福建省草地贪夜蛾越冬种群生物型鉴定与分析*

赵金凤[1**] 郑 宇[2**] 邱良妙[2] 丁雪玲[2] 姚凤銮[2] 何玉仙[2***]

（1. 福建农林大学，福州 350002；2. 福建省农业科学院植物保护研究所，福州 350012）

摘 要 **【目的】** 草地贪夜蛾 *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith)是一种迁飞性的农业重大害虫，2019 年入侵我国并暴发成灾。2020 年 2 月调查发现在福建省南部地区（长泰和漳平县）存在草地贪夜蛾越冬种群，而厘清其生物型情况，有助于认识其种群遗传特征与变化趋势，为草地贪夜蛾下一步的治理工作奠定基础。**【方法】** 采用分子标记方法，对采自玉米田的 35 个草地贪夜蛾越冬样本分别进行 *COI* 和 *Tpi* 基因片段的扩增、测序和比对分析，明确福建越冬种群的生物型和遗传特征。**【结果】** *COI* 基因序列聚类分析显示福建草地贪夜蛾越冬种群全部为水稻型（与实际寄主玉米不符）；而 *Tpi* 基因 10 个关键位点的序列分析表明为玉米型（与实际寄主一致）。**【结论】** 福建草地贪夜蛾越冬群体是一个杂合群体，来源并非单一的水稻型或玉米型。入侵后有进一步进行水稻型分化新风险，对福建及周边省份水稻生产造成威胁。

关键词 草地贪夜蛾；越冬种群；生物型；分子标记

Biotype identification and analysis of the overwintering population of fall armyworm in Fujian province, China

ZHAO Jin-Feng[1**] ZHENG Yu[2**] QIU Liang-Miao[2]
DING Xue-Ling[2] YAO Feng-Luan[2] HE Yu-Xian[2***]

(1. Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China;
2. Institute of Plant Protection, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350012, China)

Abstract **[Objectives]** The fall armyworm (*Spodoptera frugiperda* J. E. Smith) is a major, migratory, agricultural pest that invaded China in 2019. A field survey in February 2020 found an overwintering population of *S. frugiperda* in the southern part of Fujian Province (Changtai and Zhangping counties). Clarifying the biotype of this population will further understanding of its genetic characteristics and population trends, and provide a foundation for developing management methods. **[Methods]** Using molecular markers, DNA from 35 *S. frugiperda* overwintering in corn fields was amplified, sequenced and compared to compare their *COI* and *Tpi* gene fragments and biotypes, thereby clarifying the characteristics of the overwintering population in Fujian. **[Results]** Cluster analysis of the *COI* gene sequence indicates that, despite being collected on maize, all overwintering specimens were of the Rice-strain. However, sequence comparison of the *Tpi* gene at several key positions indicated that this was of the Maize-type. **[Conclusion]** The results indicate that the overwintering population of *S. frugiperda* in Fujian is heterozygous, with genes from both the Rice and Maize biotypes. There may be a risk of differentiation of the Rice-type in Fujian, posing a threat to rice production in this and surrounding provinces.

Key words *Spodoptera frugiperda*; overwintering population; biotype; molecular marker

草地贪夜蛾 *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith)又名行军虫，起源于美洲，对农业生产危害极大，被联合国粮农组织称为全球重大跨国迁飞性农业害虫（Rodney *et al.*，2017）。其食谱广泛，主要包括禾本科、菊科和豆科植物，尤其喜食玉米、水稻和甘蔗等农作物（Westbrook *et al.*，

*资助项目 Supported projects：福建省属公益类科研院所基本科研专项（2020R1024008）；福建省农业科学院创新团队项目（STIT2017-1-8）；福建省科技厅引导性项目（2020N0026）

