

引用格式:

陈晓琴, 李平东, 杨蕉旭, 温凯, 张萌娜, 郑小玲, 阮用颖, 岳鑫璐, 江民宝, 殷祥语, 孟子焯. 深圳危害榕属植物的舞蛾科害虫的发生及鉴定[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2023, 49(4): 448–452.

CHEN X Q, LI P D, YANG J X, WEN K, ZHANG M N, ZHENG X L, RUAN Y Y, YUE X L, JIANG M B, YIN X Y, MENG Z Y. Occurrence and identification of a Choreutidae pest on *Ficus* L. in Shenzhen [J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2023, 49(4): 448–452.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



深圳危害榕属植物的舞蛾科害虫的发生及鉴定

陈晓琴¹, 李平东², 杨蕉旭¹, 温凯², 张萌娜¹, 郑小玲²,
阮用颖¹, 岳鑫璐², 江民宝¹, 殷祥语¹, 孟子焯^{3*}

(1.深圳职业技术学院建筑工程学院, 广东 深圳 518055; 2.深圳市农业科技促进中心, 广东 深圳 518055; 3.贵州师范大学荞麦产业技术研究中心, 贵州 贵阳 550025)

摘要: 于2022年4月至11月, 在深圳市多个住宅小区绿地调查发现1种危害榕属植物的舞蛾科害虫, 采集其幼虫, 在室内饲养至羽化, 观察各虫态形态特征并进行初步鉴定, 对其线粒体 *COI* 基因部分序列进行扩增, 结合形态特征与分子数据, 鉴定该虫为交织桑舞蛾(*Choreutis empletta* (Turner))。调查其寄主植物、发生及为害情况, 发现该虫主要危害黄金榕, 在小叶榕、垂叶榕和金钱榕上有零星发生; 4—11月均可见该虫幼虫, 9月幼虫虫口密度稍高, 4—5月、8—9月和11月可见该虫成虫。

关键词: 舞蛾科; 交织桑舞蛾; 榕属植物; 分子鉴定; 线粒体 *COI* 基因

中图分类号: Q969.42

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2023)04-0448-05

Occurrence and identification of a Choreutidae pest on *Ficus* L. in Shenzhen

CHEN Xiaoqin¹, LI Pingdong², YANG Jiangxu¹, WEN Kai², ZHANG Mengna¹, ZHENG Xiaoling²,
RUAN Yongying¹, YUE Xinlu², JIANG Minbao¹, YIN Xiangyu¹, MENG Ziyue^{3*}

(1.School of Architectural Engineering, Shenzhen Polytechnic, Shenzhen, Guangdong 518055, China; 2.Shenzhen Agricultural Technology Promotion Center, Shenzhen, Guangdong 518055, China; 3.Research Center of Buckwheat Industry Technology, Guizhou Normal University, Guiyang, Guizhou 550025, China)

Abstract: From April to November in 2022, green lands in various residential districts in Shenzhen city were investigated, the authors found a Choreutidae pest on *Ficus* L., and the larvae were collected and reared indoors to adults. The morphological characteristics were observed for preliminary identification, and the partial mitochondrial *COI* sequence was amplified and sequenced. Based on the morphological characteristics and molecular data, the pest was identified as *Choreutis empletita* (Turner). The preliminary investigation on the host plants and their occurrence was carried out in green lands of various residential districts in Shenzhen. The results showed that *Choreutis empletita* (Turner) occurred mainly on *Ficus microcarpa* L. cv Golden Leaves and sporadically on *Ficus concinna*(Miq.) Miq., *Ficus benjamina* L. and *Ficus deltoidea* Jack. The larvae can be seen from April to November. The density of larvae was slightly higher in September. Adults can be seen from April to May, August to September, and November.

