斯州首次发现扶桑绵粉蚧危害棉花^[3-4]; 21 世纪初期, 通过苗木、接穗及果品的调运等方式迅速蔓延至周边国家和地区。2005 年该虫扩散至亚洲、大洋洲、非洲部分国家^[6-7], 印度、巴基斯坦等主要产棉国受害严重^[8-9]。2008 年 6 月, 我国广州市园林植物扶桑树上首次发现扶桑绵粉蚧危害^[10], 很快入侵我国大部分省份^[11], 危险性综合评价为 0.886^[12]。【前人研究进展】扶桑绵粉蚧是多食性害虫, 截至 2015 年, 危害全球范围内 55 个属的 202 种植物, 包括大田作物、蔬菜、观赏植物、果树甚至杂草^[13]。棉花受害最严重, 其次是秋葵、茄子、番茄、芝麻、向日葵^[14]。天敌是调节和控制害虫种群数量的重要因子, 而寄生蜂在自然条件下控制粉蚧种群数量起着重要作用。报道显示, 康长索跳小蜂 *Anagyrus kamali* 对木槿曼粉蚧 *Maconellicoccus hirsutus* 的寄生率为 66%~100%^[15], 在 26 个非洲国家, 劳氏跳小蜂 *Apoanagyrus lopezi* 成功将木薯绵粉蚧 *Phenacoccus manihoti* 种群密度降低到可接受范围内^[16]。全世界已报到的扶桑绵粉蚧的寄生天敌有 24 种^[14], 而我国报道的扶桑绵粉蚧寄生天敌种类不多, 调查区域较窄。陈华燕等^[17]在广东和海南调查发现, 其寄生蜂有 4 种, 分别是松粉蚧抑虱跳小蜂 *Acerophagus coccois*、班氏跳小蜂 *Aenasius bambawalei*、长崎原长缘跳小蜂 *Prochiloneurus nagasakiensis* 和粉蚧广腹细蜂 *Allotropia* sp.; 李金峰等^[18]在广西地区发现扶桑绵粉蚧寄生蜂 9 种。其中, 班氏跳小蜂是绵粉蚧的伴迁寄生蜂, 是目前大部分地区绵粉蚧的优势寄生蜂, 2~3 龄若虫和雌成虫的寄生率 20%~70%, 也是研究扶桑绵粉蚧天敌防治比较集中的方向。而随着扶桑绵粉蚧入侵时间的推移, 本地天敌的适应能力会随之增强, 天敌种类和数量往往增加^[11]。害虫寄生性天敌的分类鉴定是其人工饲养及生物防治的基础, 不断挖掘与利用寄生蜂资源, 是控制扶桑绵粉蚧种群的主要途径。DNA 条形码技术的发展和普及为物种分类鉴定工作提供了快速有效的研究方法和手段^[19]。该技术主要利用线粒体细胞色素 C 氧化酶亚单位 I (mtCO I) 的特定标准区

域做模板进行物种鉴定,该段基因序列长度适中,相对保守又有足够的变异,且不存在内含子,是蛋白编码基因,便于比对,可通过翻译检测错误,极少出现重组、插入和缺失。最早由Hebert等^[20]利用CO I作为DNA条形码编码的基础,对11个门13 320个物种的mtCO I基因序列进行分析,发现此基片区段能够很好地对被研究物种进行鉴定,对200多个鳞翅目昆虫种类进行DNA条形码识别,鉴定结果认为I基因的特定位点可以成功鉴定每个昆虫个体^[21]。随后,该技术也对逐渐应用到膜翅目寄生性昆虫的鉴定,Zaldívar-Riverón等^[22]利用I对墨西哥Chamela-Cuixmala自然保护区采集到的468个矛茧蜂亚科(Doryctinae)寄生蜂进行了分类研究,Darsouei等^[23]在对伊朗Mashhad梨树果园蚜虫寄生蜂和重寄生蜂展开调查,mtCO I序列的结果与形态鉴定结果一致,张泽源等^[24]利用mtCO I基因对中国不同地区紫薇绒蚧*Acanthococcus*(= *Eriococcus*) *lagerstroemiae*寄生性天敌进行研究,快速、准确鉴定了9种跳小蜂,弥补形态分类学的不足。DNA条形码技术还可以对寄生蜂的隐存种、近缘种、地理分化和寄主转化性的研究^[25-28]。

【本研究切入点】鄱阳湖地区是江西省棉花、芝麻等经济作物的主要种植区,而扶桑绵粉蚧及其天敌在江西省的发生情况尚未有系统的研究报道。【拟解决的关键问题】基于扶桑绵粉蚧对主要经济作物棉花、芝麻等经济作物、蔬菜等的严重威胁,在其尚未产生巨大为害前,明确其在鄱阳湖地区发生、分布情况及寄主范围,准确掌握其寄生天敌的种类及寄生特点,可为充分发挥天敌的生态调控作用,降低杀虫剂的使用量,有效防治绵粉蚧提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 扶桑绵粉蚧及寄主植物的调查方法