**共同第一作者 Co-first authors，E-mail：435742326@qq.com；290896369@qq.com

***通讯作者 Corresponding author，E-mail：yuxianhe_faas@sina.cn

收稿日期 Received：2020-08-24；接受日期 Accepted：2020-11-06

2016）。自 2019 年 1 月草地贪夜蛾由东南亚入侵我国云南普洱地区，随后蔓延至全国大部分地区，成为我国粮食生产和生态安全的重大威胁（姜玉英等，2019；张磊等，2019）。草地贪夜蛾于 2019 年 5 月首次在福建省发现，继而在全省各地区发生。2020 年 2 月又在福建南部的长泰和漳平县的冬玉米种植区分别诱集到越冬的草地贪夜蛾成虫，表明该虫入侵福建省后可以成功越冬并有定殖趋势，这将威胁当地玉米等农作物的安全生产。

福建省地处我国东南沿海，属南亚热带海洋性气候，尤其南部地区冬无严寒，全年气候温暖，近年又有种植冬季玉米的习惯，这就给草地贪夜蛾提供非常有利的越冬气候和食物条件。而厘清福建草地贪夜蛾越冬种群生物型情况，有助于我们认识其定殖后种群变化与遗传特征，为其今后的治理工作奠定基础。草地贪夜蛾有玉米型（Corn-strain）和水稻型（Rice-strain）2 种生物亚型，它们在寄主选择、某些生理、行为特征上存在较大的差异（Nahoshi and Meagher，2004；郭井菲等，2019），但从形态学上无法进行有效区分。目前，针对草地贪夜蛾生物型鉴别方法主要是利用分子标记技术（Pascaline *et al.*，2015）。常用的方法是通过线粒体细胞色素氧化酶基因 Cytochromec oxidase subunitI（*COI*）和 Z 染色体上磷酸甘油醛异构酶基因 Triose phosphate isomerase（*Tpi*）的序列进行鉴别（Meagher and Gallo-Meagher，2003；Rodney，2010，2012；Nagoshi *et al.*，2016）。其中细胞质的线粒体 *COI* 基因是基于个别 SNP 位点的差异比对能够达到鉴别不同亚型的目的，而 *Tpi* 基因位于核基因组，与寄主植物相关性更强，在不同亚型鉴定上显示出比线粒体标记更加准确的特性（Nagoshi and Meagher，2004）。将 2 种标记鉴定方法有机结合，互相验证，可保证鉴定结果更加可靠。本研究通过上述 2 种基因序列分别进行聚类和差异位点分析进而确定福建越冬草地贪夜蛾种群的生物亚型，并探讨其种群来源与遗传分化趋势，这对制定福建省草地贪夜蛾防治策略有着重要意义。

1　材料与方法

1.1　供试虫源

本实验所用的草地贪夜蛾幼虫 35 个样品，于 2020 年 4 月在福建长泰和漳平县冬玉米田中采集。将活虫置于培养皿中，喂食新鲜玉米叶，带回实验室后对其进行形态学观察，死虫浸泡于 75%酒精中，置于－20 ℃低温保存，用于后续研究。

1.2　样品 DNA 提取与 PCR 扩增测序

DNA 提取：参照郑宇等（2016）的方法，采用小型昆虫 DNA 裂解液法（1% SDS，50 mmol/L Tris-HCl，25 mmol/L NaCl，25 mmol/L EDTA）。提取单头幼虫样品的基因组 DNA，统一稀释到 100 ng/uL，－20 ℃低温保存待用。

PCR 扩增：参照张磊等（2019）的方法，分别用 *COI* 和 *Tpi* 基因特异引物对所提取的样品基因组进行扩增。50 μL 反应体系如下：2×Mix 预混液 25 μL，上游引物和下游引物各 2.5 μL；5.0 μL 样品 DNA，ddH_2O 补足。反应体系：94 ℃ 3 min，94 ℃ 30 s，60 ℃ 50 s，72 ℃ 50 s，35 个循环，72 ℃ 10 min。1.2%琼脂糖电泳检测，PCR 产物送上海生工有限公司进行测序。

