

烟粉虱复合种不同地理种群的遗传分化

褚栋^{1,2}, 刘国霞¹, 范仲学¹, 陶云荔¹, 张友军²

(¹山东省农业科学院高新技术研究中心, 济南 250100; ²中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要: 烟粉虱 *Bemisia tabaci*(Gennadius) 是由具有遗传分化的不同地理种群组成的复合种。本文介绍了烟粉虱不同地理种群遗传分化的最新研究进展, 并在世界各国对烟粉虱核糖体 ITS1 (rDNA ITS1)、线粒体 COI (mtDNA COI) 基因大量测序的基础上, 进一步分析了烟粉虱不同地理种群的遗传分化。根据 mtDNA COI 和 rDNA ITS1 基因序列分析的结果, 烟粉虱不同地理种群可分为 5 组, 即亚洲组 (Asia group)、美洲组 (America group)、非洲组 (Africa group)、澳洲组 (Australia group)、B 型/地中海/中东/北非/Ms 型组 (Biotype B/Mediterranean/Middle Eastern/Northern Africa/Biotype Ms group); 此外, 还包括 3 个没有特定组的种群, 即乌干达 (Uganda)、科特迪瓦 (Ivory Coast 和台湾 (Taiwan) 种群。地理隔离可能是造成烟粉虱不同地理种群遗传分化的最重要驱动力。许多具有入侵性或生物学优势的烟粉虱种群随着人类活动而传入新的地区, 造成了严重的经济损失。有必要加强烟粉虱生物型的监测, 遏制已入侵烟粉虱种群的蔓延, 防止新的具有潜在危险性的烟粉虱种群传入中国。

关键词: 烟粉虱; 地理种群; mtDNA COI; rDNA ITS1; 遗传分化

Genetic Differentiation of Different Geographical Populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) Complex

CHU Dong^{1,2}, LIU Guo-xia¹, FAN Zhong-xue¹, TAO Yun-li¹, ZHANG You-jun²

(¹High-tech Research Center, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100; ²Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: *Bemisia tabaci*(Gennadius) is a species complex which includes different geographical populations with genetic differentiation. The recent progress on the genetic differentiation of various geographical populations of *B.tabaci* complex has been introduced. The genetic differentiation has been further analyzed based on the sequences of mtDNA COI and rDNA ITS1 recorded in the world's GenBank. Five groups are defined based on mtDNA COI and rDNA ITS1, including the Asia group, America group, Africa group, Australia group and Biotype B/Mediterranean/Middle Eastern/Northern Africa/Biotype Ms group. There are several ungrouped geographical classifications, such as the Uganda population, Ivory Coast population and Taiwan population. Geographical isolation may be the most important factor that contributed to the genetic differentiation of various geographical populations of *B.tabaci*. Many populations with biological advantages invaded new regions and caused severe economic losses within human activity. It is necessary to strengthen the research of *B.tabaci* biotype to prevent the spread of invaded populations and the invasion of potentially dangerous populations.

Key words: *Bemisia tabaci* (Gennadius); Geographical populations; mtDNA COI; rDNA ITS1; Genetic differentiation

0 引言

烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius) 是一种世界性重要害虫, 给农业生产造成了巨大的经济损失^[1]。根

据不同地理种群在寄主范围、危害习性、传毒能力等生物学的差异, 烟粉虱可分为不同的生物型。截至 2001 年, 至少确定了 24 个生物型, 许多烟粉虱种群的生物型尚未确定, 其中 B 型烟粉虱是一种世界性的

收稿日期: 2005-09-14; 接受日期: 2006-06-29

基金项目: 国家重点基础研究发展计划资助项目(2002CB111400); 国家自然科学基金资助项目(30500331); 北京市自然科学基金资助项目(6062024)

作者简介: 褚栋(1977-), 男, 山东枣庄人, 副研究员, 博士, 研究方向为入侵生物学与分子生态学。E-mail: chudong1977@hotmail.com。通讯作者张友军(1968-), 男, 湖南安乡人, 研究方向为入侵生物学与害虫抗药性。Tel: 010-68919518; E-mail: zhangyj@mail.caas.net.cn

入侵害虫, 现在几乎全世界均有分布^[2]。Bellows 等^[3]认为 B 型烟粉虱是 1 个新种, 并命名为银叶粉虱 *Bemisia argentifolii* Bellows & Perring。然而, 近 10 年对世界范围内烟粉虱不同种群遗传变异的研究表明, 烟粉虱是由许多具有遗传分化的不同地理种群或生物型组成的复合种 (species complex), B 型烟粉虱只是其中的 1 个生物型^[4-8]。烟粉虱复合种内的生物型在形态上很难区分, 但在 DNA 水平上具有明显的遗传分化。

本文介绍了烟粉虱不同地理种群遗传分化的最新研究进展, 并在世界各国对烟粉虱核糖体 ITS1 (rDNA ITS1)、线粒体 COI (mtDNA COI) 大量测序的研究基础上, 进一步分析了烟粉虱复合种不同地理种群的遗传分化。这对于全面摸清烟粉虱不同地理种群或生物型 (尤其外来生物型) 的分布、遗传分化及亲缘关系具有重要的意义, 对于已入侵或具有潜在入侵性的烟粉虱生物型监测、从原产地引进天敌、借鉴有效防治措施等具有重要的指导作用。

1 烟粉虱不同地理种群遗传分化研究进展

目前, 已用于烟粉虱生物型遗传分化分析的分子标记包括酯酶标记^[9]和 RAPD (random amplified polymorphic DNA)^[10,11]、AFLP (amplified fragment length polymorphism)^[12,13]、核糖体 ITS1 (rDNA ITS1)^[7]、线粒体 16S rDNA^[4]、线粒体 COI (mtDNA COI)^[4-6]等 DNA 分子标记。