Keywords: Choreutidae; *Choreutis empletta* (Turner); *Ficus* L.; molecular identification; mitochondrial *COI* gene

榕属植物树姿优美、枝叶繁茂、生长迅速、观赏价值高, 是热带和亚热带地区的特色树种^[1-3]和

深圳重要的园林绿化植物。但榕属植物易遭受朱红毛斑蛾 (*Phauda flammans* Walker)、灰白蚕蛾

收稿日期: 2022-12-05

修回日期: 2023-05-15

基金项目: 国家自然科学基金项目(32270483); 广东省基础与应用基础研究基金项目(2023A1515030133)

作者简介: 陈晓琴(1981—), 女, 河南扶沟人, 硕士, 高级农艺师, 主要从事植物病虫害监测与防控及昆虫分类研究, chenxiaoqin@szpt.edu.cn;

*通信作者, 孟子焯, 博士, 助理研究员, 主要从事农业昆虫分类与害虫防治研究, ziyemeng@outlook.com

(*Ocinara varians* Walker)、榕透翅毒蛾(*Perina nuda* (Fabricius))、榕管蓟马(*Gynaikothrips uzeli* Zimmerman)、榕木虱(*Macrohomotoma gladiatum* Kuwayama)等害虫^[4]的危害。2022 年 4 月,笔者在深圳各住宅小区绿地进行园林植物病虫害调查时发现 1 种鳞翅目舞蛾科害虫,其幼虫在黄金榕等榕属植物上取食为害,使植物叶片残缺不全、枯萎,并将大量粪便排泄在叶片上,严重影响寄主植物生长和景观效果。采集其幼虫,室内饲养该幼虫至羽化,对成虫进行形态学种类鉴定并扩增了线粒体 *CO I* 基因部分序列,构建系统发育树并在分子水平进行鉴定;同时调查了该害虫的寄主植物和发生危害情况,以期为后续该害虫的科学防控提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

2022 年 9 月,于深圳市罗湖区龙园山庄采集黄金榕害虫幼虫,于室内 26 °C 饲喂黄金榕叶片,直至羽化。

1.2 方法

1.2.1 害虫形态学鉴定

使用 Motic SMZ-168 体视镜(厦门麦克奥迪实业集团有限公司产品)观察害虫的形态特征,进行种类鉴定^[5-6];使用佳能 EOS 800D 及佳能 SX740 HS 相机拍照。

1.2.2 害虫的分子生物学鉴定

取新鲜成虫 5 头,去翅,用 EZNA Insect DNA Kit 试剂盒提取总 DNA。

PCR 扩增上游引物为 5'-GGTCAACAAATCAT AAAGATATTGG-3',下游引物为 5'-TAAACTTCA GGGTGACCAAAAATCA-3'^[7]。采用 TransStart FastPfu DNA Polymerase 试剂盒,反应体系为 20 μL,其中 5×FastPfu Buffer 4 μL、2.5 mmol/L dNTPs 2 μL、引物各 0.8 μL、FastPfu Polymerase 0.4 μL、DNA 模板 2 μL,补充 ddH₂O 至 20 μL。扩增程序:95 °C 预变性 5 min;95 °C 变性 30 s、55 °C 退火 30 s、72 °C 延伸 45 s,30 个循环;72 °C 保持延伸 10 min,10 °C 保存。扩增产物大小约 680 bp,经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测后送上海凌恩生物科技有限公司测序。

测序所得序列在 NCBI 网站上利用 BLAST 进行在线序列比对分析。系统树构建引入 GenBank 已知序列,其中内群采用舞蛾科中舞蛾亚科的 *C. emplecta* (Turner) (登录号 MG581932)^[8],*C. emplecta* (Turner) (登录号 MW343485),直接提交,用以验证扩增序列同 *C. emplecta* 亲缘关系;其余内群种类为舞蛾亚科的 *Saptha divitiosa* Walker (登录号 HQ533112)^[9],*Zodia scintillana* Walker (登录号 HQ533132)^[9],*Rhobonda gaurisana* Walker (登录号 HQ533110)^[9],*Tebenna gnaphaliella* Kearfott (登录号 HQ533125)^[9],*Prochoreutis inflatella* Clemens (登录号 HQ533108)^[9]。采用舞蛾科不同属类群以填充并稳定系统树分支结构,外群采用奇蛾科的 *Imma loxoscia* Turner (登录号 GU828538)^[10],奇蛾科同舞蛾科遗传距离较远,可用于系统树赋根。