1.3　测序结果分析

COI 基因序列分析：利用 BioEdit 软件检测每个序列峰图，双向拼接，去除两端低质量序列，共获得长度为 751 bp 基因片段序列 35 个。从 GenBank 数据库下载草地贪夜蛾 2 种生物型的序列（水稻型 HM136594；玉米型 HM136586），同时以草地贪夜蛾近缘种：*Spodoptera dolichos*（HM756086）；*Spodoptera pulchella*（HM756075）；棉花夜蛾 *Spodoptera littoralis*（M756074）；非洲粘虫 *Spodoptera exempta*（HQ177331）；甜菜夜蛾 *Spodoptera exigua*（HM756077）；斜纹夜蛾 *Spodoptera litura*（KJ634296）和棉铃虫 *Helicoverpa armigera*（KF022224）的序列为外群对照，使用 MEGA7.0 软件进行序列多重比对，剔除冗余序列后，选取 Kimura-2 参数模型，

UPGMA 法构建进化树，进行聚类分析。鉴定出福建地区草地贪夜蛾越冬种群 *COI* 基因代表生物型情况。

Tpi 基因序列分析：下载 2 种典型生物型的 *Tpi* 基因序列，利用 DNAMAN7.0 软件进行对比分析，针对水稻型和玉米型在 *Tpi* 基因关键点位上的碱基差异，确定福建地区草地贪夜蛾越冬种群 *Tpi* 基因代表的生物型情况。

2 结果与分析

2.1 *COI* 与 *Tpi* 基因的扩增与测序

分别使用 *COI* 和 *Tpi* 基因的一对特异引物（表 1）对样品 DNA 进行 PCR 扩增。*COI* 基因扩增产物约为 770 bp，*Tpi* 基因扩增产物约为 400 bp。35 份样可以扩增出 2 个基因的目的条带（图 1，图 2）。本研究选择这 35 个样品 PCR 产物进行测序分析。

表 1 扩增 *COI* 和 *Tpi* 基因片段所用引物
Table 1 Primers used for amplifying *COI* and *Tpi* gene fragments

引物 Primer	引物序列(5′→3′) Primer sequence
COI-F	TTCGAGCTGAATTAGGGACTTC
COI-R	GATGTAAAATATGCTCGTGT
Tpi-F	GGTGAAATCTCCCCTGCTATG
Tpi-R	AATTTTATTACCTGCTGTGG

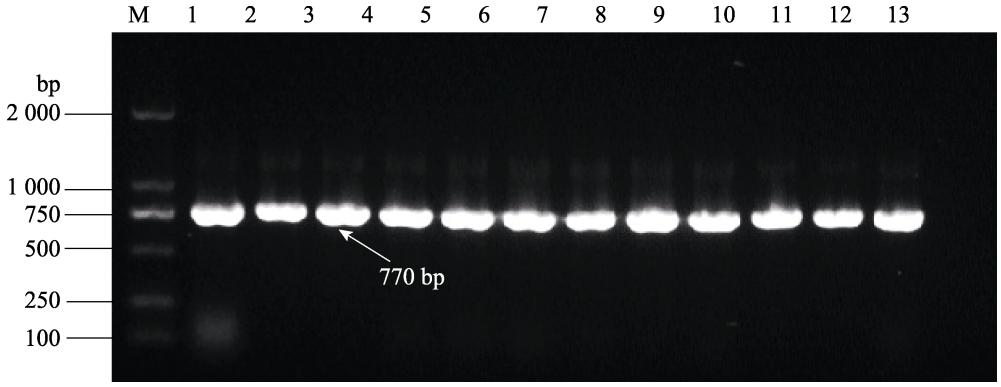

图 1 草地贪夜蛾 *COI* 基因扩增电泳图
Fig. 1 Amplification diagram of *Spodoptera frugiperda COI* gene

M：Marker；1-12：福建样本；13：ddH2O 对照。
M: Marker; 1-12: Fujian samples; 13: ddH_2O CK.