最早, Guirao 等^[10]利用 RAPD 研究发现烟粉虱种群可分为美国 A 型、巴基斯坦-印度-土耳其、B 型和西班牙非 B 型 (Q 型, 参 Moya 等^[14]) 4 支。Cervera 等^[12]根据 AFLP 的结果将烟粉虱种群分为近东-印度次大陆、西班牙 B 型-西班牙 Q 型-尼日利亚 (豇豆种群)、新大陆 A 型、西班牙 S 型-尼日利亚 (木薯种群) 4 支。利用酯酶电泳分析表明^[9], 烟粉虱包括美洲 (含美国 A 型、墨西哥种群)、B 型和非洲贝宁 3 支。这些结果初步表明, 烟粉虱是由具有一定遗传分化的不同地理种群组成。除 B 型烟粉虱广泛分布于世界各地外, 其它烟粉虱不同种群具有一定的地理分布模式, 尤其是近年来 rDNA ITS1、mtDNA COI 分子标记的广泛应用, 这种特征变得日益清晰。

Frohlich 等^[4]利用 mtDNA COI 基因序列分析的结果表明, 烟粉虱种群包括新大陆、B 型、贝宁、印度、苏丹 L 型 5 个平行的姊妹支。Kirk 等^[5]利用该基因序

列进一步研究表明, 烟粉虱种群包括 5 支, 除了上述 B 型、新大陆、印度次大陆 3 支外, 苏丹 L 型与西班牙 Q 型聚为 1 支, 中国、泰国以及巴基斯坦聚为远东-东南亚支。根据 mtDNA COI 序列遗传分化, Brown^[6]将烟粉虱种群分为 6 支, 即在 Kirk 等^[5]研究结果上增加了非洲支, 同时将苏丹 L 型与西班牙 Q 型视为中东/非洲支。De Barro 等^[7]对世界各地 31 个种群的 rDNA ITS1 研究结果和上述利用 mtDNA COI 的研究结果基本一致, 将烟粉虱分为贝宁 (E 型)-西班牙 (S 型)、澳大利亚、亚洲 1、亚洲 2、美洲、北非/地中海 (B 型和非 B 型) 共 6 支。随后, 世界各地的研究人员对烟粉虱遗传分化进行了更为广泛的分析, 这些研究常侧重于局部地区烟粉虱种群的系统发育关系^[15-17]。

最近, De Barro 等^[8]为了避免烟粉虱种群 (population)、生物型 (biotype) 以及分支 (clade) 等概念的混乱, 采用 Mallet^[18]的种族 (race) 概念来表示这些在遗传上可以区分但在分类学上尚存在问题的群体 (group); 通过 rDNA ITS1 分子标记研究表明, 烟粉虱分为 6 个主要的种族, 即亚洲、巴厘、澳洲、撒哈拉以南非洲、地中海/亚细亚/非洲、新大陆种族; 同时, 尚有大量的亚洲基因型和上述种族不同, 并以较低的自展支持率 (64%) 聚为 1 支。

2 基于 rDNA ITS1 和 mtDNA COI 序列的烟粉虱遗传分化分析

De Barro 等^[8]采用 mtDNA COI 和 rDNA ITS1 两种分子标记分析的烟粉虱种群数量有限。同时, 世界各地的研究人员对局部地区的烟粉虱不同地理种群的 rDNA ITS1 或 mtDNA COI 基因片段进行了大量的测序并进行了系统发育分析^[15-17], 近年来中国许多学者在这方面也做了大量的工作^[19-22], 发现了许多新的非 B 型烟粉虱。这为全面系统的了解世界各地烟粉虱种群的遗传分化奠定了基础。笔者从 GenBank 中分别下载烟粉虱所有地理种群的 rDNA ITS1、mtDNA COI 序列。用 Clustal W 多序列对位排列程序将中国烟粉虱不同地理种群和国外种群进行对位排列, 并辅以人工校对。用 MEGA3.0 软件^[23], 根据 Kimura 2-paramter 模型计算出烟粉虱不同地理种群及不同生物型的进化分歧矩阵 (当同一地理种群存在序列相似度 99% 以上时, 则选取其中一条), 并采用非加权配对算数平均法 (UPGMA) 构建系统树 (以温室白粉虱 *Trialeurodes vaporariorum* 相应序列为外群), 系统树各分支的置信度 (Bootstrap) 均进行 500 次的重复检验。

2.1 基于 rDNA ITS1 序列对烟粉虱不同地理种群遗传分化分析

截至 2005 年 10 月, GenBank 中烟粉虱 rDNA

ITS1 595 bp 以上序列共有 124 条, 根据当同一地理种群存在序列相似度 99% 以上时选取其中一条的原则,

本研究中使用 59 条 (如表 1); 基于 rDNA ITS1 序列

表 1 世界各地烟粉虱代表地理种群的 rDNA ITS1 基因序列 (外群: 白粉虱 *T.vaporariorum* rDNA ITS1 AY854055)

Table1 The sequences of rDNA ITS1 of *B.tabaci* typical populations (out group: *T.vaporariorum* rDNA ITS1 AY854055)