分别于2020年8月17—19日、2020年9月6—7日、2021年8月20—21日、2021年9月21—22日在鄱阳湖地区组织扶桑绵粉蚧专项普查共4次,采用随机抽样调查方法,结合目测,调查农田及其周边田埂杂草、城镇主干道及河边绿化带、花草种植基地及其周围区域,重点调查经济作物棉花、芝麻以及花卉、蔬菜、杂草。调查时仔细观察植株各部位,当植株上发现扶桑绵粉蚧若干不同虫态的聚集,即认定该植株为其寄主植物。参考张莉丽等^[29]记载其危害程度,即按虫口密度划分轻发生(+),每m²寄主植物<7.5头;中发生(++):寄主植物上虫量少,每m²寄主植物7.5~45头;重发生(+++),每m²寄主植物>45头。使用元道经纬相机APP拍摄记录寄主植物的为害部位,并记录已确定寄主种名或请相关专家鉴定寄主植物。

1.2 寄生性天敌的采集及形态学鉴定

采集僵硬或变色扶桑绵粉蚧的虫体,装入1.5 mL离心管,带回实验室密闭饲养,每天观察记录寄生性天敌的孵化情况。将羽化的寄生蜂用无水乙醇浸泡,-20℃保存备用。在体视显微镜下观察收集到的标本,参考前人研究结果^[30-31]进行外部形态初步分类。每个调查点不同形态种选取一定的样本用于开展DNA条形码分子鉴定,并对所选样本拍照,便于后期进一步核对。

1.3 寄生蜂DNA条形码鉴定

选则不同调查点不同形态学物种寄生蜂共52头,无菌水冲洗后于滤纸上晾干,使用试剂盒DNeasy Blood & Tissue Kit(Qiagen)提取寄生蜂基因组总DNA,过程严格按照试剂盒说明书操作。凝胶电泳检测DNA质量。将合格的DNA样品-20℃备用,-80℃长期保存。目的mtCO I基因片段扩增选用引物对LCO1490: GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG, HCO2198: TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA^[32]。PCR扩增体系25 μL:2.5 μL 10×Ex Taq Buffer(Mg²⁺ plus),2 μL dNTP混合液,0.5 U Taq DNA聚合酶,正反向引物各5 pmol和2.5 μL DNA模板。PCR扩增反应程序为:95℃预变性3 min,94℃变性30 s,47℃退火45 s,72℃延伸1 min,35个循环;72℃延伸10 min。PCR产物用1%琼脂糖凝胶电泳检测,由上海生工用ABI3730测序仪双向测序完成。所测序列在Genbank中进行Blast,根据序列一致性确定对应物种种名或属名,应用MEGA5计算4种寄生蜂mtCO I基因序列的种内与种间遗传距离,邻接法构建发育树(Neighbour-joining tree)对样品进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 扶桑绵粉蚧的寄主植物

2020—2021 年,在鄱阳湖周边 3 个市级范围的合计 16 个县区共 43 个调查点开展调查,其中有 21 个调查点上发现扶桑绵粉蚧的危害,占调查点的 48.83%,该虫在鄱阳湖地区的发生较为普遍,为害的寄主植物共 26 科 59 种,主要涉及大田作物、杂草、花卉、木本植物等,危害植物种类较多的依次为菊科 Asteraceae、苋科 Amaranthaceae、锦葵科 Malvaceae 和茄科 Solanaceae 等(表 1)。其中,棉花 *Gossypium hirsutum*、胡麻 *Sesamum indicum*、马齿苋 *Portulaca oleracea*、辣椒 *Capsicum annuum*、木槿 *Hibiscus syriacus* 等植物上发生虫口密度较大,属重发生,非洲菊 *Gerbera jamesonii*、藿香蓟 *Ageratum conyzoides*、茄 *Solanum melongena*、番茄 *Lycopersicon esculentum*、黄花稔 *Sida acuta* 和毛马齿苋 *Portulaca pilosa* 等植物上中等发生;其他植物上轻发生或零星发生。

表 1 鄱阳湖周边扶桑绵粉蚧发生及寄主植物

Tab.1 Occurrence and host plants of *P. solenopsis* in Poyang Lake

分类地位 Family	中文名 Chinese name	学名 Species	地点 Location	危害程度 Damage level
菊科 Asteraceae	加拿大一枝黄花	<i>Solidago canadensis</i>	永修	+
	非洲菊	<i>Gerbera jamesonii</i>	德安	++
	豚草	<i>Ambrosia artemisiifolia</i>	德安	+
	藿香蓟	<i>Ageratum conyzoides</i>	永修、新建、鄱阳	++
	鬼针草	<i>Bidens pilosa</i>	德安、湖口	+
	木耳菜	<i>Gynura cusimbua</i>	湖口	+
	小蓬草	<i>Erigeron annuus</i>	湖口	+
	苍耳	<i>Xanthium sibiricum</i>	湖口、都昌	+
	石胡荽	<i>Centipeda minima</i>	鄱阳	+
	鳢肠	<i>Eclipta prostrata</i>	鄱阳	+
	菊芋	<i>Helianthus tuberosus</i>	鄱阳	+
	翅果菊	<i>Pterocypsela indica</i>	都昌、余干、南昌	+
	茄	<i>Solanum melongena</i>	柴桑区、鄱阳	++
苋科 Amaranthaceae	牛膝	<i>Achyranthes bidentata</i>	鄱阳	+
	喜旱莲子草	<i>Alternanthera philoxeroides</i>	德安、湖口、鄱阳	+
	凹头苋	<i>Amaranthus blitum</i>	永修、德安、湖口	+
	反枝苋	<i>Amaranthus retroflexus</i>	鄱阳	+
	苋菜	<i>Amaranthus tricolor</i>	永修、德安	+
	鸡冠花	<i>Celosia cristata</i>	德安	+
锦葵科 Malvaceae	棉花	<i>Gossypium hirsutum</i>	永修、都昌	+++
	咖啡黄葵	<i>Abelmoschus esculentus</i>	永修	+
	木槿	<i>Hibiscus syriacus</i>	永修、德安、都昌	+++
	冬葵	<i>Malva crispa</i>	德安	+
	地桃花	<i>Urena lobata</i>	新建	+
茄科 Solanaceae	辣椒	<i>Capsicum annuum</i>	永修、湖口	+++
	酸浆果	<i>Physalis peruviana</i>	德安	+
	龙葵	<i>Solanum nigrum</i>	德安	+
	番茄	<i>Lycopersicon esculentum</i>	永修	++
	黄花稔	<i>Sida acuta</i>	鄱阳、南昌	++