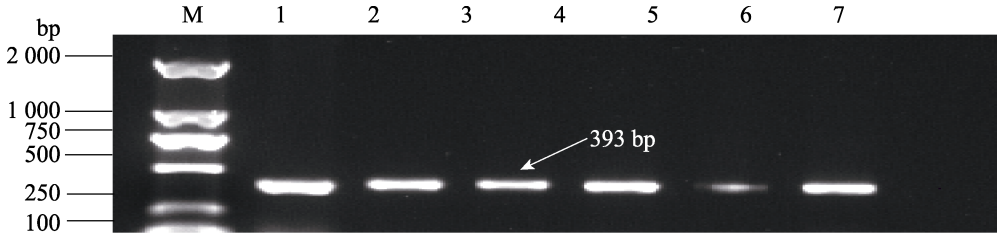

图 2 *Tpi* 基因的扩增图
Fig. 2 Amplification diagram of *Spodoptera frugiperda Tpi* gene

M：Marker；1-6：福建样本。
M: Marker; 1-6: Fujian samples.

2.2 *COI* 基因聚类分析

根据本研究测定的福建越冬种群 35 个 *COI* 基因序列及 GenBank 数据库中下载的代表草地贪夜蛾 2 种生物型（水稻型和玉米型）的 4 条 *COI* 基因序列和 5 条 *Spodoptera* 属近缘物种序列，以棉铃虫序列作为外群构建系统进化树（图 3）。从图 3 可以看出，所有 *COI* 基因片段序列

可分为 2 个类群，外群棉铃虫为一类，夜蛾类聚为另一类。其中 *Spodoptera* 属中 6 个不同个体按照各自代表的属种明显地区分开来，其中草地贪夜蛾与其它夜蛾类有明显区分，单独聚为一支，而 2 个生物型又划分为水稻型分支和玉米型 2 个分支。福建越冬种群与水稻型聚为一支，说明两者亲缘关系更为接近，其生物型可鉴定为水稻型。

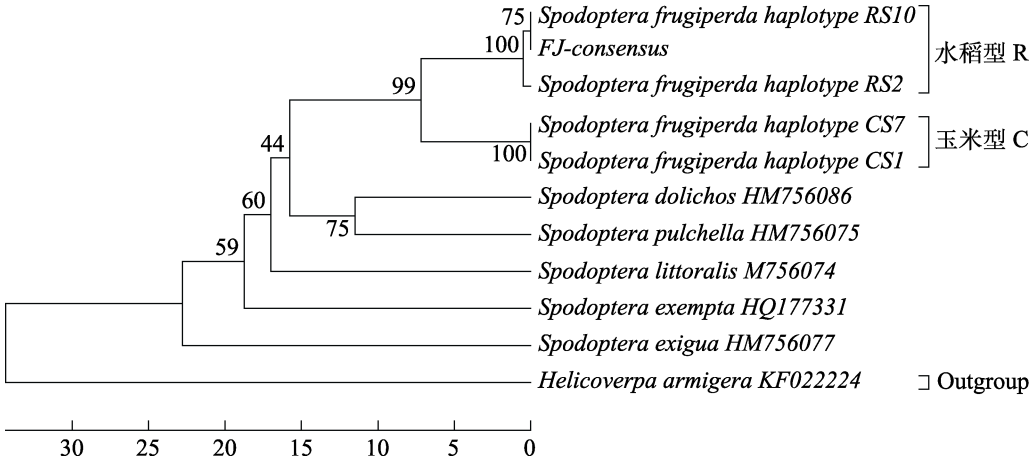

图 3　基于 *COI* 基因的福建草地贪夜蛾聚类分析

Fig. 3　Cluster analysis of *Spodoptera frugiperda* in Fujian based on *COI* gene

水稻型 Rice stain；玉米型 Corn strain；外群 Outgroup.