地理种群 Geographic populations	GenBank 登录号 GenBank No.	生物型 Biotype	编号 Code
澳大利亚 Bundaberg, Australia	AF215984	NB	AustraliaBundabergAF215984NB
	AF215985	NB	AustraliaBundabergAF215985NB
澳大利亚 Kunnunurra, Australia	AF215896	NB	AustraliaKunnunurraAF215896NB
澳大利亚 Narrabri, Australia	AF215898	B	AustraliaNarrabriAF215898B
澳大利亚 Toowoomba, Australia	AF215899	B	AustraliaToowoombaAF215899B
澳大利亚 Townsville, Australia	AF215993	B	AustraliaTownsvilleAF215993B
孟加拉国 Bangladesh	AF215994	NB	BangladeshAF215994NB
	AF215995	NB	BangladeshAF215995NB
	AF215996	NB	BangladeshAF215996NB
贝宁 Benin	AF215997	NB	BeninAF215997NB
	AF215999	NB	BeninAF215999NB
巴西 Brazil	AF216008	B	BrazilAF216008B
	AF216010	B	BrazilAF216010B
福建 Fujian, China	AF509596	NB	ChinaFuJianAF509596 NB
广东 Guangdong, China	AY764369	B	ChinaGuangDongAY764369B
	AY764370	B	ChinaGuangDongAY764370B
广西 Guangxi, China	AF509593	NB	ChinaGuangXiAF509593NB
海南 Hainan, China	AY764374	NB	ChinaHaiNanAY764374NB
山东 Shandong, China	AF509594	B	ChinaShanDongAF509594B
上海 Shanghai, China	AY764375	B	ChinaShangHaiAY764375B
台湾 Taiwan, China	AF216058	NB	ChinaTaiWanAF216058NB
	AF216060	NB	ChinaTaiWanAF216060NB
	AY764386	NB	ChinaTaiWanAY764386NB
新疆 Xinjiang, China	AY764376	B	ChinaXinJiangAY764376B
浙江 Zhejiang, China	AY854060	Unknown	ChinaZheJiangAY854060
哥伦比亚 Colombia	AF216011	NB	ColombiaAF216011NB
哥斯达黎加 Costa Rica	AF216012	NB	CostaRicaAF216012NB
	AF216014	NB	CostaRicaAF216014NB
埃及 Egypt	AF216015	NB	EgyptAF216015NB
印度北部 Northern India	AF216019	NB	IndiaNorthAF216019NB
	AF216021	NB	IndiaNorthAF216021NB
印度南部 Southern India	AF216022	NB	IndiaSouthAF216022NB
	AF216024	NB	IndiaSouthAF216024NB
伊朗 Iran	AF216025	B	IranAF216025B
以色列 Israel	AY854056	NB	IsraelAY854056NB
	AY854058	NB	IsraelAY854058NB
韩国 Korea	AF216034	NB	KoreaAF216034NB
瑙鲁 Nauru	AF216035	NB	NauruAF216035NB
尼泊尔 Nepal	AF216039	NB	NepalAF216039NB
	AF216040	NB	NepalAF216040NB
尼日利亚 Nigeria	AF216042	NB	NigeriaAF216042NB
	AF216043	NB	NigeriaAF216043NB
	AF216045	NB	NigeriaAF216045NB
巴基斯坦 Pakistan	AF216046	NB	PakistanAF216046NB
	AF216047	NB	PakistanAF216047NB
	AF216049	NB	PakistanAF216049NB
	AF216050	NB	SpainAF216050NB
西班牙 Spain	AF216052	NB	SriLankaAF216052NB
斯里兰卡 Sri Lanka	AF216054	NB	SriLankaAF216054NB
	AF216055	B	SudanAF216055B
苏丹 Sudan	AF216056	NB	SudanAF216056NB
	DQ017518	Unknown	ThailandDQ017518
泰国 Thailand	AF216062	NB	TurkeyAF216062NB
土耳其 Turkey	AF216063	NB	TurkeyAF216063NB
	AF216066	A	USAAF216066A
美国 USA	AF216067	A	USAAF216067A
	AF216069	B	USAAF216069B
	AF216071	B	USAAF216071B
	AF216073	B	YemenAF216073B
也门 Yemen			

使用 UPGMA 方法构建系统树（外群：白粉虱 *T.vaporariorum* rDNA ITS1 AY854055，编号为 TVAY854055），各分支的置信度均进行 500 次的重复检验（图 1）。由系统树（图 1）可知，烟粉虱可以分

为 5 组，即亚洲组（Asia group）、澳洲组（Australia group）、美洲组（America group）、非洲组（Africa group）（含贝宁 E 型以及西班牙 S 型）、B 型/北非/地中海/中东组（Biotype B/ Mediterranean/Middle Eastern/

