北京林业大学学报
JOURNAL OF BEIJING FORESTRY UNIVERSITY

# 东北地区榛园内一种小蠹的外部形态特征描述及分子鉴定

苏光祥 马晓乾 马玲 马润平 曹景鑫 唐华

# Description of external morphological characteristics and molecular identification of a bark beetle in hazel garden of northeastern China

Su Guangxiang, Ma Xiaoqian, Ma Ling, Ma Runping, Cao Jingxin, Tang Hua

引用本文:
苏光祥, 马晓乾, 马玲, 马润平, 曹景鑫, 唐华. 东北地区榛园内一种小蠹的外部形态特征描述及分子鉴定[J]. 北京林业大学学报, 2025, 47(10):120–127. doi: 10.12171/j.1000–1522.20230359
Su Guangxiang, Ma Xiaoqian, Ma Ling, Ma Runping, Cao Jingxin, Tang Hua. Description of external morphological characteristics and molecular identification of a bark beetle in hazel garden of northeastern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2025, 47(10):120–127. doi: 10.12171/j.1000–1522.20230359

在线阅读 View online: https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20230359

**您可能感兴趣的其他文章**

**Articles you may be interested in**

长林小蠹气味降解酶基因的鉴定与分子对接

Identification and molecular docking of odorant–degrading enzyme genes in *Hylurgus ligniperda*

北京林业大学学报, 2025, 47(2): 79–94. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240102

小兴安岭南部天然林掘根倒木丘坑复合体形态特征及其与胸径关系

Morphological characteristics of mound–pit complexes by uprooted trees and its relationship with DBH in natural forest in the south of Xiaoxing’anling Mountains of northeastern China

北京林业大学学报, 2022, 44(12): 61–71. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210499

中国东北地区自然保护地数量特征分析

The quantitative characteristics of natural protected areas in Northeast China

北京林业大学学报, 2020, 42(2): 61–67. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20190139

枣*CML*基因的分子特征及其抗寒性表达模式分析

Molecular characteristics of *CML* genes in Chinese jujube and their expression patterns in resistance to cold stress

北京林业大学学报, 2023, 45(3): 58–67. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210334

油松*JAZ*基因家族特征及其与DELLA蛋白互作的功能域鉴定

Characteristics of *JAZ* gene family of *Pinus tabuliformis* and identification of functional domain of its interaction with DELLA protein

北京林业大学学报, 2022, 44(12): 12–22. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20220027

短毛切梢小蠹幼虫头部感器的类型、分布与数量特征

Type, distribution and quantitative characteristics of sensory organs on the larval head of *Tomicus brevipilosus* (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae)

北京林业大学学报, 2024, 46(4): 63–73. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20230105

DOI:10.12171/j.1000−1522.20230359

# 东北地区榛园内一种小蠹的外部形态特征描述及分子鉴定

苏光祥[1] 马晓乾[2] 马 玲[1] 马润平[1] 曹景鑫[1] 唐 华[2]
（1. 东北林业大学林学院，黑龙江 哈尔滨 150040；2. 黑龙江省林业科学院森林保护研究所，黑龙江 哈尔滨 150081）

**摘要:【目的】**在我国东北地区的榛园内发现了 1 种严重危害榛树的小蠹虫，蛀食榛树主干和分枝，导致榛树大面积死亡。为弄清该小蠹的种类并为其防治提供科学依据，本研究对其进行了形态学观察及分子生物学鉴定。**【方法】**利用光学显微镜和扫描电子显微镜对该小蠹虫各虫态（卵、幼虫、蛹、成虫）的外部形态特征进行观察与描述；同时，提取其全基因组 DNA，通过 PCR 技术扩增其 28S 核糖体 DNA（28S rDNA）和细胞色素 c 氧化酶亚基 I（COI）标记基因片段，将所得序列与 GenBank 数据库中的小蠹类昆虫的基因序列进行比对，构建系统发育树进行分子系统学分析。**【结果】**该小蠹雌雄个体间分化明显：雄性较于雌性明显短小，雄性成虫个体体长为（2.00 ± 0.10）mm，雌性成虫个体体长为（3.00 ± 0.15）mm；雄性成虫后翅退化，腹部第 8 背板明显外露且最后一节腹节极度膨大。形态学鉴定结果表明，该小蠹属于材小蠹族。分子鉴定结果显示，其 28S rDNA 和 COI 基因序列与北方毛胸材小蠹高度吻合，最终鉴定该种小蠹为北方毛胸材小蠹。**【结论】**通过形态学和分子生物学分析，确定了东北地区榛园内严重危害的小蠹虫为北方毛胸材小蠹，并观察描述了其各个发育阶段的形态特征，提供了完整的形态学数据及部分 DNA 分子数据。研究结果为北方毛胸材小蠹的深入研究和针对性防治措施的制定提供了理论依据。