续表				
分类地位	中文名	学名	地点	危害程度
Family	Chinese name	Species	Location	Damage level
旋花科 Convolvulaceae	蕹菜	<i>Ipomoea aquatica</i>	永修、柴桑	+
	圆叶牵牛	<i>Pharbitis purpurea</i>	德安、湖口、余干、新建区	+
	番薯	<i>Ipomoea batatas</i>	湖口、都昌	+
	三叶裂薯	<i>Ipomoea triloba</i>	新建区	+
葫芦科 Cucurbitaceae	丝瓜	<i>Luffa cylindrica</i>	永修	+
	南瓜	<i>Cucurbita moschata</i>	永修、都昌	+
	西瓜	<i>Citrullus lanatus</i>	德安	+
马齿苋科 Portulacaceae	马齿苋	<i>Portulaca oleracea</i>	柴桑、永修、德安、鄱阳	+++
	毛马齿苋	<i>Portulaca pilosa</i>	柴桑、永修、德安	++
玄参科	陌上菜	<i>Lindernia procumbens</i>	永修	+
Scrophulariaceae	通泉草	<i>Mazus japonicus</i>	德安	+
葡萄科	乌敛梅	<i>Cayratia japonica</i>	永修、柴桑	+
Vitaceae	爬山虎	<i>Parthenocissus tricuspidata</i>	都昌	+
大戟科 Euphorbiaceae	斑地锦	<i>Euphorbia maculata</i>	德安、柴桑	+
桑科 Moraceae	构树	<i>Broussonetia papyrifera</i>	永修	+
鸭跖草科 Commelinaceae	鸭跖草	<i>Commelina communis</i>	德安	+
樟科 Lauraceae	香樟	<i>Cinnamomum camphora</i>	德安	+
茜草科 Rubiaceae	栀子树	<i>Gardenia jasminoides</i>	湖口	+
蔷薇科 Rosaceae	梨树	<i>Pyrus</i> spp.	都昌	+
芸香科 Rutaceae	桔子树	<i>Citrus reticulata</i>	都昌	+
杨柳科 Salicaceae	白杨树	<i>Populus alba</i>	都昌	+
山茶科 Theaceae	茶	<i>Camellia sinensis</i>	都昌	+
商陆科 Phytolaccaceae	垂序商路	<i>Phytolacca americana</i>	新建	+
柳叶菜科 Onagraceae	丁香蓼	<i>Ludwigia prostrata</i>	新建	+
伞形科 Apiaceae	芹菜	<i>Apium graveolens</i>	柴桑	+
胡麻科 Pedaliaceae	胡麻	<i>Sesamum indicum</i>	都昌、余干、南昌	+++
藜科 Chenopodiaceae	藜	<i>Chenopodium album</i>	柴桑	+
仙人掌科 Cactaceae	火龙果	<i>Hylocereus undatus</i>	柴桑	+
紫茉莉科 Nyctaginaceae	三角梅	<i>Bougainvillea</i> spp.	柴桑	+
十字花科 Brassicaceae	芥菜	<i>Capsella bursapastoris</i>	柴桑	+

普查中发现,扶桑绵粉蚧在九江市德安县发生面积较大,寄主种类也最多,其次是上饶市鄱阳县、九江市柴桑区等地。在农田如棉花、胡麻等作物上绵粉蚧的种群数量在不同年份间波动较大,其中2020年度在棉田发生危害明显重于2021年度,而在路边、农户自留地和院内花卉等用药较少的区域其发生动态在年度间变化不大。