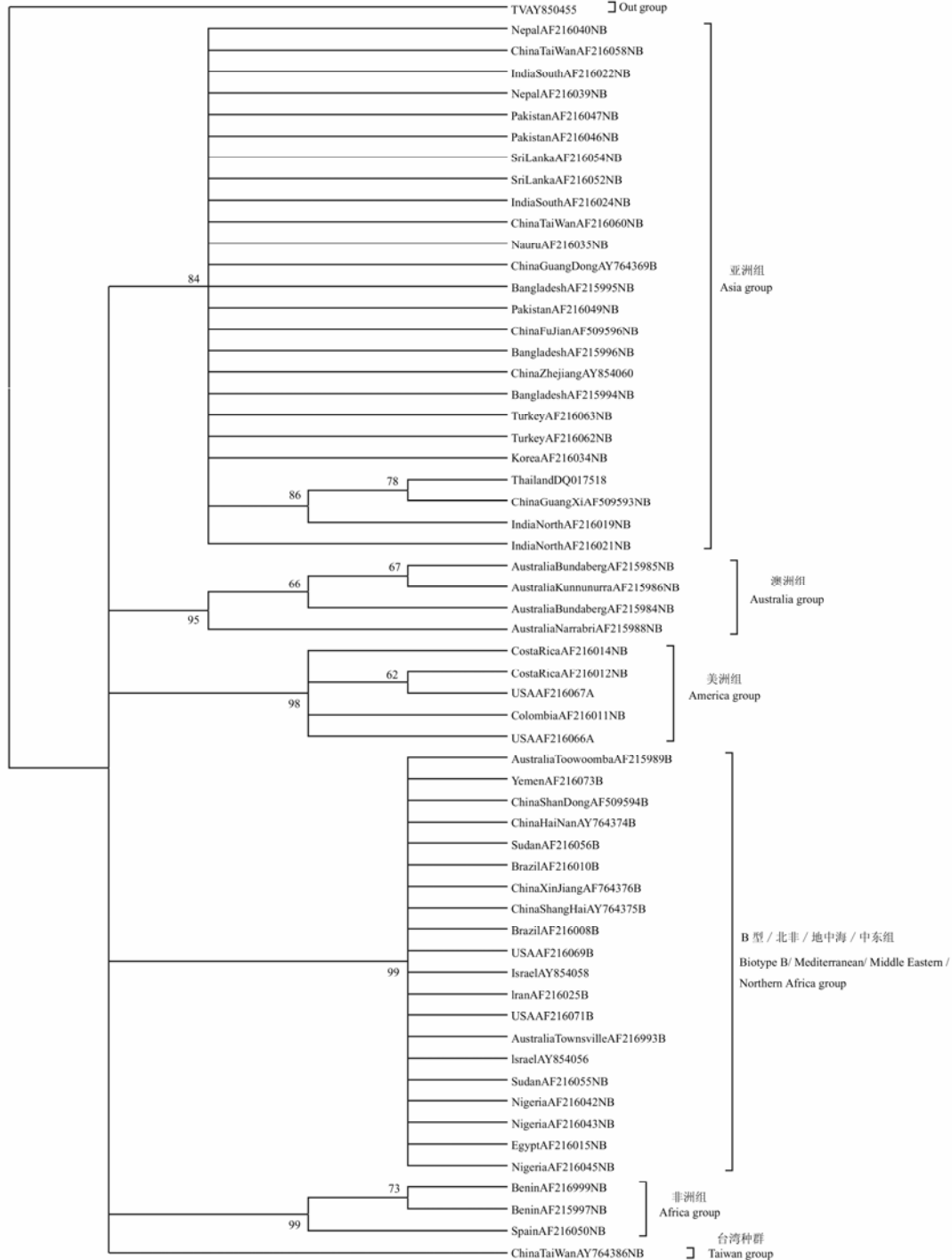


图 1 用 MEGA3.0 软件中 UPGMA 方法构建系统树

Fig.1 Molecular phylogenetic trees of *B. tabaci* using UPGMA method

Northern Africa group); 同时, 还有台湾 (Taiwan) 种群, 没有特定的组。

2.2 基于 mtDNA COI 序列对烟粉虱不同地理种群遗传分化分析

截至 2005 年 10 月, 烟粉虱 mtDNA COI 750 bp 以上序列共有 138 条, 根据当同一地理种群存在序列相似度 99% 以上时选取其中一条的原则, 本研究中使用 96 条 (表 2); 基于 mtDNA COI 序列使用 UPGMA

方法构建系统树 (外群: 白粉虱 mtDNA COI AF418672, 编号 TVAF418672), 各分支均的置信度进行 500 次的重复检验 (图 2)。由系统树可知, 烟粉虱可以分为 4 组, 即亚洲组 (Asia group) (支持率 80%)、美洲组 (America group) (支持率 99%)、非洲组 (Africa group) (支持率 93%)、B 型/地中海/中东/北非/Ms 型组 (Biotype B/ Mediterranean/Middle Eastern/Northern Africa/ Biotype Ms group) (支持率 99%)。

表 2 世界各地烟粉虱代表性地理种群 mtDNA COI (外群: 白粉虱 mtDNA COI AF418672)

Table 2 The sequences of mtDNA COI of *B.tabaci* typical populations(out group: *T.vaporariorum* mtDNA COI AF418672)

地理种群 Geographic populations	GenBank 登录号 GenBank No.	生物型 Biotype	编号 Code
阿根廷 Argentina	AF340216	B	ArgentinaAF340216B
阿根廷 Tucama, Argentina	AF340214	Unknown	ArgentinaTucamaAF340214
玻利维亚 Bolivia	AF342768	Unknown	BoliviaAF342768
喀麦隆 Cameroon	AF344245	Unknown	CameroonAF344245
	AF344256	Unknown	CameroonAF344256
	AF344257	Unknown	CameroonAF344257
	AF344258	Unknown	CameroonAF344258
中国 China	AF342777	Unknown	ChinaAF342777
重庆 Chongqing, China	AY686091	NB	ChinaChongQingAY686091NB
广东 Guangdong, China	AY686072	NB	ChinaGuangDongAY686072NB
广东 Guangdong, China	AY686083	NB	ChinaGuangDongAY686083NB
广东 Guangdong, China	AY686064	NB	ChinaGuangDongAY686064NB
河南 Henan, China	AY686090	B	ChinaHeNanAY686090B
湖北 Hubei, China	AY686089	NB	ChinaHuBeiAY686089NB
湖南 Hunan, China	AY686085	NB	ChinaHuNanAY686085NB
江苏 Jiangsu, China	AY686088	NB	ChinaJiangSuAY686088NB
台湾 Taiwan, China	AY686075	NB	ChinaTaiWanAY686075NB
浙江 Zhejiang, China	AJ867556	NB	ChinaZheJiangAJ867556NB
浙江 Zhejiang, China	AJ867557	NB	ChinaZheJiangAJ867557NB
哥伦比亚 Cali, Colombia	AJ550167	A	ColombiaCaliAJ550167A
萨尔瓦多 ElSalvador	AY057128	Unknown	ElSalvadorAY057128
加纳 Ghana	AF418668	Unknown	GhanaAF418668
	AY827589	Unknown	GhanaAY827589
危地马拉 Guatemala	AF342771	Unknown	GuatemalaAF342771
洪都拉斯 Honduras	AF342770	Unknown	HondurasAF342770
印度 India	AF321927	B	IndiaAF321927B
	AF321928	Unknown	IndiaAF321928
	AF418666	Unknown	IndiaAF418666
以色列 Israel	AF418671	B	IsraelAF418671B
	AY747688	B	IsraelAY747688B
	AY766369	B	IsraelAY766369B
	AY766370	Unknown	IsraelAY766370
	AY766371	Unknown	IsraelAY766371
	AY766372	Unknown	IsraelAY766372
	AY766373	Unknown	IsraelAY766373
意大利 Italy	AY827602	Unknown	ItalyAY827602
科特迪瓦 Ivory Coast	AY057135	Unknown	IvoryCoastAY057135
	AY057136	Unknown	IvoryCoastAY057136
马达加斯加岛 Tulear, Madagascar	AJ550171	Ms	MadagascarTulearAJ550171Ms
马来西亚 Malaysia	AY057137	Unknown	MalaysiaAY057137
	AY686093	NB	MalaysiaAY686093NB