**关键词：**北方毛胸材小蠹；形态特征；28S rDNA 基因；COI 基因；分子鉴定
**中图分类号：**S763.38；Q964 **文献标志码：**A **文章编号：**1000−1522(2025)10−0120−08
**引文格式：**苏光祥，马晓乾，马玲，等. 东北地区榛园内一种小蠹的外部形态特征描述及分子鉴定［J］. 北京林业大学学报，2025，47(10)：120−127. Su Guangxiang, Ma Xiaoqian, Ma Ling, et al. Description of external morphological characteristics and molecular identification of a bark beetle in hazel garden of northeastern China［J］. Journal of Beijing Forestry University, 2025, 47(10): 120−127.

## Description of external morphological characteristics and molecular identification of a bark beetle in hazel garden of northeastern China

Su Guangxiang[1] Ma Xiaoqian[2] Ma Ling[1] Ma Runping[1] Cao Jingxin[1] Tang Hua[2]
(1. School of Forestry, Northeast Forestry University, Harbin 150040, Heilongjiang, China;
2. Forest Protection Research Institute, Heilongjiang Academy of Forestry, Harbin 150081, Heilongjiang, China)

**Abstract:**［**Objective**］A species of bark beetle causing severe damage has been discovered in hazelnut orchards in northeastern China. This pest bores into the trunks and branches of hazelnut trees, resulting in widespread tree mortality. To identify the bark beetle species and better guide its control measures, morphological observations and molecular biological identification of the bark beetle were conducted.［**Method**］The external morphological characteristics of bark beetle at various developmental stages (eggs, larvae, pupae, and adults) were observed and described using optical microscopy and scanning electron

**收稿日期:** 2023−12−12 **修回日期:** 2025−05−23
**基金项目:** 黑龙江省省属科研院所科研业务费项目（CZKYF2023-1-B023）。
**第一作者:** 苏光祥。主要研究方向：森林保护。Email：su17865759692@ 163.com 地址：150040 黑龙江省哈尔滨市香坊区和兴路 26 号。
**责任作者:** 马晓乾，研究员。主要研究方向：森林保护。Email：maxiaoqian_79@163.com 地址：150081 黑龙江省哈尔滨市南岗区哈平路 134 号。
**本刊网址:** http://j.bjfu.edu.cn；http://journal.bjfu.edu.cn

microscopy. Concurrently, whole-genome DNA was extracted from the bark beetles. Specific gene fragments of 28S ribosomal DNA (28S rDNA) and cytochrome c oxidase subunit I (COI) were amplified through PCR technology. The obtained sequences were compared with existing bark beetle gene sequences in the GenBank database, followed by the construction of phylogenetic trees to perform molecular phylogenetic analysis. [**Result**] Significant dimorphism was observed between male and female bark beetles, with males (adult body length: (2.00 ± 0.10) mm) being notably smaller than females (adult body length: (3.00 ± 0.15) mm). The hindwings of male adults were reduced, with the eighth tergite of the abdomen distinctly exposed and the last abdominal segment being greatly enlarged. Morphological descriptions and comparative analyses taxonomically classified this bark beetle within the tribe Xyleborini. Molecular identification revealed high congruence between the bark beetle's 28S rDNA and COI gene fragments and those of *Anisandrus dispar* in the GenBank database. The species was conclusively identified as *Anisandrus dispar*. [**Conclusion**] Through morphological and molecular analyses, the severely damaging bark beetles in hazelnut orchards of northeastern China is identified as *Anisandrus dispar*. Morphological traits across all developmental stages are documented in detail, providing comprehensive morphological datasets and partial DNA sequence data. These outcomes establish a theoretical foundation for further research on *Anisandrus dispar* and the development of targeted pest management strategies.