2.3　*Tpi* 基因亚型鉴定

通过 DNAMAN7.0 软件，对福建样品与代表水稻型和玉米型的 *Tpi* 基因序列进行比对分析，发现福建 35 个越冬样品的 *Tpi* 基因碱基序列完全一致（图 4）。在“水稻型”和“玉米型”的 10 个位点差异位点比对中（图 5），福建种群 174 和 175 位的碱基全部 GA（水稻型），没有 AT（玉米型），但其它 8 个位点的碱基均与玉米型一致，总体上说基于 *Tpi* 基因片段序列分析显示福建越冬种群的生物型为玉米型，鉴定结果与寄主（玉米）相符。

综合 *COI* 和 *Tpi* 基因序列鉴别结果，表明了福建越冬的草地贪夜蛾种群生物型是“水稻型”与“玉米型”杂合体。

图 4　福建草地贪夜蛾 *Tpi* 基因测序结果

Fig. 4　The sequence of *Tpi* gene fragments of *Spodoptera frugiperda* in Fujian

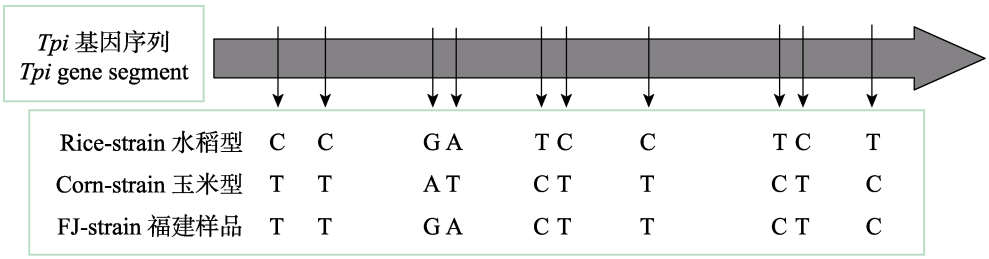

图 5 福建草地贪夜蛾玉米型和水稻型 *Tpi* 基因片段多态性位点比较

Fig. 5 Comparison of polymorphic sites of *Spodoptera frugiperda Tpi* gene fragments in corn strain and rice strain

3 结论与讨论

自 2019 年 1 月草地贪夜蛾入侵我国，现处于定殖与扩散关键期。草地贪夜蛾无滞育现象，其在冬季的分布范围决定于温度。草地贪夜蛾在美国的越冬范围为南佛罗里达州，约 28°N 纬度以南（Foster and Cherry，1987）。而福建地区位于中国东南部，介于北纬 23°至 28°之间，属亚热带气候，按此纬度推测，温度条件能满足其完成世代越冬的。另外，草地贪夜蛾有效越冬区域还决定于玉米等寄主作物冬季的种植情况（姜玉英等，2019）。福建南部地区冬季除种植冬玉米外，还有烟草和各种蔬菜，都可能成为草地贪夜蛾取食为害的寄主。因此，对草地贪夜蛾生态学、生物学及潜在寄主植物为害特点的研究对其防治尤为重要。而厘清草地贪夜蛾种群越冬情况，明确其生物亚型和变化趋势是研究福建省草地贪夜蛾发生、发展及其防治的重要环节。目前，利用 *COI* 和 *Tpi* 基因对草地贪夜蛾种群的生物亚型进行分子鉴定是主流方法（Nagoshi *et al.*，2016）。通过本研究的调查分析发现 2019 年草地贪夜蛾入侵福建地区后，可在 2 个县市（长泰和漳平）成功越冬。本研究结果表明福建越冬种群 *COI* 基因显示为水稻型，而 *Tpi* 基因则显示为玉米型，说明福建越冬群体是一个杂合群体，来源并非单一的水稻型或玉米型。这与我国大部分地区发现的草地贪夜蛾的 *Tpi* 基因亚型大多为玉米少量为杂合水稻型，而 *COI* 基因既有玉米型又有水稻型相符（唐运林等，2019；张磊等，2019；陈冬平等，2020；王佳丽等，2020；王亚如等，2020）。但其中 *COI* 基因鉴定结果与实际寄主（玉米）并不相符，可能是由于 *COI* 基因属于细胞质的遗传标记，不能完全反应生物的本质特征，需要与其它核基因标记一起才能更准确反应杂合群体的生物亚型。而 *Tpi* 基因的鉴定结果与实际寄主相符，说明 *Tpi* 代表的核基因标记更适合用于草地贪夜蛾生物型的检测。由于草地贪夜蛾具有迁飞性、分布广泛的特点，候选基因往往变异速率快。而本研究选取的 2 个亚型之间不存在生殖隔离，交配后产生杂合型的基因，说明草地贪夜蛾可能在扩散的过程中出现遗传杂交现象，这对草地贪夜蛾亚型的判断会造成影响。对于草地贪夜蛾“玉米型”和“水稻型”的区分是研究的难点，当前也仅仅是依靠个别基因有限 SNP 位点的单倍型进行鉴定，一直以来针对 2 种亚型分析的方法也不断改进，对鉴定的准确性要求不断提高（Meagher and Pashley，1999；Levy *et al.*，2002；Nagoshi *et al.*，2008，2015，2018；王鹏等，2020）。然而，依然需要开发更多与取食寄主关联的遗传标记位点，达到鉴定的系统性和多重验证，比如分析不同亚型的肠道微生物组成阐明不同亚型取食倾向差异的机制等（陈东平等，2020）。