续表 2 Continued

地理种群 Geographic populations	GenBank 登录号 GenBank No.	生物型 Biotype	编号 Code
马里 Mali	AY827604	Unknown	MaliAY827604
毛里求斯 Mauritius	AJ550172	Ms	MauritiusAJ550172Ms
墨西哥 Mexico	AF342772	Unknown	MexicoAF342772
	AY057125	CUL	MexicoAY057125CUL
	AY057126	Unknown	MexicoAY057126
摩洛哥 Morocco	AJ517769	Q	MoroccoAJ517769Q
	AJ517768	B	MoroccoAJ517768B
	AF342773	Unknown	MoroccoAF342773
莫桑比克 Mozambique	AF344279	Unknown	MozambiqueAF344279
尼泊尔 Nepal	AF342779	Unknown	NepalAF342779
尼日利亚 Nigeria	AY827606	Unknown	NigeriaAY827606
	AY827607	Unknown	NigeriaAY827607
巴基斯坦 Pakistan	AF342778	Unknown	PakistanAF342778
巴基斯坦 Punjab, Pakistan	AY686094	NB	PakistanPunjabAY686094NB
巴基斯坦 Sindh, Pakistan	AJ510066	Unknown	PakistanSindhAJ510066
	AJ510067	Unknown	PakistanSindhAJ510067
波多黎各 PuertoRico	AY057134	Unknown	PuertoRicoAY057134
留尼汪岛 Reunion	AJ550177	B	ReunionAJ550177B
	AJ550178	Ms	ReunionAJ550178Ms
塞舌尔 Mahe, Seychelles	AJ550182	Ms	SeychellesMaheAJ550182Ms
新加坡 Singapore	AY686095	NB	SingaporeAY686095NB
南非 South Africa	AF344259	Unknown	SouthAfricaAF344259
	AF344262	Unknown	SouthAfricaAF344262
	AF344263	Unknown	SouthAfricaAF344263
	AF344264	Unknown	SouthAfricaAF344264
	AF344266	Unknown	SouthAfricaAF344266
	AY057140	B	SouthAfricaAY057140B
西班牙 Spain	AF342769	Unknown	SpainAF342769
	AF342775	Unknown	SpainAF342775
	AY827608	Unknown	SpainAY827608
苏丹 Sudan	AY827612	L1	SudanAY827612L1
	AY827613	L2	SudanAY827613L2
	AY827614	L3	SudanAY827614L3
	AY827615	L4	SudanAY827615L4
斯威士兰 Swaziland	AF344269	Unknown	SwazilandAF344269
	AF344270	Unknown	SwazilandAF344270
	AF344271	Unknown	SwazilandAF344271
	AF344272	Unknown	SwazilandAF344272
	AF344273	Unknown	SwazilandAF344273
	AF344274	Unknown	SwazilandAF344274
	AF344275	Unknown	SwazilandAF344275
	AF344276	Unknown	SwazilandAF344276
AF344277	Unknown	SwazilandAF344277	
坦桑尼亚 Tanzania	AF418667	Unknown	TanzaniaAF418667
泰国 Thailand	AY686092	NB	ThailandAY686092NB
土耳其 Turkey	AF342776	Unknown	TurkeyAF342776
	AY827616	M	TurkeyAY827616M
乌干达 Uganda	AF418665	Unknown	UgandaAF418665
	AF418669	Unknown	UgandaAF418669
美国 Arizona, USA	AY057122	A	USAArizonaAY057122A
美国 Arizona, USA	AY057123	B	USAArizonaAY057123B
美国 California, USA	AY057124	A	USACaliforniaAY057124A
赞比亚 Zambia	AF344280	Unknown	ZambiaAF344280
	AF344281	Unknown	ZambiaAF344281
津巴布韦 Zimbabwe	AF344285	Unknown	ZimbabweAF344285