**Key words:** *Anisandrus dispar*; morphological characteristics; 28srDNA gene; COI gene; molecular identification

小蠹是鞘翅目(Coleoptera)象甲科(Curculionidae)小蠹亚科(Scolytinae)的一类重要林业害虫。该类昆虫在全球范围内广泛分布，目前已记录的小蠹亚科昆虫种类约有 6 000 种，其中中国已发现约 500 种[1]。小蠹虫主要通过侵入树木表皮蛀食韧皮部和木质部间组织，对树木造成损害，严重时导致植株死亡，其危害范围涉及森林生态系统、木材产业以及国际贸易，对林业可持续发展构成严重威胁。

近年来，我国东北地区榛子(*Corylus* spp.)种植区发现一种未明确鉴定到种的小蠹虫，其危害表现为侧枝干枯甚至整株死亡。作者调查发现，该小蠹已在黑龙江省依兰县、通河县、鸡西市、黑河市、尚志市以及吉林省部分榛园中大面积发生，造成巨大的经济损失。国外文献报道，北方毛胸材小蠹(*Anisandrus dispar*)可危害榛树及多种景观树种[2−4]，但其形态描述仅限成虫阶段，且国内尚未见榛园危害的正式记录。因此，亟需通过多维度鉴定明确该小蠹的分类地位，并完善其全虫态形态特征描述。当前物种鉴定主要依赖形态学特征和分子生物学相结合的方法[5−6]。其中，28S rDNA 和 COI 基因作为标准分子标记，已广泛应用于小蠹亚科的系统分类研究[7−8]。

本研究从形态学和分子生物学角度出发，对该小蠹各个虫态的外部形态特征进行详细的描述，并进行基于 28S rDNA 和 COI 基因序列标记法的分子鉴定。从而明确在我国榛园发生的该小蠹的分类地位，为后续发生规律研究和防控技术开发提供理论基础，同时对保障我国榛子产业安全具有重要实践意义。

## 1　材料与方法

### 1.1　供试小蠹样本

试验所用的小蠹样品均采集于哈尔滨市通河县的榛园内(45°59′24″N，128°44′46″E)。采集带有蛀孔的木段带回室内，通过解剖取出木段中的小蠹个体。将部分小蠹浸泡于无水乙醇中，并每隔 30 d 更换一次无水乙醇，用于形态学鉴定；另一部分小蠹保存于−20 ℃，用于分子鉴定。

### 1.2　小蠹外部形态的观察

使用奥林巴斯 SZX16 体视显微镜观察小蠹虫外部形态特征，并通过 Toupcam UCMOS 系列显微镜相机进行图像记录。根据初步观察结果，选取具有代表性的样本 10 个，进一步使用 Apreo S HiVac 电子扫描显微镜进行扫描电子显微观察。

### 1.3　小蠹 DNA 的提取

在体式显微镜下，用小毛刷将样品小蠹虫体表的木屑等可见杂质剔除干净，随后用超纯水清洗样品，重复清洗 2 次。待样品小蠹体表水分晾干后，将其放置于 1.5 mL 离心管中，用于后续 DNA 提取。DNA 提取使用生工生物工程(上海)股份有限公司生产的 Ezup 柱式动物基因组 DNA 抽提试剂盒。提取完成后，使用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量，若观察到明显条带，则进一步检测 DNA 的浓度和纯度(奥盛型号为 Nano-300 的微量分光光度计)。

提取物于−20 ℃条件下保存以便进行下一步操作。

### 1.4 引物及扩增

28S rDNA 引物参考 Jordal[9]提出的方法进行 28S rDNA 的基因扩增，上游引物 F 为(5′-TCATTCGCGTTTCGACG-3′)，下游引物 R 为(5′-GAGAGAGAAAAGAGGTCTG-3′)。COI 引物模板使用 Hebert[10]设计的 COI 通用标记基因，上游引物 LCO1490(5′-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3′)，下游引物 HCO2198(5′-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3′)。随后在 ETC811 PCR 扩增仪上进行基因扩增。PCR 采用 50 μL 的反应体系，其中包括上下游引物各 1 μL，DNA 模板 1 μL，灭菌水 22 μL 以及 Premix TaqTM(TaKaRa TapTM Version 2.0 plus dye)混合物 25 μL(PCR 反应条件见表 1，3 Step 和 2 Step 分别为 28S rDNA 和 COI 反应条件)。28S rDNA 目的片段长度为 400 ~ 500 bp，COI 目的片段长度为 600 ~ 700 bp。使用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物，用 Platinum HD7 凝胶成像分析系统进行凝胶的观察。目标条带经切胶纯化后，委托北京睿博兴科生物技术有限公司完成双向测序。