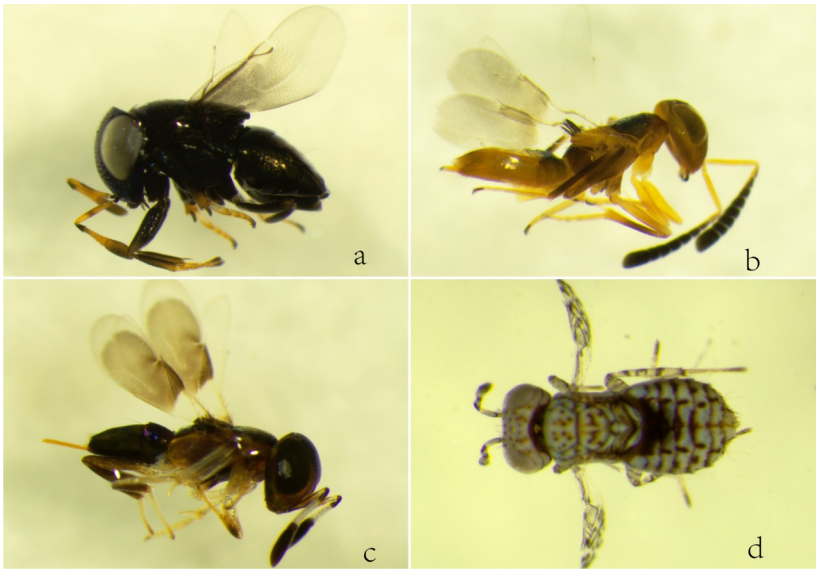
2.2 扶桑绵粉蚧的寄生蜂种类及发生特点

2020—2021年,各调查点田间采集扶桑绵粉蚧僵蚧共500余头,其中顺利出蜂僵蚧383头,孵化出寄生蜂合计950头(表2),根据孵化特点及镜检,初步归为4个形态种。

2.2.1 班氏跳小蜂 *A. bambawalei* (图 1a) 主要形态特征:雌蜂体长约2.1 mm,体黑色,显微镜下具有金属光泽。复眼大,卵圆形。触角棒状,柄节黄褐色,梗节、第1~2索节黑色,第3~6索节、棒节黄褐色至暗褐色,前翅基部褐色,端部透明,后翅全透明。

2.2.2 南京刷盾跳小蜂 *Cheiloneurus nankingensis*(图 1b), 主要形态特征:雌性体长约 1.5 mm,大部分为黄褐色,头部大,深棕色,具有紫色光泽。触角棒状,柄节、梗节、第 1 索节黄褐色,第 2~6 索节、棒节黑色。前足淡黄色。

2.2.3 原长缘跳小蜂 *Prochiloneurus* sp.(图 1c) 主要形态特征:雌蜂体长约 1.6 mm,体大部分呈黑色;触角柄节为淡褐色 梗节深褐色;第 1~5 索节白色,第 6 索节和棒节黑色;前翅基部和端部透明,中间为褐色,后翅透明;产卵器伸出体外部分大于腹部长度的 1/2,为蜡黄色。



a:班氏跳小蜂;b:南京刷盾跳小蜂;c:原长缘跳小蜂;d:豹纹花翅蚜小蜂。(放大倍数依次为 16 倍、22 倍、25 倍、36 倍)。
a:*A.bambawalei*;b:*C.nankingensis*;c:*Prochiloneurus* sp.;d:*M. picta*. (The sequence of enlarge times is 16, 22, 25, 36).

图 1 扶桑绵粉蚧的寄生蜂与重寄生蜂

Fig.1 The parasitoids and hyperparasitoids of *P. solenopsis*

2.2.4 豹纹花翅蚜小蜂 *Marietta picta*(图 1d) 主要形态特征:雌蜂体长约 1.0 mm,身体和前翅具暗色和淡色斑纹,呈豹纹状。头部背面宽约等于胸部宽。复眼大,光滑无毛。

表 2 不同取样地扶桑绵粉蚧寄生性天敌种类及孵化数量

Tab.2 Species and quantity of parasitoids of *P. solenopsis* in different sampling area

取样地 Sampling area	出蜂僵蚧 Mummy	出蜂种类及数量 Species and Quantity of parasitoids				
		班氏跳小蜂	南京刷盾跳小蜂	原长缘跳小蜂	豹纹花翅蚜小蜂	总数
		<i>A. bambawalei</i>	<i>C. nankingensis</i>	<i>Prochiloneurus</i> sp.	<i>M. picta</i>	Total
柴桑 Chaisang	282	79	553	66	7	705
湖口 Hukou	49	29	73	0	0	102
永修 Yongxiu	7	2	22	0	0	24
余干 Yugan	7	0	24	0	0	24
鄱阳 Poyang	15	5	33	0	0	38
都昌 Duchang	5	2	23	0	0	25
新建 Xinjian	2	1	4	0	0	5
南昌 Nanchang	16	8	19	0	0	27
合计 Total	383	126	751	66	7	950

2.2.5 寄生蜂的寄生与孵化特征 *A. bambawalei*、*Prochiloneurus* sp. 和 *M. picta* 为扶桑绵粉蚧的单寄生蜂,每头僵蚧只孵化出 1 头寄生蜂;而 *C.nankingensis* 为群寄生蜂,每头僵蚧最少孵化 1 头寄生蜂,大部分僵蚧孵化 2 头及以上,最多孵化 15 头,雌雄比大于 2:1。由表 2 可知,刷盾跳小蜂和班氏跳小蜂为优势种,二者寄生的僵蚧所占比例分别为 47.91%、32.89%,孵化出的寄生蜂分别为 751 头、126 头,出蜂数占全部寄生蜂总量的 79.05%、13.26%,这 2 种蜂分布也最广;原长缘跳小蜂寄生的僵蚧所占比例为 17.23%,总