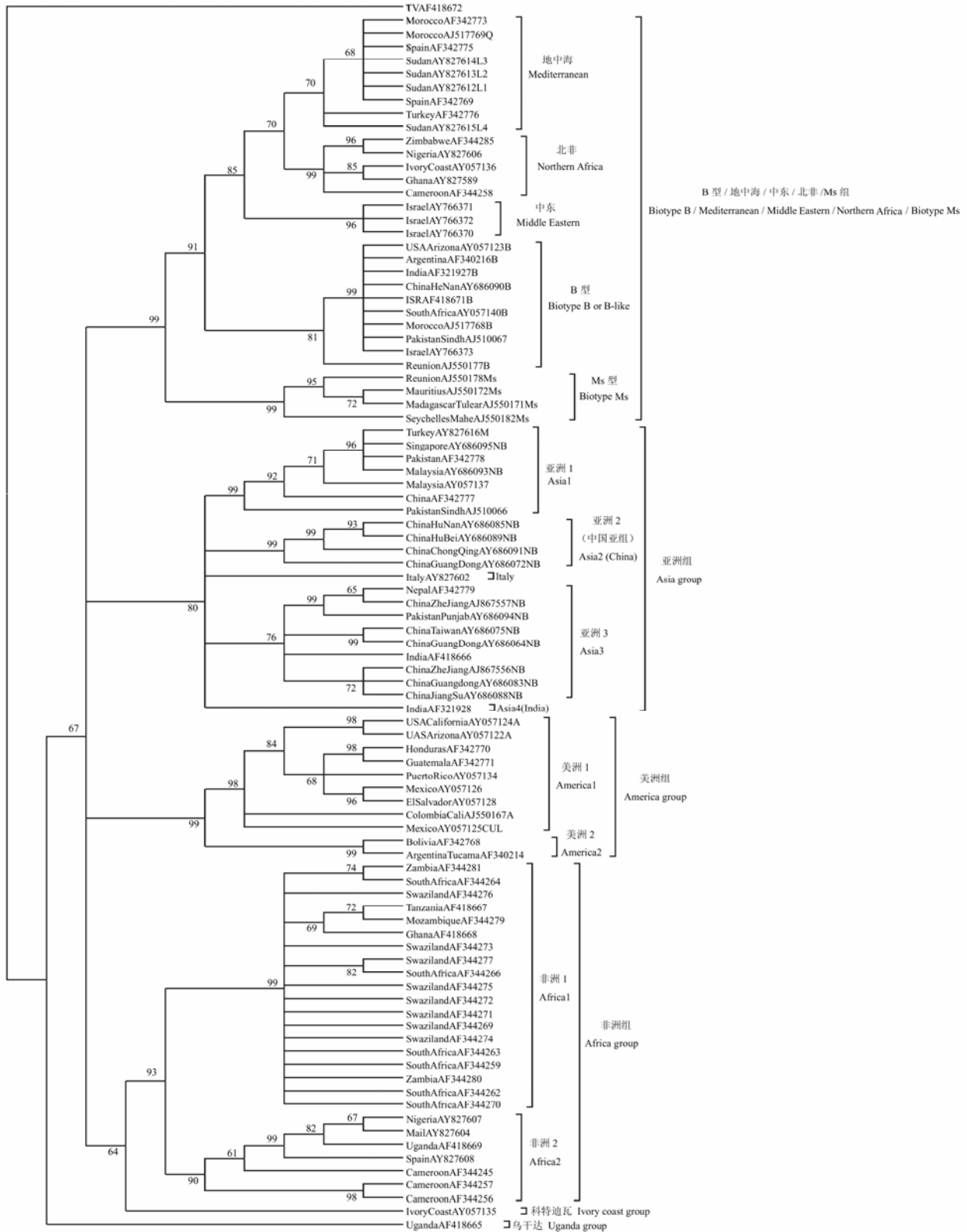


图 2 用 MEGA3.0 软件中 UPGMA 方法构建系统树

Fig.2 Molecular phylogenetic trees of *B. tabaci* using UPGMA method

亚洲组包括亚洲 1 (支持率 99%)、亚洲 2 (中国亚组) (支持率 99%)、亚洲 3 (支持率 76%)、亚洲 4 (印度亚组) 以及意大利 5 个亚组。美洲组包括美洲 1 亚组 (支持率 98%)、美洲 2 亚组 (支持率 99%)。非洲组包括非洲 1 亚组 (支持率 99%)、非洲 2 亚组 (支持率 90%)，其中非洲 2 亚组包括欧洲西班牙 1 个种群。B 型/地中海/中东/北非/Ms 型组包括 B 型 (支持率 81%)、地中海 (支持率 70%)、中东 (支持率 96%)、北非 (支持率 99%) 以及 Ms 型亚组 (支持率 99%)，其中留尼汪种群 (AJ550177) 应为烟粉虱类 B 型 (Brown, 个人通讯)。同时，还有 2 个没有特定组的种群，即乌干达 (Uganda) 以及科特迪瓦 (Ivory Coast) 种群。其中，科特迪瓦种群以较低支持率 (64%) 和非洲组聚在一起。

2.3 基于 rDNA ITS1、mtDNA COI 序列对烟粉虱不同地理种群遗传分化分析结果比较

基于 mtDNA COI 417bp 对 rDNA ITS1 分析结果中非洲组中的贝宁种群进行遗传分化分析，结果表明贝宁种群和 mtDNA COI 方法划分的非洲 1 亚组、非洲 2 亚组以 99% 支持率单独聚为一组 (结果未示)，所以基于 rDNA ITS1 分析结果中的非洲组 (贝宁和 1 个西班牙种群) 应为非洲 3 亚组。因此，基于 rDNA ITS1、mtDNA COI 序列分析结果表明，烟粉虱不同地理种群可分为 5 组，即亚洲组 (Asia group)、美洲组 (America group)、非洲组 (Africa group)、澳洲组 (Australia group)、B 型/地中海/中东/北非/Ms 型组 (Biotype B/ Mediterranean/Middle Eastern/Northern Africa/ Biotype Ms group)。此外，还包括 3 个没有特定组的种群，即乌干达 (Uganda)、科特迪瓦 (Ivory Coast) 以及台湾 (Taiwan) 种群。由此可见，烟粉虱种群的遗传分化具有一定的规律性，和地理位置密切相关；同时具有一定的特殊性，许多种群没有特定组，如乌干达、科特迪瓦以及台湾种群。此外，亚洲组包括 1 个意大利种群，非洲组包括 1 个西班牙种群。

本文系统树分析结果表明，mtDNA COI 序列比 rDNA ITS1 序列更能有效的反映出烟粉虱不同种群的遗传分化；如基于 mtDNA COI 构建的系统树中，烟粉虱 B 型种群能够与北非、地中海以及中东地区种群区分开，而基于 rDNA ITS1 构建的系统树中则很难区分。

