

一种入侵我国的新害虫——桧柏臀纹粉蚧 (半翅目: 蚧次目: 粉蚧科)*

武三安** 李宇昂 徐 晗

(北京林业大学森林培育与保护省部级共建重点实验室, 北京 100083)

摘 要 【目的】确定杜松臀纹粉蚧是否为桧柏臀纹粉蚧 *Planococcus vovae* 异名, 进而探明桧柏臀纹粉蚧是否为我国新入侵害虫。【方法】除比较雌成虫形态外, 基于 *COI* 的 HCO-LCO 区域序列, 利用 NCBI 的基因数据库的 BLAST 功能对我国北京和内蒙古粉蚧样品进行分子鉴定; 结合 7 种粉蚧, 构建贝叶斯和最大似然系统发育树; 计算样品间的遗传距离。【结果】内蒙古和北京样品的雌成虫间存有明显的形态差别; 北京和内蒙古样品与法国桧柏臀纹粉蚧的 *COI* 匹配度分别为 99.85% 和 95.13%; 在贝叶斯和最大似然系统发育树上, 北京样品与法国和西班牙的桧柏臀纹粉蚧聚为 1 支, 内蒙古样品则与其为姐妹群; 北京 3 份样品间及与法国、西班牙的桧柏臀纹粉蚧间遗传距离为 0, 内蒙古与北京样品间的遗传距离为 0.05。【结论】杜松臀纹粉蚧不是桧柏臀纹粉蚧异名, 应恢复其种级地位; 确定桧柏臀纹粉蚧是我国一种新入侵害虫。

关键词 桧柏臀纹粉蚧; 杜松臀纹粉蚧; 入侵害虫; 北京

A new invasive pest in China: *Planococcus vovae* (Nassonov, 1909) (Hemiptera: Coccoomorpha: Pseudococcidae)

WU San-An** LI Yu-Ang XU Han

(The Key Laboratory for Silviculture and Conservation of Ministry of Education, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract 【Objectives】To determine whether *Planococcus vovae* (Nassonov, 1909) is synonymous with *Planococcus juniperus* Tang, 1989 or a new invasive pest in China. 【Methods】In addition to comparing the morphology of adult females collected from Beijing and Inner Mongolia, new sequences in the HCO-LCO region of the *COI* gene were compared to those in NCBI using the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Phylogenetic trees were then constructed using the Bayesian inference and Maximum likelihood methods, and the genetic distance between the *COI* sequences of different specimens was calculated. 【Results】Many morphological differences are apparent between adult females from Beijing and those from Inner Mongolia. *COI* consistency between specimens from Beijing and Inner Mongolia, and between specimens from Beijing and French *P. vovae*, are 99.85% and 95.13%, respectively. Beijing specimens and *P. vovae* from France and Spain clustered in a single clade on two phylogenetic trees and had a genetic distance of 0. In contrast, there is a genetic distance of 0.05 between European specimens and those from Inner Mongolia. 【Conclusion】*P. vovae* is not synonymous with *P. juniperus* Tang and is therefore a new invasive pest in China.

Key words *Planococcus vovae*; *P. juniperus*; invasive pest; Beijing

桧柏臀纹粉蚧 *Planococcus vovae* (Nassonov, 1909) 在分类上隶属于半翅目 Hemiptera 蚧次目 Coccoomorpha 粉蚧科 Pseudococcidae 的臀纹粉蚧

属 *Planococcus* Ferris。该种广布欧洲大部分地区, 北可达俄罗斯的圣彼得堡, 在地中海地区和亚洲西南部普遍分布, 可达土耳其和伊朗; 输入

*资助项目 Supported projects: 国家自然科学基金 (32270476)

**通讯作者 Corresponding author, E-mail: sananwu@bjfu.edu.cn

收稿日期 Received: 2022-11-02; 接受日期 Accepted: 2023-03-14

到南美的阿根廷和巴西(Williams and Moghaddam, 1999; Danzig and Gravrilov-Zimin, 2010, 2015; CABI, 2021)。寄主包括扁柏属 *Chamaecyparis*、柏属 *Cupressus*、刺柏属 *Juniperus* 和崖柏属 *Thuja* 等 4 属 20 多种柏科 Cupressaceae 植物(CABI, 2022)。以雌成虫和若虫吸取寄主汁液危害, 同时分泌大量蜜露, 诱发煤污病, 影响寄主的光合作用, 造成针叶发黄、早落, 枝条枯死等现象, 在土耳其、伊朗、意大利和塞尔维亚等许多国家是柏树的重要害虫(Uygun *et al.*, 1998; Ulgenturk *et al.*, 2004; Moghadam, 2006; Graora *et al.*, 2014)。CABI (2022) 也将其列为外来有害生物。