运用 PhyloSuite 软件包^[11],将自测序列与 NCBI 下载的序列进行比对;序列比对采用 MAFFT 软件^[12],比对策略为 G-INS-i (accurate);采用密码子对齐模式。随后使用密码子感知程序 MACSE v 2.03^[13]优化比对,保留了阅读框并允许将测序错误或带有移码的序列纳入。比对结果采用 Gblock 软件^[14]去除间隙位点,参数设置为保守位点/侧翼最小序列数 (5/5),连续不保守位点最大序列数 (8),最大块长度 (10),允许空隙位点 (一半)。将结果导入 Model Finder^[15]寻找最佳模型为 GTR+R4+F,随后用 IQtree v 1.6.8^[16]采用 Shimodaira-Hasegawa 似然值检验构建最大似然树,自举检验重复 5000 次。

1.2.3 害虫为害情况调查

2022 年 4—11 月,在深圳市 10 个区(福田区、南山区、罗湖区、龙岗区、盐田区、坪山区、龙华区、宝安区、光明区、大鹏新区)的各住宅小区榕属植物种植区域调查黄金榕害虫为害情况,统计寄主植物种类;对寄主植物种植较多的区域,采用五点取样法,每点取 10 株植物,统计株受害率;每样点选取 1 株植株,按东、南、西、北 4 个方向各调查 3 个 20 cm 枝条,统计叶受害率及 20 cm 枝条虫口密度;对寄主植物种植较少的区域,调查全部寄主植物,统计其株受害率、叶受害率及 20 cm 枝条虫口密度。

2 结果与分析

2.1 深圳榕属植物舞蛾科害虫的形态学鉴定结果

观察发现,深圳危害榕属植物的舞蛾科害虫成虫体长约4 mm,静止时呈三角形;触角丝状,黑白相间;前胸背板黄色;前翅红褐色,散布黑、黄色斑纹及银蓝色条带,近基部有2条银蓝色横带,翅中部有一明显山峰状黄色斑纹,黄色纹下方为同形状黑色斑纹,近前翅外缘亦有银蓝色条带,前翅外缘毛整齐,灰褐色间有灰白色;后翅红褐色,具外缘毛;头和胸部腹面呈白色;足具银蓝色环斑(图1-1、图1-2)。

舞蛾科害虫老熟幼虫体长约9 mm,头部淡黄绿色,身体淡绿色,具稀疏刚毛(图1-3);茧长约11 mm,白色,呈梭形(图1-4);蛹长约5 mm,初期身体为绿色,头部及翅呈淡黄绿色(图1-5)。

舞蛾科害虫幼虫取食寄主植物叶片,致使叶片产生缺刻,并在叶片上吐丝结成一薄膜,幼虫躲藏在薄膜下,受惊后可从薄膜下的叶片孔洞中迅速钻出;幼虫动作敏捷,可吐丝下垂;受害寄主植物叶片上可见大量褐色、颗粒状幼虫排泄物(图1-6)。

根据害虫形态学特征,可初步鉴定该害虫为舞蛾科交织桑舞蛾 *Choreutis emplecta* (Turner)^[5]。



1 成虫背面; 2 成虫腹面; 3 幼虫; 4 叶片上的茧; 5 蛹; 6 黄金榕受害状况。

图1 交织桑舞蛾及其对黄金榕的危害状况

Fig. 1 *Choreutis emplecta* (Turner) and the damage symptom on *Ficus microcarpa* L. cv Golden Leaves

2.2 基于 COI 基因的害虫的分子鉴定

将测序得到的 *COI* 基因部分序列(大小为 684 bp)在 NCBI 上进行比对,结果显示,该序列与 GenBank 中交织桑舞蛾昆虫 *COI* 基因序列相似度为 98.63%~100.00%。将测序获得的 *COI* 基因部分序列

上传至 GenBank 中,登录号为 OP835907。

运用 IQtree v 1.6.8 构建最大似然树(ML 系统发育树,图2),结果支持扩增序列(OP835907)同交织桑舞蛾(MG581932)、(MW343485)序列聚为一支。