另外，数据显示水稻型 *Tpi* 基因比例在某些地区繁殖过程中逐渐纯化，值得我们的重视（王佳丽等，2020）。草地贪夜蛾核基因这种变化的趋势，会改变到其种群的遗传结构和特性，从而影响其生理行为，包括寄主的喜好，生长发育变化等，这种影响是细微的更是长期的，值得我们重视。我国南方地区是水稻的盛产地，面对可能出现的水稻型草地贪夜蛾的比例升高，这就需要我们加强对水稻产区草地贪夜蛾的种群遗传结

构和特征的研究分析、加强其种群生物型的监控检测，密切关注福建省其它地区的草地贪夜蛾群体生物亚型和变化趋势。本研究对福建草地贪夜蛾越冬种群展开分子鉴定有助于了解其来源、遗传特性和变化趋势，为我国草地贪夜蛾群体遗传研究积累数据，但采集样本量还不够大，还需要增大样本量来确认福建地区越冬种群的生物型和变化趋势。为指导防控提供科学依据。

参考文献 (References)

Chen DP, Chen ZT, Xu HH, Lin F, 2020. Host type identification of *Spodoptera frugiperda* invading in Guangzhou by different molecular markers. *Journal of South China Agricultural University*, 41(1): 17–21. [陈冬平, 陈志廷, 徐汉虹, 林菲, 2020. 应用不同分子标记鉴别入侵广州草地贪夜蛾的寄主型. 华南农业大学学报, 41(1): 17–21.]

Foster RE, Cherry RH, 1987. Survival of fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) exposed to cold temperature. *Florida Entomologist*, 70(4): 419–422.

Guo JF, Jing DP, Tai HK, Zhang AH, He KL, Wang ZY, 2019. Morphological characteristics of *Spodoptera frugiperda* in comparison with three other lepidopteran species with similar injury characteristics and morphology in cornfields. *Plant Protection*, 45(2): 7–12. [郭井菲, 静大鹏, 太红坤, 张爱红, 何康来, 王振营, 2019. 草地贪夜蛾形态特征及与 3 种玉米田为害特征和形态近鳞翅目昆虫的比较. 植物保护, 45(2): 7–12.]