杜松臀纹粉蚧 *Planococcus juniperus* Tang, 1989 为汤昉德和李杰(1989)依据 1984-1985 年采自内蒙古通辽和包头杜松上的粉蚧标本定的一个新种, 后汤昉德(1992)将此种移至皤粉蚧属 *Crisicoccus*, 其学名相应改为 *Crisicoccus juniperus*, 中文名改为杜松皤粉蚧。Danzig and Gravrilov-Zimin (2010) 在没有观察模式标本的情况下, 仅依据描述和线条图将该种作为桧柏臀纹粉蚧的异名处理, 后被世界蚧虫网 ScaleNet 采用(Morales *et al.*, 2022)。

2020-2022 年, 在北京市多个地点发现粉蚧严重危害桧柏和叉子圆柏, 经室内制作玻片标本, 依据雌成虫形态特征鉴定为桧柏臀纹粉蚧。本文通过形态学和分子生物学相结合的方法, 回答杜松臀纹粉蚧是否与桧柏臀纹粉蚧同种, 近年在北京危害桧柏等植物的粉蚧是否为桧柏臀纹粉蚧, 从而探明桧柏臀纹粉蚧是否为我国新入侵害虫等问题。

1 材料与方法

1.1 试验材料

杜松臀纹粉蚧(又名杜松刺粉蚧、杜松皤粉蚧)采自模式标本原产地之一的内蒙古包头市杜松 *Juniperus rigida* (文中用 NMR 表示, 下同) 上; 桧柏臀纹粉蚧采自北京天坛公园(BTC) 和北京林业大学校园桧柏 *Juniperus chinensis* (BLC) 及叉子圆柏 *J. sabina* (BLS) 上。用于玻片标本制备和鉴定的样品保存在 75%乙醇中, 用

于分子测序的样品保存在 100%乙醇中。

1.2 试验方法

1.2.1 玻片标本制备 用于形态学研究的玻片标本制备方法采用 Borchsenius (1949) 介绍的永久玻片标本制作方法。

1.2.2 条形码序列获取 分子数据为 CO I 条形码序列, 其中 NMR、BTC、BLC、BLS 4 条序列为新测序序列, 其余序列均从 GenBank 下载获得, 种类和序列号见表 1, 其中涉及桧柏臀纹粉蚧 2 条, 1 条来自法国样品(GenBank 序列号: JQ085557)(Abd-Rabou *et al.*, 2012), 1 条来自西班牙样品(GenBank 序列号: JF714206)(Beltrà *et al.*, 2012)。4 条新测序序列各采用 3 头雌成虫, 由 DNeasy 试剂盒提取, PCR 扩增使用 S1000 PCR 进行, CO I 扩增引物 C1-1554F/C1-2342R。PCR 体系均采用 25 μ L 反应体系, DNA 模板 1 μ L、C1-1554F/C1-2342R(5'-CAGGAATAATAGGAA-CATCAATAAG-3')(5'-ATCAATGTCTAATCC-GATAGTAAATA-3')(Deng *et al.*, 2012)各 1 μ L、2x Premix 7.5 μ L、ddH₂O 14.5 μ L。PCR 反应条件遵循李焱(2020)所使用的反应条件。对 PCR 结果样本进行送测, 测序工作由北京睿博兴科生物技术有限公司完成。

1.2.3 分子鉴定 获得的条形码序列用 ContigExpress 软件进行序列核查、编辑, 然后在 NCBI 上进行 BLAST 同源分析, 以便确定所测序列种类(李焱等, 2020)。