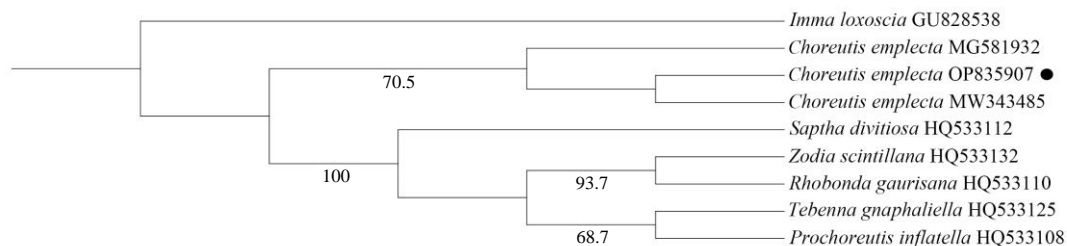


图2 基于 *COI* 基因部分序列构建的 ML 系统发育树

Fig. 2 ML phylogenetic tree based on partial mitochondrial *COI* sequence

2.3 交织桑舞蛾对榕属植物的危害

交织桑舞蛾在深圳市 10 个区的绿地均有发生。调查的 187 个住宅小区都种植了黄金榕, 其中 61 个住宅小区有该虫为害, 占 32.6%。交织桑舞蛾为害黄金榕、小叶榕、垂叶榕和金钱榕, 其中黄金榕受害较多、较重, 小叶榕、垂叶榕和金钱榕则零星受害; 高山榕、印度榕、大叶榕、菩提榕等其他榕属植物暂未发现受害。

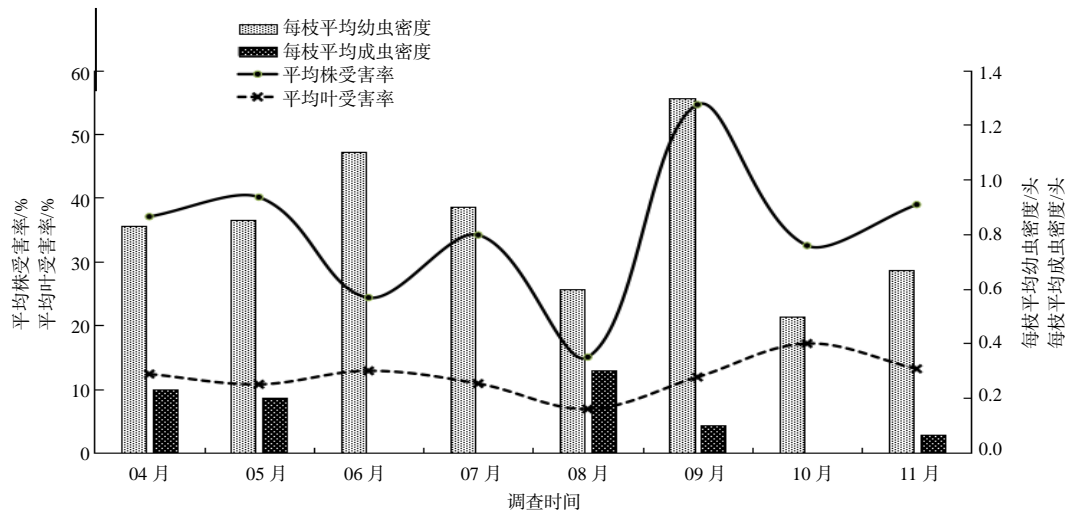


图 3 2022 年黄金榕树交织桑舞蛾的株受害率和虫口密度

Fig. 3 Occurrence of *Choreutis emplecta* (Turner) on *Ficus microcarpa* L. cv Golden Leaves and the insect density