Jiang YY, Liu J, Xie MC, Li YH, Yang JJ, Zhang ML, Qiu K, 2019. Observation on law of diffusion damage of *Spodoptera frugiperda* in China in 2019. *Plant Protection*, 45(6): 10–19. [姜玉英, 刘杰, 谢茂昌, 李亚红, 杨俊杰, 张曼丽, 邱坤, 2019. 2019 年我国草地贪夜蛾扩散为害规律观测. 植物保护, 45(6): 10–19]

Levy HC, Garcia-Maruniak A, Maruniak JE, 2002. Strain identification of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) insects and cell line: PCR-RFLP of cytochrome oxidase C subunit I gene. *Florida Entomologist*, 85(1): 186–190.

Margaret MM, Pashley PD, 1999. Differences in amplified fragment-length polymorphisms in fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) host strains. *Annals of the Entomological Society of America*, 1999(2): 175–181.

Meagher RL, Gallo-Meagher AM, 2003. Identifying host strains of fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) in Florida using mitochondrial markers. *The Florida Entomologist*, 86(4): 450–455.

Nagoshi RN, Meagher RL, 2004. Behavior and distribution of the two fall armyworm host strains in Florida. *Florida Entomologist*, 87(4): 440–449.

Nagoshi RN, Meagher RL, Kathy F, Jeffrey G, Ryan J, Juan L, 2008. Using haplotypes to monitor the migration of fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) corn-strain populations from Texas and Florida. *Journal of Economic Entomology*, 101(3): 742–749.

Nagoshi RN, Rosas-García NM, Meagher RL, Fleischer SJ, Westbrook JK, Sappington TW, Hay-Roe M, Thomas JMG, Murúa GM, 2015. Haplotype profile comparisons between *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) populations from Mexico with those from Puerto Rico, South America, and the United States and their implications to migratory behavior. *Journal of Economic Entomology*, 108(1): 135–144.

Nagoshi RN, Meagher RL, 2016. Using intron sequence comparisons in the triosephosphate isomerase gene to study the divergence of the fall armyworm host strains. *Insect Molecular Biology*, 25(3): 324–337.

Nagoshi RN, Goergen G, Tounou KA, Agboka K, Koffi D, Meagher RL, 2018. Analysis of strain distribution, migratory potential, and invasion history of fall armyworm populations in northernsu Xb-Saharan Africa. *Scientific Reports*, 8(1): 3710.

Pascaline D, Fabrice L, Claire L, Erwan S, Marion O, Karine L, Sylvie G, Anne-Laure C, Hélène H, Fabrice V, Jean-Marc A, Philippe F, Gael JK, Emmanuelle D, 2015. *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) host-plant variants: Two host strains or two distinct species? *Genetica*, 143(3): 305–316

Rodney NN, 2010. The fall armyworm triose phosphate isomerase (*Tpi*) gene as a marker of strain identity and interstrain mating. *Annals of the Entomological Society of America*, 103(2): 283–292.

Rodney NN, 2012. Improvements in the iIdentification of strains facilitate population studies of fall armyworm subgroups. *Annals of the Entomological Society of America*, 105(2): 351–358.

Rodney NN, Shelby F, Robert LM, Mirian HR, Ayub KM. Gabriela M, Pierre S, Clorinda V, John W, 2017. Fall armyworm migration across the Lesser Antilles and the potential for genetic exchanges between North and South American populations. *PLoS ONE*, 12(3): e0171743-1-e0171743-18.

Tang YL, Gu RC, Wu YY, Zou XM, Zhang Z, Niu XH, Wang ZL, Chen J, Li T, Li CF, Wei JH, Pan GQ, Zhou ZY, 2019. Biotype identification of the population of *Spodoptera frugiperda* that migrated to Chongqing area. *Journal of Southwest University*, 41(7): 1–6. [唐运林, 顾偌铖, 吴燕燕, 邹祥明, 张祯, 牛小慧, 王泽乐, 陈洁, 李田, 李春峰, 韦俊宏, 潘国庆, 周泽扬, 2019. 入侵重庆地区的草地贪夜蛾种群生物型鉴定. 西南大学学报,

41(7): 1–6.]