### 1.5 基因序列比对及系统发育分析

使用 DNA Man 软件对 28S rDNA 和 COI 基因的测序结果进行拼接，人工校正碱基错配和末端低质量区。将拼接后的序列提交至 NCBI 数据库 BLAST 工具(https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi)，与其中已知的物种基因序列进行比对。

28S rDNA 基因片段共下载了 11 个相似物种的 28S rDNA 基因序列(表 2)，将拼接序列与下载的 11 个相似物种的序列编辑进同一个文本中，将该文档导入 MEGA X 软件再次进行序列比对，将两端没有对齐的碱基手动切除，文件以 FASTA 格式输出。再次将比对结果导入 MEGA X 软件进行各物种间遗传距离的计算，再利用 MEGA X 软件构建基于 Kimura 2-parameter(K2P)遗传距离模型的最大似然法(maximum likelihood，ML)和邻接法(neighbor-joining，NJ)系统发育树[11−13]，对 ML 和 NJ 进化树进行 1 000 次 Bootstrap 自引导抽样检验。

COI 基因片段共下载了 5 个相似物种的 COI 基因序列(表 3)，序列比对和系统发育分析同上。

**表 1 PCR 反应条件**

Tab. 1 PCR reaction conditions

| 步骤 | 反应温度/℃ | 反应时间 | 循环次数 |
|---|---|---|---|
| 3Step PCR | 94 | 30 s | 30 |
| | 55 or 60 | 30 s | |
| | 72 | 1 min/kb | |
| 2Step PCR | 98 | 10 s | 30 |
| | 68 | 1 min/kb | |

**表 2 GenBank 下载的部分物种 28S rDNA 序列**

Tab. 2 28S rDNA sequences of some species downloaded by GenBank

| 种名 | GenBank登录号 |
|---|---|
| *Anisandrus dispar* | HQ883606.1 |
| *Anisandrus sayi* | GU808589.1 |
| *Anisandrus obesus* | GU808586.1 |
| *Anisandrus hirtus* | GU808585.1 |
| *Anisandrus ursinus* | GU808607.1 |
| *Anisandrus ursa* | GU808606.1 |
| *Xyleborus* sp. | HM099758.1 |
| *Eccoptopterus gracilipes* | MK098866.1 |
| *Eccoptopterus spinosus* | MT120959.1 |
| *Eccoptopterus* sp. | HM099698.1 |
| *Xyleborus princeps* | HM099749.1 |

**表 3 GenBank 下载的部分物种 COI 序列**

Tab. 3 COI sequences of some species downloaded by GenBank

| 种名 | GenBank登录号 |
|---|---|
| *Anisandrus dispar* | NC_036293.1 |
| *Xyleborus* sp. | KR120874.1 |
| *Anisandrus sayi* | MG055160.1 |
| *Curculionidae* sp. | KR484890.1 |
| *Scolytina* sp. | KX035181.1 |

## 2 结果与分析

### 2.1 外部形态特征描述

该小蠹体型较小，雌雄异形，分化明显。雄性个体体长(2.00 ± 0.10)mm，体长与体宽比为 1.7 ~ 1.8；雌性个体体长(3.00 ± 0.15)mm，体长与体宽比为 2.3 ~ 2.4。雌雄虫体背部弯曲明显，背板及鞘翅整体呈弧形至半圆形，体表颜色在羽化初期为浅黄褐色，随着生长逐渐变为较深的黄褐色且具光泽。

头部大部分被前胸背板覆盖。雌性复眼呈肾形，上颚粗壮，下颚略小，唇基刚毛浓密；额部较平，具稀疏刻点及刚毛，额中部具一隆起，无刚毛。雄性复眼略小，额部微凹，无隆起，其余特征与雌性相似，但前胸背板对小蠹头部的包裹程度较低，头部暴露区域较多。雄性小蠹额部中间无隆起，微凹。