1.2.4 分子系统关系构建 所有的序列均选取正向序列, 反向序列使用 MEGA v7.0.26(Kumar *et al.*, 2016)将其反转, 并用 MUSCLE(Edgar, 2004)比对。臀纹粉蚧属 CO I 条形码序列的系统发育树的构建完全在 PhyloSuite v1.2.2(Zhang *et al.*, 2020)中完成, 将比对后的序列用 Gblocks(Talavera and Castresana, 2007)在默认的参数设置下去除排列不整齐的部分。选用最大似然法(Maximum likelihood, ML)和贝叶斯法(Bayesian inference, BI)作为评价臀纹粉蚧属内种间关系的方法, 两种方法的替换模型均由 ModelFinder(Kalyaanamoorthy *et al.*, 2017)提供。以核桃皤粉蚧 *Crisicoccus matsumotoi* 作为

表 1 供试粉蚧种类及 CO I 序列编号
Table 1 Mealybug species studied and their GenBank accession numbers for CO I sequences

样本编号 No.	种类 Species	序列编号 GenBank accession number	样本编号 No.	种类 Species	序列编号 GenBank accession number
1	柑橘臀纹粉蚧 <i>Planococcus citri</i>	MG813762	17	<i>Planococcus lilacinus</i>	KU254159
2	<i>Planococcus citri</i>	MG813760	18	<i>Planococcus lilacinus</i>	KY372632
3	<i>Planococcus citri</i>	KY372846	19	大洋臀纹粉蚧 <i>Planococcus minor</i>	KY373094
4	<i>Planococcus citri</i>	MG813767	20	<i>Planococcus minor</i>	KP692658
5	<i>Planococcus citri</i>	KY372905	21	<i>Planococcus minor</i>	KX015106
6	无花果臀纹粉蚧 <i>Planococcus ficus</i>	KY373122	22	<i>Planococcus minor</i>	KY372523
7	<i>Planococcus ficus</i>	JQ085548	23	桧柏臀纹粉蚧 <i>Planococcus vovae</i>	JQ085557
8	<i>Planococcus ficus</i>	KY372626	24	<i>Planococcus vovae</i>	JF714206
9	紫藤臀纹粉蚧 <i>Planococcus kraunhiae</i>	KY373125	25	核桃皴粉蚧 <i>Crisicoccus matsumotoi</i>	GU936933
10	<i>Planococcus kraunhiae</i>	KY372698	26	<i>Crisicoccus matsumotoi</i>	KP692520
11	<i>Planococcus kraunhiae</i>	KP981071	27	<i>Crisicoccus matsumotoi</i>	HM474110
12	<i>Planococcus kraunhiae</i>	KP692649	28	<i>Crisicoccus matsumotoi</i>	KY373028
13	<i>Planococcus kraunhiae</i>	KP692651	29	NMR	OP654154
14	南洋臀纹粉蚧 <i>Planococcus lilacinus</i>	KY373178	30	BLC	OP654156
15	<i>Planococcus lilacinus</i>	KP692656	31	BLS	OP654155
16	<i>Planococcus lilacinus</i>	KX015097	32	BTC	OP654157

外群，在 HKY+I+G+F 模型（2 次并行运行，2 000 000 代）下，使用 MrBayes 3.2.6(Ronquist *et al.*, 2012) 构建贝叶斯树。使用 IQ-TREE (Nguyen *et al.*, 2015) 在 HKY+I+G4+F 模型下，构建最大似然树。

1.2.5 遗传距离分析 遗传距离使用 MEGA 7 中的 Kimura 2-parameter (K2P) 模型计算桧柏臀纹粉蚧 CO I 条形码序列种内遗传距离。

2 结果与分析

2.1 形态学研究

采自北京的标本，其雌成虫的外部形态与 Kosztarab 和 Kozar (1988)、Cox 和 Ben-Dov (1986)、Cox (1989) 和 Williams & Granara de Willink (1992) 对桧柏臀纹粉蚧 *Planococcus vovae* 的形态描述和绘图相同。雌成虫体为卵圆形，长约 3 mm，宽约 1.7 mm。触角 8 节。背孔

2 对。后足基节上有成群透明孔。腹脐 1 个，大，近方形。刺孔群 14-18 对，每个刺孔群有 2 根锥刺。茸状腺数量少，分布于体背和腹面缘区；领管腺有两种大小，大的在背面，小的在腹面；多格腺在腹部腹面成横列或带分布；三格腺散布于背腹两面（图 1）。