3 结论与讨论

交织桑舞蛾 *C. emplecta* (Turner) 隶属于鳞翅目舞蛾科舞蛾亚科, 相关研究较少, 与同属的六带桑舞蛾 (*C. sexfasciella* (Sauber))^[6] 在形态学上较为相似。TURNER 等^[5] 在澳大利亚昆士兰州首次发现交织桑舞蛾, 加以描述并命名为 *Simaethis emplecta*; 在新几内亚、法国留尼汪岛、美国加利福尼亚州等地有分布^[17-18]。1981 年, HEPPNER 等^[19] 将其移至 *Choreutis* 中。2020 年, 美国南加州的细叶榕 (*F. microcarpa*) 遭受交织桑舞蛾为害, HODEL 等^[18] 记述了其生活史、寄主、危害性和防治策略, 曾提到美国加利福尼亚食品和农业部的 MARC EPSTEIN 认为 *C. emplecta* (Turner) 可能与 *C. sexfasciella* (Sauber) 为同一种, 且 *C. emplecta* (Turner) 是 *C. sexfasciella* (Sauber) 的异名, 初步鉴定为 *C. emplecta* 的可能是一个未被描述的新种。这种假设尚需要在未来获得更多的证据支持。ZHANG 等^[8] 对采集于广东广州的交织桑舞蛾进行线粒体基因组测序。六带桑舞蛾首次在菲律宾被发现^[6], 以后陆续有斯里兰卡、日本、

对黄金榕交织桑舞蛾的发生情况(图 3)的分析结果表明, 4—11 月均可见该虫幼虫, 9 月幼虫虫口密度稍高, 8 月和 10 月幼虫虫口密度稍低; 4—5 月、8—9 月和 11 月可见成虫。黄金榕平均株受害率具有明显的波峰与波谷, 最高峰出现在 9 月, 最低谷出现在 8 月; 平均叶受害率最高峰出现于 10 月, 最低谷出现在 8 月。

以色列、埃及、爪哇等地有分布的报道^[20-21], 中国则在台湾^[22] 和福建有报道。罗建松^[23] 报道了六带桑舞蛾为害福建榕树的新记录种, 并对该虫各虫态的形态进行了简要描述。尽管交织桑舞蛾与六带桑舞蛾 2 种害虫的分布地不同, 但可以肯定的是这 2 种害虫都危害榕属植物。鉴于 2 种昆虫形态学上相近, 现有研究资料有限, 本研究获得的 *COI* 基因部分序列在 NCBI 上比对结果显示与交织桑舞蛾 *COI* 基因序列高度相似, 构建的 ML 系统进化树也显示与交织桑舞蛾聚在一支, 而目前 GenBank 中尚无六带桑舞蛾的基因序列, 故将本研究的害虫种名暂定为交织桑舞蛾 *C. emplecta* (Turner)。后续将从形态分类学、分子生物学等方面进一步开展分类研究, 明确二者的关系。

交织桑舞蛾主要为害黄金榕, 在小叶榕、垂叶榕和金钱榕上有零星发生。该虫是否还危害榕属以外的植物尚不明确, 后续需扩大调查范围。除了在 2022 年 4—11 月调查发现交织桑舞蛾幼虫外, 笔者在 1 月和 3 月也观察到幼虫, 且 4—5 月、8—9 月和 11 月可见成虫。表明该虫应是全年发生且一年

发生多代。从黄金榕的株受害率、叶受害率及交织桑舞蛾的幼虫虫口密度动态趋势来看,8月是该虫发生、为害低谷期,这可能与8月深圳雨势强、降水量大有关。9月降雨骤减,交织桑舞蛾发生、为害加重,这些都说明交织桑舞蛾的发生与降雨相关。此外,还发现交织桑舞蛾的发生与黄金榕抽发新叶相关。黄金榕新叶多,则该虫发生多,为害较重。交织桑舞蛾的发生代数、发育历期、生活习性等尚待进一步研究。

参考文献:

- [1] 洪江,谢华,张玉武,等. 贵州榕属人为分种检索表[J]. 贵州科学, 2014, 32(3): 67-71.
- [2] 张劲嵩,毕可可,吴超,等. 广州市榕属植物病虫害发生规律研究[J]. 园林, 2020(9): 8-14.
- [3] 黄秋燕,杨建欣,陈安,等. 榕属4个园林树种遮荫效果研究[J]. 江苏林业科技, 2022, 49(4): 24-30.
- [4] 陈晓琴,刘珍,江世宏. 深圳市榕树上几种重要害虫发生与防控[J]. 浙江农业科学, 2019, 60(10): 1782-1784.
- [5] TURNER A J. Fragmenta Lepidopterologica[J]. The Proceedings of the Royal Society of Queensland, 1942, 53: 61-96.
- [6] SEMPER G. Die Schmetterlinge Der Philippinischen Inseln(Zweiter Band)[M]. Wiesbaden(Germany): C W Kreidel's Verlag, 1902: 702-703.
- [7] FOLMER O, BLACK M, HOEH W, et al. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates[J]. Molecular Marine Biology and Biotechnology, 1994, 3(5): 294-299.
- [8] ZHANG H L, ZHOU F, ZHANG D X. First mitochondrial genome of the superfamily choreutoidea and its phylogenetic implications[J]. Oriental Insects, 2019, 53(4): 483-496.
- [9] ROTA J. Data partitioning in Bayesian analysis: molecular phylogenetics of metalmark moths (Lepidoptera: Choreutidae)[J]. Systematic Entomology, 2011, 36(2): 317-329.
- [10] MUTANEN M, WAHLBERG N, KAILA L. Comprehensive gene and taxon coverage elucidates radiation patterns in moths and butterflies[J]. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2010, 277: 2839-2848.
- [11] ZHANG D, GAO F L, JAKOVLIĆI, et al. PhyloSuite: An integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies[J]. Molecular Ecology Resources, 2020, 20(1): 348-355.
- [12] KATO H K, STANDLEY D M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability[J]. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(4): 772-780.
- [13] RANWEZ V, DOUZERY E J P, CAMBON C, et al. MACSE v2: toolkit for the alignment of coding sequences accounting for frameshifts and stop codons[J]. Molecular Biology and Evolution, 2018, 35(10): 2582-2584.
- [14] TALAVERA G, CASTRESANA J. Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments[J]. Systematic Biology, 2007, 56(4): 564-577.
- [15] KALYAANAMOORTHY S, MINH B Q, WONG T K F, et al. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates[J]. Nature Methods, 2017, 14(6): 587-589.
- [16] NGUYEN L T, SCHMIDT H A, VON HAESLER A, et al. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies[J]. Molecular Biology and Evolution, 2015, 32(1): 268-274.
- [17] BOPPUS M. Records of Lepidoptera from the Malagasy region with description of new species (Lepidoptera: Tortricidae, Noctuidae, Alucitidae, Choreutidae, Euteliidae, Gelechiidae, Blastobasidae, Pterophoridae, Tonzidae, Tineidae, Praydidae, Cosmopterigidae, Batrachedridae)[J]. Phelsuma, 2020, 28: 60-100.
- [18] HODEL DR, KIM RY, ARAKELIAN G. The moth *Choreutis emplecta*: another new pest of *Ficus microcarpa* in Southern California[J]. Palmarbor, 2021, 11: 1-20.
- [19] HEPPNER J B, DUCKWORTH W D. Classification of the Superfamily Sesiioidea(Lepidoptera: Ditrysia)[M]. Washington: Smithsonian Institution Press, 1981: 144.
- [20] RITTNER O. The first documented report of metalmark moths (Lepidoptera: Choreutidae) in Israel, with the first record of Oriental *Choreutis sexfasciella* (Sauber) in the Palearctic[J]. Israel Journal of Entomology, 2019, 49 (1): 63-67.
- [21] ABU GHONEM M A, HANAN M R, EL-ABED Y G, et al. New record of Oriental metalmark moth *Choreutis sexfasciella*(Sauber) (Lepidoptera:Choreutidae:Choreutinae) in Egypt[J]. Alexandria Journal of Agricultural Sciences, 2020, 65(6): 379-383.
- [22] HEPPNER J B, INOUE H. Lepidoptera of Taiwan[M]. Gainesville: Scientific Publishers, 1992: 276.
- [23] 罗建松. 福建省榕树害虫的2个新记录种[J]. 亚热带农业研究, 2021, 17(1): 62-65.

责任编辑: 罗慧敏
英文编辑: 罗维