Wang JL, Wei JQ, Sun ZX, Xu HH, Lin F, 2020. Haplotype and genetic diversity analysis of *Spodoptera frugiperda* invading in three provinces of central and southern China. *Journal of South China Agricultural University*, 41(1): 9–16. [王佳丽, 韦加奇, 孙志秀, 徐汉虹, 林菲, 2020. 入侵我国中南三省(区)草地贪夜蛾的单倍体型和群体遗传结构分析. 华南农业大学学报, 41(1): 9–16.]

Wang P, Kong BY, Zhu JS, Guo D, Kong ZY, Hu L, Chu D, 2020. Rapid differentiation of Corn and Rice-strain of *Spodoptera furgiperda* using mtCOI PCR-RFLP technique. *Shandong Agricultural Science*, 52(3): 19–23. [王鹏, 孔宝玉, 朱军生, 国栋, 孔子艺, 胡磊, 褚栋, 2020. 利用 mtCOI PCR-RFLP 技术鉴别草地贪夜蛾水稻型和玉米型. 山东农业科学, 52(3): 19–23.]

Wang YR, Cai XY, Zhuang JX, Hou YM, 2020. Molecular identification of *Spodoptera frugiperda* invaded in Fujian province. *Plant Protection*, 46(6): 189–193. [王亚如, 蔡香云, 庄家祥, 侯有明, 2020. 入侵福建的草地贪夜蛾的分子鉴定. 植物保护, 46(6): 189–193.]

Westbrook JK, Nagoshi RN, Meagher RL, Fleischer SJ, Jairam S, 2016. Modeling seasonal migration of fall armyworm moths. *International Journal of Biometeorolo*gy, 60(2): 255–267.

Zhang L, Jin MH, Zhang DD, Jiang YY, Liu J, Wu KM, Xiao YT, 2019. Molecular identification of invasive fall armyworm *Spodoptera frugiperda* in Yunnan province. *Plant Protection*, 45(2): 19–24. [张磊, 靳明辉, 张丹丹, 姜玉英, 刘杰, 吴孔明, 萧玉涛, 2019. 入侵云南草地贪的分子鉴定. 植物保护, 45(2): 19–24.]

Zhang L, Liu B, Jiang YY, Liu J, Wu KM, Xiao YT, 2019. Molecular characterization analysis of fall armyworm populations in China. *Plant Protection*, 45(4): 20–27. [张磊, 柳贝, 姜玉英, 刘杰, 吴孔明, 萧玉涛, 2019. 中国不同地区草地贪夜蛾种群生物型分子特征分析. 植物保护, 45(4): 20–27.]

Zheng Y, Yao FL, Huang XY, Ding XL, He YX, Weng QY, 2016. Genetic structure of the geographical populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) in Fujian, China. *Journal of Plant Protection*, 43(1): 78–83 [郑宇, 姚凤銮, 黄晓燕,丁雪玲, 何玉仙, 翁启勇, 2016. 福建省烟粉虱不同地理种群遗传结构特征. 植物保护学报, 43(1): 78–83.]

****

封面介绍

草地贪夜蛾 *Spodoptera frugiperda* (Smith)幼虫

草地贪夜蛾隶属于鳞翅目（Lepidoptera）夜蛾科（Noctuidae）原产地为美洲热带和亚热带气地区。2016 年入侵非洲，2018 在亚洲的印度首先发现并在南亚和东南亚快速扩散到周边国家，2019 年 1 月入侵中国云南并迅速扩散到 20 多个省区。

草地贪夜蛾可取食 350 多种植物，但更喜欢禾草科植物。该虫分为 2 个型，即：玉米型主要危害玉米、甘蔗等，水稻型主要取食水稻。玉米幼苗期是遭受草地贪夜蛾危害最为严重的时期，低龄幼虫取食叶片，高龄幼虫可钻蛀玉米幼苗至芯叶危害，造成玉米幼苗枯死，幼虫也可钻玉米穗中取食危害

（张润志，中国科学院动物研究所）