采自内蒙古包头市的标本，其雌成虫的外部形态与汤祯德和李杰（1989）对杜松臀纹粉蚧 *Planococcus juniperus* Tang 的原始描述和绘图一致。雌成虫与桧柏臀纹粉蚧相似，但体面无茸状腺、腹脐缺及刺孔群 17 对（图 2）。

2.2 分子生物学研究

对我国的 4 个样品进行 DNA 扩增、测序，获得 CO I 的条形码序列，并上传到 NCBI 数据库。

2.2.1 与 NCBI 库中序列比对 北京样品的 CO I 条形码序列与来自法国的 *P. vovae* (GenBank 序列号: JQ085557) 匹配度为 99.85%；

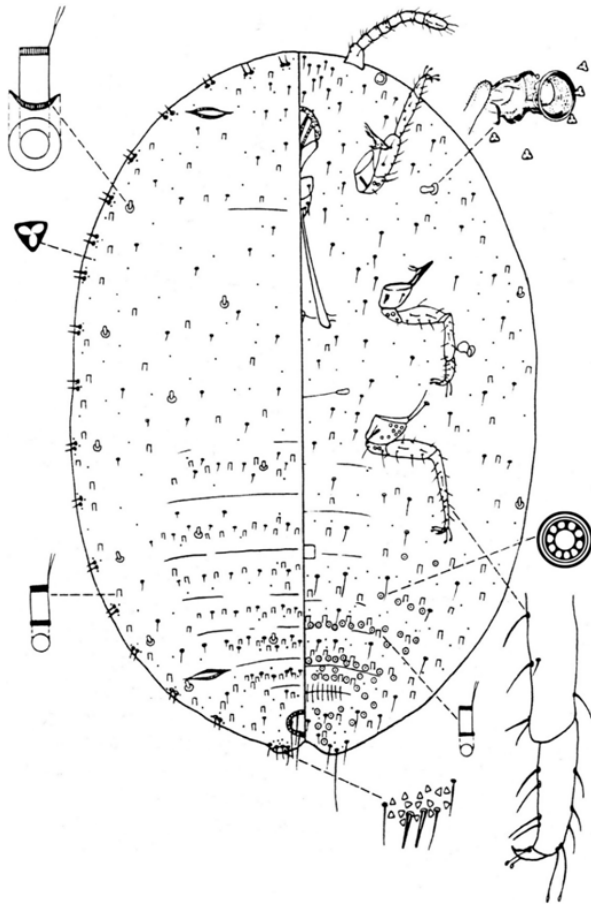


图 1 桧柏臀纹粉蚧雌成虫(仿 Kosztarab and Kozar, 1988)

Fig. 1 The adult female of *Planococcus vovae* (adapted from Kosztarab and Kozar, 1988)

内蒙古包头样品的 *CO I* 条形码序列与来自法国的 *P. vovae* (GenBank 序列号: JQ085557) 匹配度为 95.13%。

2.2.2 系统发生关系 基于 *CO I* 的条形码序列, 以核桃皴粉蚧 *Crisicoccus matsumotoi* 为外群, 建立的臀纹粉蚧属种类的贝叶斯树和最大似然树见图 3 和图 4。

从图 3 和图 4 可以看出, 贝叶斯树和最大似然树的分支结构基本相同, 具有多条序列的 *Planococcus citri*、*P. minor*、*P. lilacinus*、*P. kraunhiae* 和 *Crisicoccus matsumotoi* 均聚为 1 支, 而 *P. ficus* 在 2 支上。来自法国和西班牙的 *P. vovae* 和 3 份采自北京的样品聚为 1 支, 支持率大于 95%, 内蒙包头的样品在另一支, 与之形成姐妹群。