出蜂率 6.95%,豹纹花翅蚜小蜂的寄生的僵蚧比例为 1.83%,出蜂率仅为 0.74%,这 2 种寄生蜂仅在九江市柴桑区采集到,主要于 9 月中下旬出现,而班氏跳小蜂与刷盾跳小蜂则伴随着绵粉蚧的出现而出现,寄生时间生态位较长。

2.3 寄生蜂的分子鉴定

从表 2 中选取不同地区不同形态种类的寄生蜂共 52 头,成功提取 DNA 47 条,通用引物 PCR 扩增 mtCO I 基因序列,于 Genebank 中进行 blasts 搜索,MEGA5 中进行 Clustal 多重序列比对,计算碱基组成、变异位点等,用 Kimura2-Parameter(K2P)计算序列遗传距离并构建 NJ 树,结果显示:47 条 DNA 序列聚类为 4 个分支,与形态学初步分类结果一致(图 2)。

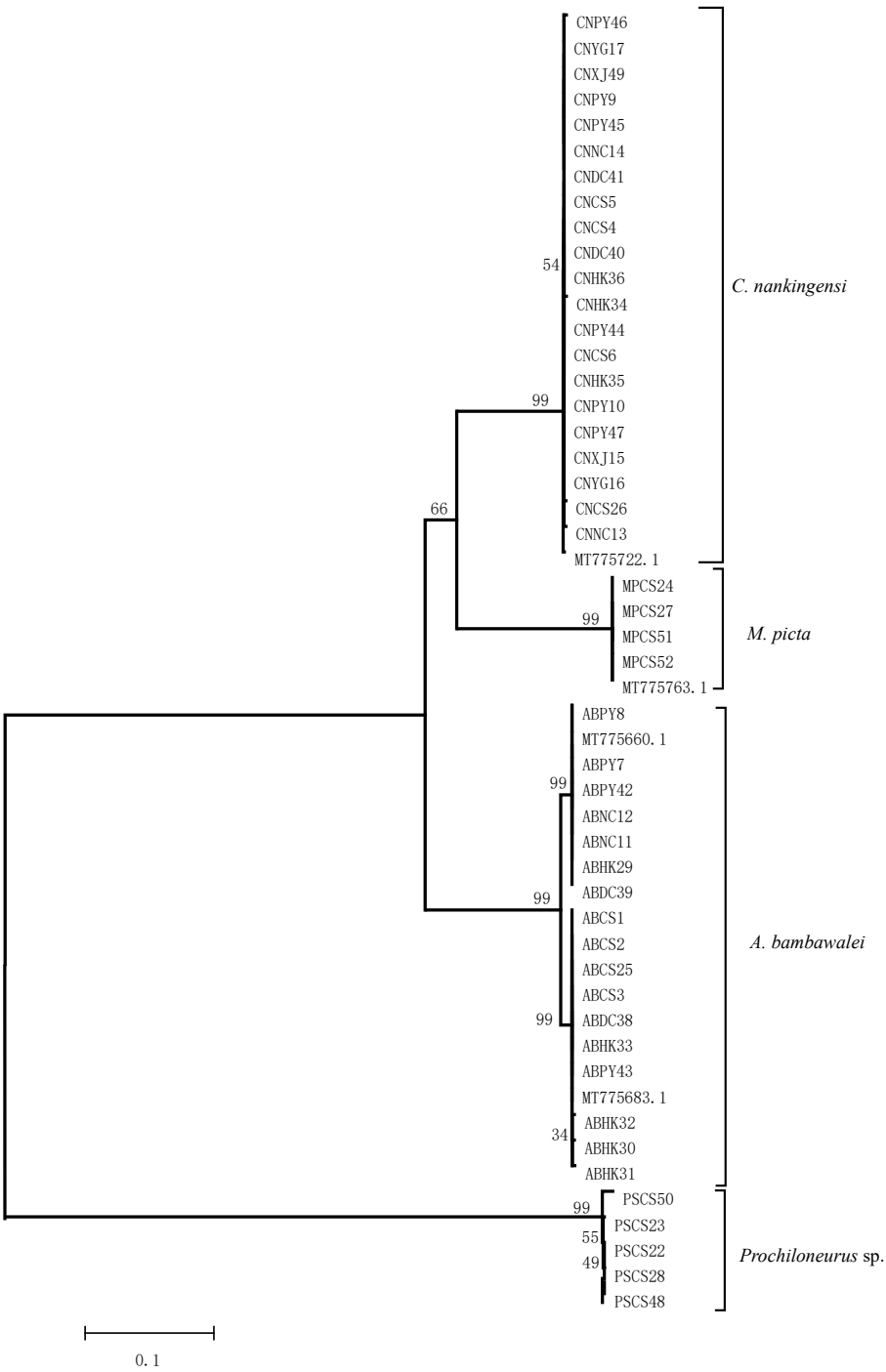


图2 基于寄生蜂和重寄生蜂 mtCO I 基因序列的 NJ 树

Fig.2 Neighbour-joining tree of parasitoids and hyperparasitoids mtCO I sequences, using Kimura-2-parameter distance.