3 入侵性烟粉虱种群在世界各地的分布

在过去的近 20 年间，B 型烟粉虱已经迅速传播扩散到世界各地并暴发成灾，成为一种世界性的重要害虫。它已经成功入侵了美国、哥伦比亚、巴西、澳大利亚、韩国、中国等许多国家^[24]。基于本文的 mtDNA COI 和 rDNA ITS1 分析结果表明，B 型烟粉虱存在于美国、阿根廷、印度、中国、以色列、南非、摩洛哥、澳大利亚、也门、苏丹、巴西、伊朗等地区。根据 B 型烟粉虱和地中海/北非/中东烟粉虱种群聚为 1 支，可以推测 B 型烟粉虱可能起源于这些地区。

相对于 B 型烟粉虱，Q 型烟粉虱则是近年来才引起高度重视的一种有害类型。Q 型烟粉虱起源于地中海/中东/北非地区 (图 2)，该生物型最初在伊比利亚半岛地区被发现^[10,14]，后来证实该生物型已在摩洛哥^[14,25]、意大利、德国^[26]、以色列^[27]、塞浦路斯 (Denholm, 个人通讯)、埃及 (Brown, 个人通讯) 等地区分布。近年来，Q 型烟粉虱在地中海地区由于其种群密度高^[14]而成为重要的害虫以及病毒媒介；而 Q 型烟粉虱最大的潜在危害性是该生物型对许多新烟碱类农药产生抗性，并且在没有农药选择压力下，烟粉虱 Q 型比 B 型的抗性更加稳定^[25,26]。2003 年 10 月，通过 mtDNA COI 分子标记，笔者首次在中国部分地区发现了 Q 型烟粉虱，这也是在非地中海周边国家首次发现该生物型^[20]。2005 年 3 月，在美国首次发现了 Q 型烟粉虱，随后立即成立了 Q 型烟粉虱特别工作组，采取了各种应急措施来控制该生物型的蔓延 (Brown, 个人通讯; Liu, 个人通讯)。

此外，非洲西部喀麦隆 (Cameroon) 种群、东南部国家津巴布韦 (Zimbabwe) 种群和北非/地中海/中东组聚在一起，它们可能通过人为活动而扩散的^[15]。

4 警惕外来烟粉虱种群的入侵和蔓延

为了防止外来烟粉虱生物型传入中国，应该着重注意以下几个方面：首先，警惕具有较强入侵性或生物学优势的烟粉虱种群，如烟粉虱 B 型和 Q 型。早在 Q 型烟粉虱入侵中国、美国等地区之前，已有资料显示 Q 型烟粉虱具有很强的生物学特性及不断蔓延的趋势。其次，密切关注当前在世界各地局部暴发成灾的烟粉虱种群，如在乌干达地区与木薯花叶病毒病 (CMD) 暴发成灾密切相关的烟粉虱 Ug2 支种群^[28]，近年来在玻利维亚西红柿上病毒病暴发相关的本土烟粉虱种群^[29]，巴基斯坦 Punjab 省与重要农业病害棉花卷叶病 (CLCuD) 的暴发密切相关的烟粉虱种群 (印

度支)^[30]。同时,不能忽视在原产地危害并不严重的烟粉虱种群。许多在本土危害并不严重的物种在传入一个新的地区后,由于外部环境或本身生物学的改变而可能成为难以控制的入侵物种,如阿根廷蚂蚁 *Linepithema humile*^[31]。因此,必须加强烟粉虱生物型的监测工作,防止新的烟粉虱种群传入中国而成为难以控制的致害类型。