2.2.3 遗传距离 来自中国北京、西班牙和法国

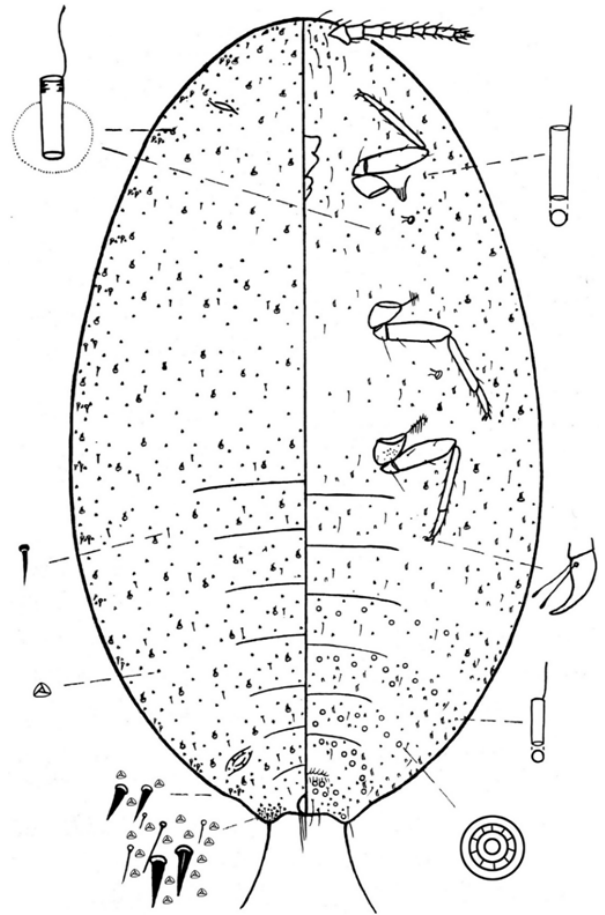


图 2 杜松臀纹粉蚧雌成虫 (仿汤枋德和李杰, 1989)

Fig. 2 The adult female of *Planococcus juniperus* (adapted from Tang and Li, 1989)

的 5 份样品间遗传距离为 0, 内蒙古样品与其他样品间的遗传距离均为 0.05 (表 2)。

3 结论与讨论

3.1 近年在北京危害柏树的粉蚧为桧柏臀纹粉蚧 *P. vovae*

通过以上雌成虫形态学特征观察、比对, 分子生物学的序列比对、系统发育树分析及遗传距离计算, 可以得出结论, 在北京桧柏和叉子圆柏上危害的粉蚧与在欧洲法国和西班牙寄生柏树的粉蚧为同一种, 即桧柏臀纹粉蚧 *P. vovae*。