Bootstrap values 100 for each haplogroup were calculated in MEGA4.0 with 1 000 replicates

17条mtCO I 基因序列比对截齐后获得609 bp长度的序列,所测序列的保守位点596个,变异位点13个,其中简约信息位点10个,单一变异位点3个;序列中A、T、C、G平均含量为27.5%、42.3%、12.1%、18.1%,A+T含量69.8%,偏倚A/T。17条序列与Genebank中序列号为MT775660.1和MT775683.1的线粒体CO I 基因序列同源性都高于98.3%以上,聚为一支,鉴定为班氏跳小蜂,是扶桑绵粉蚧的优势寄生蜂,种内遗传距离为0~0.016 0,平均遗传距离0.007 7;21条mtCO I 基因序列比对截齐后获得609 bp,所测序列保守位点604个,变异位点5个,其中简约信息位点0个,单一变异位点5个;序列中A、T、C、G平均含量为26.7%、45.3%、12.8%、15.1%,A+T含量72%,偏倚A/T。21条序列与Genebank中序列号为MT775722.1的线粒体CO I 基因序列同源性都高于99.68%以上,聚为一支,鉴定为南京刷盾跳小蜂,是一种重寄生蜂^[33-34],种内遗传距离为0~0.003 5,平均遗传距离0.000 8;4条mtCO I 基因序列比对截齐后获得609 bp,所测序列保守位点609个,变异位点0个;序列中A、T、C、G平均含量为28.9%、47.1%、11%、13%,A+T含量76%,偏倚A/T。4条序列与Genebank中序列号MT775763.1的线粒体CO I 基因序列同源性都高达100%,聚为一支,鉴定为豹纹花翅蚜小蜂,是一种重寄生蜂^[33],种内遗传距离为0;5条形态学为*Prochilonurus* sp的寄生蜂mtDNA CO I 基因序列比对截齐后获得652 bp,所测保守位点644个,变异位点8个,其中简约信息位点0个,单一变异位点8个;序列中A、T、C、G平均含量为28.4%、44.8%、14.7%、12.1%,A+T含量73.2%,偏倚A/T;种内序列同源性高于99.2%,种内遗传距离0~1.106,平均遗传距离0.004 2,该组在Genebank中未找到与之匹配的物种,该属种类主要重寄生于半翅目蚧科、粉蚧科的部分跳小蜂上^[35]。

3 讨论与结论

扶桑绵粉蚧是一类自身迁移能力较弱的害虫,能够于20年间在全球大范围传播危害,主要与不同地域间种子、苗木、花卉等的频繁调运、绵粉蚧寄主范围广、自身适生性强有关。此次调研发现,扶桑绵粉蚧在江西省鄱阳湖地区发生已较为普遍,关注的各类生境中都有发生,寄主植物涉及大田作物、花卉、园林植物、杂草等多种类别,其中除2019年在部分棉花种植区域较发生较重外,尚未大面积发生。即仅个别年份的个别田块及地段发生较重,其余调查点均呈点状分布而非成片,散落分布于村庄自留地、路边杂草、家养花卉等化学防治比较薄弱的区域,但存在向周边农田扩散的风险。该害虫尚未在鄱阳湖地区爆发成灾,分析很可能与该虫的寄生蜂天敌有关。

在调研过程中,发现粉蚧危害的调查点,均能采集到被寄生的僵蚧,而且这些僵蚧大部分都成功孵化出寄生蜂。经过形态学初步分类结合DNA条形码分子鉴定,共发现4种寄生蜂,其中班氏跳小蜂为初级寄生蜂,也是优势寄生蜂,其余3种蜂为重寄生蜂。虽然全世界已报道的扶桑绵粉蚧寄生性天敌数量超过24种^[14],很可能有部分种类为重寄生蜂,被误认为是寄生蜂。随着研究的不断深入,部分种类的寄生关系已被重新确认,如本研究中的刷盾跳小蜂,李金峰等^[18]在对广西绵粉蚧寄生蜂种类调查研究中曾认定其为绵粉蚧的优势寄生蜂,而陈华燕等^[17]对南方9省粉蚧寄生蜂研究后,将其修正为扶桑绵粉蚧重寄生蜂的优势种,该蜂由Li等^[34]将其描述并命名为南京刷盾跳小蜂*Cheiloneurus nankinensis*,并证实其寄生于扶桑绵粉蚧的初级寄生蜂班氏跳小蜂,且其为群寄生蜂,每只僵蚧孵化2头以上的后代,最长达18头后代,本文调查结果与上述研究结果一致。在整个调研过程中,该蜂几乎都伴随班氏跳小蜂的出现而出现,甚至孵化出该蜂的僵蚧率(47.91%)高于孵化出班氏跳小蜂寄的僵蚧率(32.89%),远远高于另外2种重寄生蜂豹纹花翅蚜小蜂(0.74%)和原长缘跳小蜂(1.83%)的寄生蜂僵蚧率,在江西余干地区,采集的僵蚧则只孵化出南京刷盾跳小蜂,说明南京刷盾跳小蜂对班氏跳小蜂的种群繁衍存在较大威胁,对其生防控害功能起到巨大的干扰作用。因此,研究南京刷盾跳小蜂、班氏跳小蜂和扶桑绵粉蚧三者之间的相互作用,阻断其对班氏跳小蜂的寄生影响,将是发挥班氏跳小蜂生防功能的关键环节,有必要深入研究。

本研究利用形态学与DNA分子鉴定相结合,清晰准确的将3种膜翅目昆虫鉴定到种,且与Genebank中的物种序列同源性高于98%以上,但仍有一种重寄生蜂mtCO I 基因序列无法在Genbank中获得相似序列,主要原因是Genebank中收录的mtCO I 基因的物种数量相对自然界生物种类还十分有限,这也是DNA条形码在物种鉴定应用的局限之一。

致谢:中国科学院动物研究所张彦周副研究员在部分寄生蜂形态学分类方面给予了帮助,谨致谢意!