致谢:美国 Arizona 大学 Brown J. K. 教授为该文提供了大量有关资料,并长期给予帮助和鼓励,在此表示感谢。

References

- [1] Brown J K, Frohlich D R, Rosell R C. The sweetpotato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a species complex. *Annual Review Entomology*, 1995, 40: 511-534.
- [2] Perring T M. The *Bemisia tabaci* species complex. *Crop Protection*, 2001, 20: 725-737.
- [3] Bellows T S J, Perring T M, Gill R J, Headrick D H. Description of a species of *Bemisia* (Homoptera: Aleyrodidae). *Annals of the Entomological Society of America*, 1994, 87: 195-206.
- [4] Frohlich D R, Torres-Jerez II, Bedford I D, Markham P G, Brown J K A. Phylogeographical analysis of the *Bemisia tabaci* species complex based on mitochondrial DNA markers. *Molecular Ecology*, 1999, 8: 1683-1691.
- [5] Kirk A A, Lacey L A, Brown J K, Ciomperlik M A, Goolsby J A, Vacek D C, Wendel L E, Napompeth B. Variation in the *Bemisia tabaci* s.l. species complex (Hemiptera: Aleyrodidae) and its natural enemies leading to successful biological control of *Bemisia* biotype B in the USA. *Bulletin of Entomological Research*, 2000, 90: 317-327.
- [6] Brown J K. Molecular markers for the identification and global tracking of whitefly vector-begomovirus complexes. *Virus Research*, 2000, 71: 233-260.
- [7] De Barro P J, Driver F, Trueman J W H, Curran J. Phylogenetic relationships of world populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) using ribosomal ITS1. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2000, 16(1): 29-36.
- [8] De Barro P J, Trueman J W, Frohlich D R. *Bemisia argentifolii* is a race of *B. tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae): the molecular genetic differentiation of *B. tabaci* populations around the world. *Bulletin of Entomology Research*, 2005, 95: 193-203.
- [9] Brown J K, Perring T M, Cooper A D, Bedford I D, Markham P G. Genetic analysis of *Bemisia* (Hemiptera: Aleyrodidae) populations by isoelectric focusing electrophoresis. *Biochemical Genetics*, 2000, 38(12): 13-25.
- [10] Guirao P, Beitia F, Cenis J L. Biotype determination of Spanish populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Bulletin of Entomological Research*, 1997, 87: 587-593.
- [11] Lima L H C, Campos L, Moretzsoh N M C, Navia D, Oliveira M R V. Genetic diversity of *Bemisia tabaci*(Genn.) populations in Brazil revealed by RAPD markers. *Genetics and Molecular Biology*, 2002, 25(2): 217-223.
- [12] Cervera M T, Cabezas J A, Simon B, Martinez-Zapater J M, Beitia F, Cenis J L. Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bulletin of Entomological Research*, 2000, 90: 391-396.
- [13] Zhang L P, Zhang Y J, Zhang W J, Wu Q J, Xu B Y, Chu D. Analysis of genetic diversity among different geographical populations and determination of biotypes of *Bemisia tabaci* in China. *Journal of Applied Entomology*, 2005, 129(3): 121-128.
- [14] Moya A, Guirao P, Cifuentes D, Beitia F, Cenis J L. Genetic diversity of Iberian populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction. *Molecular Ecology*, 2001, 10: 891-897.
- [15] Berry S D, Fondong V N, Rey C, Rogan D, Fauquet C M, Brown J K. Molecular evidence for five distinct *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) geographic haplotypes associated with cassava plants in Sub-Saharan Africa. *Annals of the Entomological Society of America*, 2004, 97: 852-859.
- [16] Delatte H, Reynaud B, Granier M, Thornary L, Lett J M, Goldbach R, Peterschmitt M. A new silverleaf-inducing biotype Ms of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) indigenous to the islands of the south-west Indian Ocean. *Bulletin of Entomology Research*, 2005, 95: 29-35.
- [17] Rúa P, Simón B, Cifuentes D, Martínez-Mora C, Cenis J L. New insights into the mitochondrial phylogeny of the whitefly *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in the Mediterranean Basin. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 2006, 44(1): 25-33.
- [18] Mallet J. Species, concepts of. In: Levin S. ed. *Encyclopedia of Biodiversity*. New York: Academic Press, 2001, 5: 427-440.
- [19] 罗 晨, 姚 远, 王戎疆, 阎凤鸣, 胡敦孝, 张芝利. 利用 mtDNA COI 基因序列鉴定我国烟粉虱的生物型. *昆虫学报*, 2002, 45: 759-763.
- [20] Luo C, Yao Y, Wang R J, Yan F M, Hu D X, Zhang Z L. The use of mitochondrial cytochrome oxidase I (mtDNA COI) gene sequenced

- for the identification for biotypes of *Bemisia tabaci*(Gennadius) in China. *Acta Entomologica Sinica*, 2002, 45: 759-763. (in Chinese)
- [20] 褚栋, 张友军, 丛斌, 徐宝云, 吴青君, 朱国仁. 烟粉虱不同地理种群的 mtDNA COI 基因序列分析及其系统发育. *中国农业科学*, 2005, 38: 76-85.
- Chu D, Zhang Y J, Cong B, Xu B Y, Wu Q J, Zhu G R. Sequences analysis of mtDNA COI gene and molecular phylogeny of different geographical populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius). *Scientia Agricultura Sinica*, 2005, 38: 76-85. (in Chinese)
- [21] Wu X X, Li Z X, Hu D X, Shen Z R. Identification of Chinese populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) by analyzing ribosomal ITS1 sequence. *Progress in Natural Science*, 2003, 13: 276-281.
- [22] Li Z X, Hu DX, Song Y, Shen Z R. Molecular differentiation of the B biotype from other biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae), based on internally transcribed spacer 1 sequences. *European Journal of Entomology*, 2005, 102: 293-297.
- [23] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetic analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics*, 2004, 5(2): 150-163.
- [24] 褚栋, 张友军, 丛斌, 徐宝云, 吴青君. 世界性重要害虫 B 型烟粉虱的入侵机制. *昆虫学报*, 2004, 47: 400-406.
- Chu D, Zhang Y J, Cong B, Xu B Y, Wu Q J. The invasive mechanism of a world important pest, *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotype B. *Acta Entomologica Sinica*, 2004, 47: 400-406. (in Chinese)
- [25] Rauch N, Nauen R. Identification of biochemical markers linked to neonicotinoid cross resistance in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Archives Insect Biochemistry and Physiology*, 2003, 54:165-176.
- [26] Nauen R, Stumpf N, Elbert A. Toxicological and mechanistic studies on neonicotinoid cross resistance in Q-type *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Pest Management Science*, 2002, 58: 868-875.
- [27] Horowitz A R, Denholm I, Gorman K, Cenis J L, Kotsedalov S, Ishaaya I. Biotype Q of *Bemisia tabaci* identified in Israel. *Phytoparasitica*, 2003, 31(1): 94-98.
- [28] Legg J P, French R, Rogan D, Okao-Okuja G, Brown J K. A distinct *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodidae) genotype cluster is associated with the epidemic of severe cassava mosaic virus disease in Uganda. *Molecular Ecology*, 2002, 11: 1219-1229.
- [29] Viscarret M M, Torres-Jerez I, Agostini de Manero E, López S N, Botto E E, Brown J K. Mitochondrial DNA evidence for a distinct New World group of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) indigenous to Argentina, and presence of the Old World B Biotype in Argentina. *Annals of the Entomological Society of America*, 2003, 96(1): 65-72.
- [30] Simón B, Cenis J L, Beitia F, Khalid S, Moreno I M, Fraile A, García-Arenal F. Genetic structure of field populations of begomoviruses and of their Vector *Bemisia tabaci* in Pakistan. *Phytopathology*, 2003, 93: 1422-1429.
- [31] Tsutsui N D, Suarez A V, Holway D A, Case T J. Reduced genetic variation and the success of an invasive species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2000, 97: 5948-5953.

(责任编辑 王红艳)