3.2 杜松臀纹粉蚧 *Planococcus juniperus* Tang 并非桧柏臀纹粉蚧的异名

内蒙古包头样品来自杜松臀纹粉蚧的原产地, 其与桧柏臀纹粉蚧在雌成虫形态上有所区

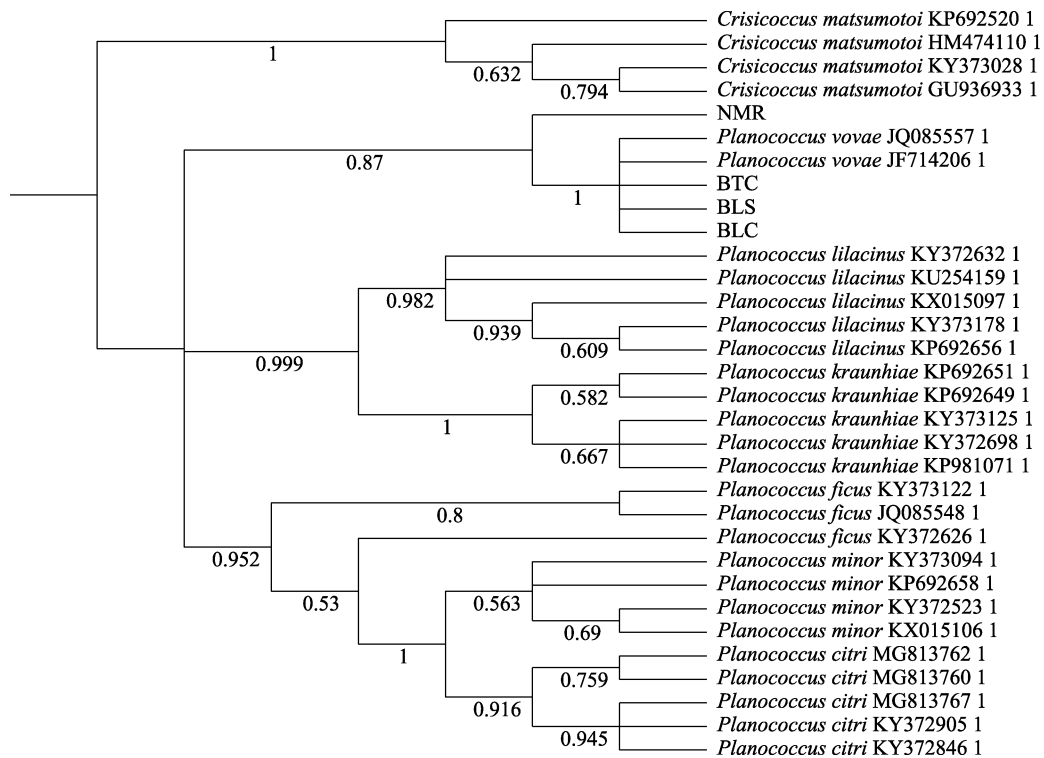


图 3 基于 *CO I* 条形码序列的贝叶斯树 (分支上数字为后验概率)

Fig. 3 The phylogenetic tree conducted based on the *CO I* barcoding sequences using Bayesian inference (the numbers above branches show posterior probability)

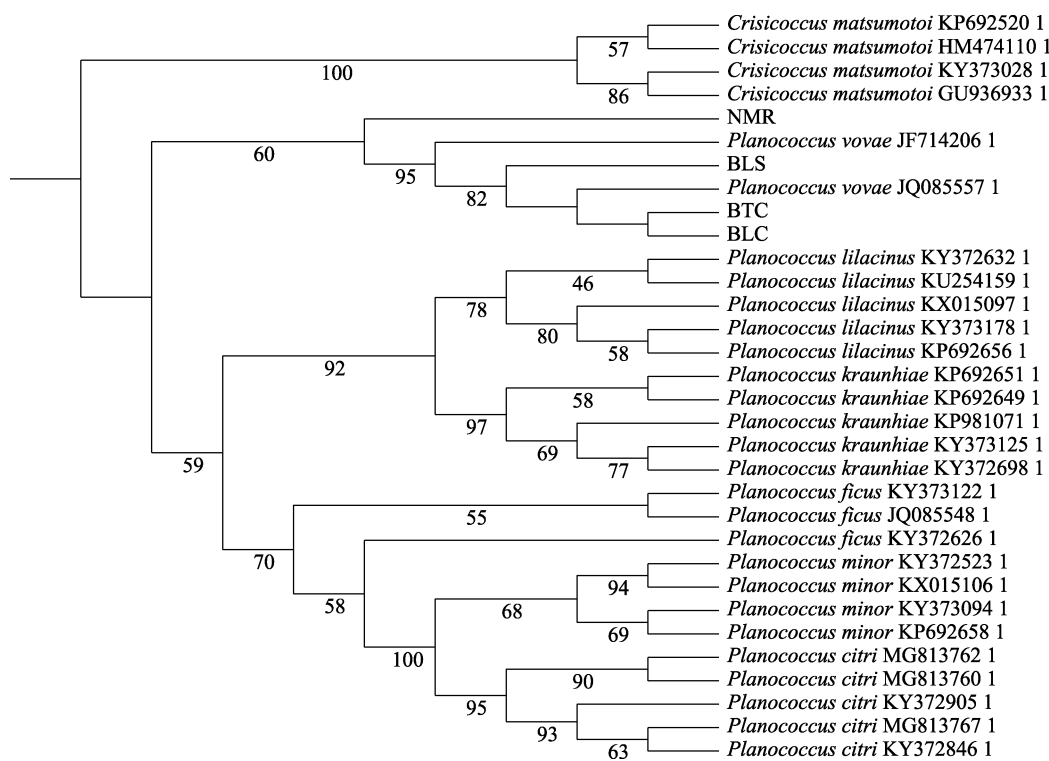


图 4 基于 *CO I* 条形码序列的最大似然树 (分支上数字为自展值)

Fig. 4 The phylogenetic tree conducted based on the *CO I* barcoding sequences using Maximum Likelihood method (the numbers above branches show bootstrap)

表 2 桧柏臀纹粉蚧及其近似种间的遗传距离 (K2P)