参考文献 References:

- [1] TINSLEY J B. An ants' nest coccid from New Mexico[J]. Canadian entomologist, 1898, 30(2): 47-48.
- [2] TINSLEY J D. Notes on coccidae, with descriptions of new species[J]. Canadian entomologist, 1898, 30: 317-320.
- [3] FUCHS T W, STEWART J W, MINZENMAYER R, et al. First record of *Phenacoccus solenopsis* tinsley in cultivated cotton in the United States[J]. Southwestern entomologist, 1991, 16(3): 215-221.
- [4] WANG Y P, WATSON G W, ZHANG R Z. The potential distribution of an invasive mealybug *Phenacoccus solenopsis* and its threat to cotton in Asia[J]. Agricultural and forest entomology, 2010, 12(4): 403-416.
- [5] HODGSON C J, ABBAS G, ARIF M J, et al. *Phenacoccus solenopsis* tinsley sternorrhyncha: Coccoidea: Pseudococcidae, an invasive mealybug damaging cotton in Pakistan and India, with a discussion on seasonal morphological variation[J]. Zootaxa, 2008, 1913: 1-35.
- [6] ABBAS G, ARIF M J, SAEED S. Systematic status of a new species of the genus *Phenacoccus* Cockerell (Pseudococcidae), a serious pest of cotton, *Gossypium hirsutum* L., in Pakistan[J]. Pakistan entomologist, 2005, 1: 83-84.
- [7] MARK P C, PENNY J G. A new pest of tomato and other records of mealybugs (Hemiptera: Pseudococcidae) from Espírito San to Brazil[J]. Zootaxa, 2005, 964(1): 1-8.
- [8] YOUSUF M, TAYYIB M, SHAZIA S. Mealybug problem on cotton in Pakistan[J]. Pakistan entomologist, 2007, 29: 49-50.
- [9] AKINTOLA A J, ANDE A T. First record of *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae) on *Hibiscus rosa-sinensis* in Nigeria[J]. Agricultural journal, 2008, 3(1): 1-3.
- [10] 武三安, 张润志. 威胁棉花生产的外来入侵新害虫: 扶桑绵粉蚧[J]. 昆虫知识, 2009, 46(1): 159-162.
WU S A, ZHANG R Z. A new invasive pest, *Phenacoccus solenopsis*, threatening seriously to cotton production[J]. Chinese bulletin of entomology, 2009, 46(1): 159-162.
- [11] 王玉生. 扶桑绵粉蚧在中国的地理分布与遗传结构及其寄生蜂的地理分布格局研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2019.
WANG Y S. Distribution pattern and genetic structure of *Phenacoccus Solenopsis* tinsley and distribution pattern of its parasitoid wasps in China[D]. Beijing: Chinese academy of agricultural sciences dissertation, 2019.
- [12] 王艳平, 武三安, 张润志. 入侵害虫扶桑绵粉蚧在中国的风险分析[J]. 昆虫知识, 2009, 46(1): 101-106.
WANG Y P, WU S A, ZHANG R Z. Pest risk analysis of a new invasive pest, *Phenacoccus solenopsis*, to China[J]. Chinese bulletin of entomology, 2009, 46(1): 101-106.
- [13] FAND B B, SUROSHE S S. The invasive mealybug *Phenacoccus solenopsis* Tinsley, a threat to tropical and subtropical agricultural and horticultural production systems—a review[J]. Crop protection, 2015(69): 34-43.
- [14] TONG H J, YAN A O, LI Z H, et al. Invasion biology of the cotton mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley: current knowledge and future directions[J]. Journal of integrative agriculture, 2019, 18(4): 758-770.
- [15] MANY M. A review of the pink mealybug *Maconellicoccus hirsutus* (Green) [J]. International journal of tropical insect science, 1989, 10(2): 157-167.
- [16] NEUENSCHWANDER P. Biological control of the cassava Mealybug in Africa: a review[J]. Biological control, 2001, 21(3): 214-229.
- [17] 陈华燕, 何娜芬, 郑春红, 等. 广东和海南扶桑绵粉蚧的天敌调查[J]. 环境昆虫学报, 2011, 33(2): 269-272.
CHEN H Y, HE L F, ZHENG C H, et al. Survey on the natural enemies of mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (hemiptera: pseudococcidae) from Guangdong and Hainan, China[J]. Journal of environmental entomology, 2011, 33(2): 269-272.
- [18] 李金峰, 邓军, 陈华燕, 等. 广西扶桑绵粉蚧寄生蜂发生情况调查[J]. 南方农业学报, 2020, 51(4): 853-861.
LI J F, DENG J, CHEN H Y, et al. Investigation on the occurrence of parasitic wasps of *Phenacoccus solenopsis* Tinsley in Guangxi[J]. Journal of southern agriculture, 2020, 51(4): 853-861.
- [19] FREZAL L, LEBLOIS R. Four years of DNA barcoding: current advances and prospects[J]. Infection genetics and evolution, 2008, 8(5): 727-736.
- [20] HEBERT P D N, CYWINSKA A, BALL S L. Biological identifications through DNA barcodes[J]. Proceedings: biological sciences, 2003, 270: 313-321.