Table 2 K2P genetic distances among samples

	NMR	BLC	BTC	<i>P. vovae</i> _JQ085557.1	<i>P. vovae</i> _JF714206.1
NMR					
BLC	0.05				
BLS	0.05	0			
BTC	0.05	0	0		
<i>P. vovae</i> _JQ085557.1	0.05	0	0	0	
<i>P. vovae</i> _JF714206.1	0.05	0	0	0	0

别,前者缺腹脐,而后者有;前者背部管腺管口虽膨大,但不如后者为典型的蕈状。基于 *CO I* 条形码序列,杜松臀纹粉蚧与桧柏臀纹粉蚧的遗传距离为 0.05,而同属近缘种大洋臀纹粉蚧和柑橘臀纹粉蚧的种间遗传距离为 0.016-0.022(Rung *et al.*, 2008; 任竞妹, 2016; 王玉生等, 2016),表明杜松臀纹粉蚧应为一个独立种,而非桧柏臀纹粉蚧的异名,应恢复其种级地位 *Planococcus juniperus* Tang, revived status。

基于以上理由,桧柏臀纹粉蚧在北京的发现应看作是一个新的入侵事件。建议将桧柏臀纹粉蚧列入我国入侵害虫名单;建议尽早调查桧柏臀纹粉蚧在我国的寄主、分布和天敌,研究其在我国环境下的生物学特性和适合我国的防控措施。

致谢: 内蒙古包头市园林科学研究所的赵金锁先生帮助采集杜松臀纹粉蚧样品,在此表示感谢。

参考文献 (References)

Abd-Rabou S, Shalaby H, Germain JF, Ris N, Kreiter P, Malausa T, 2012. Identification of mealybug pest species (Hemiptera: Pseudococcidae) in Egypt and France, using a DNA barcoding approach. *Bulletin of Entomological Research*, 102(5): 515–523.

Beltrà A, Soto1 A, Malausa T, 2012. Molecular and morphological characterization of Pseudococcidae surveyed on crops and ornamental plants in Spain. *Bulletin of Entomological Research*, 102(2): 165–172.

Borchsenius NS, 1949. Mealybugs and Scale Insects of USSR (Coccoidea). Moscow: Akademii Nauk SSSR, Zoological Institute. 32: 116–117, 134–135.

CABI, 2021. CABI Compendium: *Planococcus vovae*. <https://doi.org/10.1079/cabicompendium.41893>.

Cox JM, 1989. The mealybug genus *Planococcus* (Homoptera: Pseudococcidae). *Bulletin British Museum (Natural History). Entomology*, 58(1): 1–78.

Cox JM, Ben-Dov Y, 1986. Planococcine mealybugs of economic importance from the Mediterranean Basin and their distinction from a new African genus (Hemiptera: Pseudococcidae). *Bulletin of Entomological Research*, 76(3): 481–489.

Danzig EM, Gavrilov-Zimin IA, 2010. Mealybugs of the genera *Planococcus* and *Crisicoccus* (Sternorrhyncha: Pseudococcidae) of Russia and adjacent countries. *Zoosystematica Rossica*, 19(1): 39–49.

Danzig EM, Gavrilov-Zimin IA, 2015. Palaearctic Mealybugs (Homoptera: Coccinea: Pseudococcidae), Part 2: Subfamily Pseudococcinae. St. Petersburg: Zoological Institute, Russian Academy of Sciences. 213–216.

Deng J, Yu F, Zhang TX, Hu HY, Zhu CD, Wu SA, Zhang YZ, 2012. DNA barcoding of six *Ceroplastes* species (Hemiptera: Coccoidea: Coccidae) from China. *Molecular Ecology Resources*, 12(5): 791–796.

Edgar RC, 2004. MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5): 1792–1797.

Graora D, Spasic R, Ilic S, 2014. Biology and harmfulness of *Planococcus vovae* (Nassonov) (Hemiptera: Pseudococcidae) in Belgrade area. *Pesticidi I Fitomedicina*, 29(1): 67–74.

Kalyaanamoorthy S, Minh BQ, Wong TKF, von Haeseler A, Jermini LS, 2017. ModelFinder: Fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature Methods*, 14(6): 587–589.

Kosztarab M, Kozar F, 1988. Scale Insects of Central Europe. Budapest: Akademiai Kiado. 64–66.

Kumar S, Stecher G, Tamura K, 2016. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7):1870–1874.