- [21] HEBERT P D N, RANTNASINGHAM S, DEWAARD J R. Barcoding animal life: cytochrome oxidase subunit 1 divergences among closely related species[J]. *Proceedings: biological sciences*, 2003, 270: 96-99.
- [22] ZALDIVAR-RIVERON A, MARTINEZ J J, CECCARELLI F S, et al. DNA barcoding a highly diverse group of parasitoid wasps (braconidae: doryctinae) from a Mexican nature reserve[J]. *Mitochondrial DNA*, 2010, 21(S1): 18-23.
- [23] DARSOUEI R, KARIMI J, MODARRES-AWAL M. Parasitic wasps as natural enemies of aphid populations in the Mashhad region of Iran: New data from DNA barcodes and SEM[J]. *Archives of biological sciences*, 2011, 63(4): 1225-1234.
- [24] 张泽源, 秦耀光, 李枢强. 应用DNA条形码技术鉴别寄生紫薇绒蚧的跳小蜂[J]. *四川动物*, 2018, 37(4): 406-414.
ZHAG Z Y, QIN Y G, LI S Q. Application of DNA barcoding in identification of encyrtid parasitoids of *Acanthococcus* (= *Eriococcus*) *lagerstroemiae* [J]. *Sichuan journal of zoology* 2018, 37(4): 406-414.
- [25] BUCK M, COBB T P, STAHLHUT J K, et al. Unravelling cryptic species diversity in eastern Nearctic paper wasps, *Polistes* (*Fuscopolistes*), using male genitalia, morphometrics and DNA barcoding, with descriptions of two new species (Hymenoptera: Vespidae) [J]. *Zootaxa*, 2012, 3502: 1-48.
- [26] ZHOU M J, XIAO J H, BIAN S N, et al. Molecular approaches identify known species, reveal cryptic species and verify host specificity of Chinese *Philotrypesis* (Hymenoptera: Pteromalidae) [J]. *Molecular ecology resources*, 2012, 12(4): 598-606.
- [27] SANTOS A M C, BESNARD G, QUICKE D L J. Applying DNA barcoding for the study of geographical variation in host-parasitoid interactions [J]. *Molecular ecology resources*, 2015, 11(1): 46-59.
- [28] ZHOU Q S, POLASZEK A, WANG Y, et al. Parasitoid-host associations of the genus *Coccophagus* (Hymenoptera: Aphelinidae) in China [J]. *Zoological journal of the linnean society*, 2017(1): 1-12.
- [29] 张莉丽, 林丹, 王道泽, 等. 杭州地区扶桑绵粉蚧危害调查及系统进化分析[J]. *生物安全学报*, 2016, 25(2): 127-132.
ZHANG L L, LIN D, WANG D Z, et al. Infestation and phylogenetic study of an invasive mealybug *Phenacoccus solenopsis* in Hangzhou [J]. *Journal of biosafety*, 2016, 25(2): 127-132.
- [30] 徐志宏, 黄建. 中国介壳虫寄生蜂志 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2004: 415-416.
XU Z H, HANG J. Parasitoid wasps of Chinese mealybug [M]. Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 2004: 415-416.
- [31] 时振亚, 申效诚. 寄生蜂鉴定 [M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1995: 172-259.
SHE Z Y, SHEN X C. Identification of parasitoid wasps [M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 1995: 172, 259.
- [32] ZHANG Y Z, SI S L, ZHENG J T, et al. DNA barcoding of endoparasitoid wasps in the genus *anicetus* reveals high levels of host specificity (Hymenoptera: Encyrtidae) [J]. *Biological control*, 2011, 58(3): 182-191.
- [33] CHEN H Y, LI H L, PANG H, et al. Investigating the parasitoid community associated with the invasive mealybug *Phenacoccus solenopsis* in southern China [J]. *Insects*, 2021, 12(4): 290-301.
- [34] LI Z, YAO T, XU Z, et al. A new species of *Cheiloneurus* Westwood (Hymenoptera, Encyrtidae) as a hyperparasitoid of the invasive cotton mealybug *Phenacoccus solenopsis* Tinsley, in China [J]. *ZooKeys*, 2020, 974: 23-29.
- [35] 杨泽宁, 张辰, 祖国浩, 等. 原长缘跳小蜂属 (*Prochiloneurus*, 膜翅目: 跳小蜂科) 1 中国新记录 [J]. *东北林业大学学报*, 2019, 47(11): 123-124.
YANG Z N, ZHANG C, ZU G H, et al. One new record species of *Prochiloneurus* (Hymenoptera: Encyrtidae) from China [J]. *Journal of northeast forestry university*, 2019, 47(11): 123-124.