Li Y, 2020. Molecular identification and phylogenetic studies of

- Coccidae. Master dissertation. Beijing: Beijing Forestry University. [李焱, 2020. 基于分子数据的蚧科昆虫种类鉴定及系统发育研究. 硕士学位论文. 北京: 北京林业大学.]
- Li Y, Wang XB, Wu SA, 2020. Phylogeny of the Pseudococcidae based on CO I gene sequence variation. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 57(6): 1362–1374. [李焱, 王戌勃, 武三安, 2020. 不同 CO I 基因序列区域在粉蚧科物种识别和系统发育研究中的应用比较. *应用昆虫学报*, 57(6): 1362–1374.]
- Moghadam M, 2006. The mealybugs of southern of Iran (Hem.:Coccoidea: Pseudococcidae). *Journal of Entomological Society of Iran*, 26(1): 1–11.
- Morales GM, Denno BD, Miller DR, Miller GL, Ben-Dov Y, Hardy NB, 2022. ScaleNet: A literature-based model of scale insect biology and systematics. Doi: 10.1093/database/bav118.
- Nguyen LT, Schmidt HA, von Haeseler A, Minh BQ, 2015. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32(1): 268–274.
- Ren JM, 2016. DNA barcoding and database construction of Pseudococcidae. Master dissertation. Guangzhou: South China Agricultural University. [任竞妹, 2016. 粉蚧科昆虫 DNA 条形码鉴定技术及数据库的建立. 硕士学位论文. 广州: 华南农业大学.]
- Rung A, Scheffer SJ, Evans G, Miller D, 2008. Molecular identification of two closely related species of mealybugs of the genus *Planococcus* (Homoptera: Pseudococcidae). *Annals of the Entomological Society of America*, 101(3): 525–532.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget B, Liu L, Suchard MA, Huelsenbeck JP, 2012. MrBayes 3.2: Efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539–542.
- Talavera G, Castresana J, 2007. Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments. *Systematic Biology*, 56(4): 564–577.
- Tang FD, Li J, 1989. Observation on the Coccidea of Inner Mongolia in China. Inner Huhhot: Inner Mongolia University Press. 42–44. [汤祯德, 李杰, 1989. 内蒙古蚧害考察. 呼和浩特: 内蒙古大学出版社. 42–44.]
- Tang FD, 1992. The Pseudococcus of China. Beijing: China Agricultural Science and Technology Publishing House Press. 346, 352. [汤祯德, 1992. 中国粉蚧科. 北京: 中国农业科技出版社. 346, 352.]
- Ulgenturk S, Canakcioglu H, Kaygin A, 2004. Scale insects of the conifer trees in Turkey and their zoogeographical distribution. *Journal of Pest Science*, 77(2): 99–104.
- Uygun N, Sengonca C, Erkiliç, L, Schade, M, 1998. The Coccoidea fauna and their host plants in cultivated and non-cultivated areas in the East Mediterranean region of Turkey. *Acta Phytopathologica Academiae Scientiarum Hungaricae*, 33(1/2): 183–191.
- Wang YS, Zhou P, Tian H, Wan FH, Zhang GF, 2016. Validity of DNA barcoding in identification of *Planococcus minor* (Maskell) (Hemiptera: Pseudococcidae), a potential major invasive alien species to China. *Acta Entomologica Sinica*, 59(7): 747–758. [王玉生, 周培, 田虎, 万方浩, 张桂芬, 2016. DNA 条形码技术对重大潜在入侵害虫大洋臀纹粉蚧的鉴定有效性研究. *昆虫学报*, 59(7): 747–758.]
- Williams DJ, Granara de Willink MC, 1992. Mealybugs of Central and South America. Wallingford: CAB International. 404–406.
- Williams DJ, Moghaddam M, 1999. Mealybug species of the genus *Planococcus* Ferris in Iran (Homoptera: Coccoidea: Pseudococcidae) with a discussion of *Planococcus vovae* (Nasonov). *Journal of Entomological Society of Iran*, 18(1/2): 32–43.
- Zhang D, Gao F, Jakovlić I, Zou H, Zhang J, Li WX, Wang GT, 2020. PhyloSuite: An integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies. *Molecular Ecology Resources*, 20(1): 348–355.