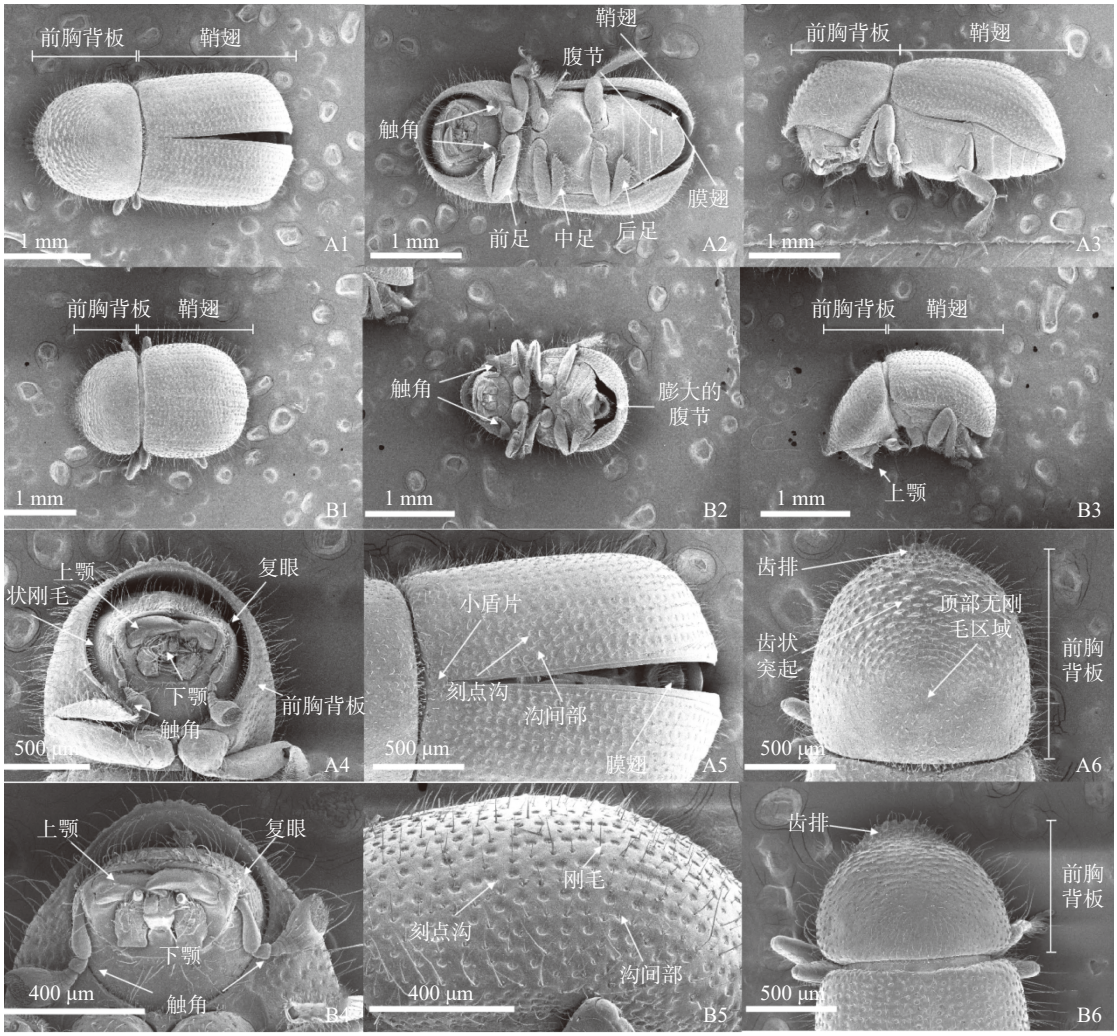
雌雄小蠹的背板上，瘤间区均有刚毛着生，背板近眼侧边缘均匀着生一圈“V”状刚毛，长度约为背

板上侧刚毛的 1/10。鞘翅接缝处附近的背板上着生粗壮浓密的刚毛。雌性小蠹前胸背板观呈盾形，宽度略大于长度，身体中线的部位突起较高，向两侧过渡降低直至消失，背板前缘位置具齿排。雄性小蠹的前胸背板近似于半球状，身体中线突起较高，弧度较大，前胸背板前缘位置同样具齿排，但齿排比雌性高。

雄性小蠹的小盾片与雌性相同，呈舌状，微微凹陷。雌性小蠹鞘翅表面具有与翅缝相互平行的刻点沟 10 条和沟间部 11 条，整体平滑流畅，无瘤体、齿和较大颗粒，粗壮的刚毛均匀地着生于沟间部，各沟间部高低一致。刻点上的小刚毛着生于上缘，这是鉴定该小蠹为北方毛胸材小蠹的重要依据[10]。雄性小蠹的鞘翅与雌性几乎一致，除整体呈弧形外，刻点沟、沟间部以及刚毛着生的位置与雌性小蠹相似。

雌雄小蠹中胸腹板均着生刚毛，且两侧均具刻点。雌性小蠹中胸腹板明显隆起，而雌性小蠹的中胸腹板相比窄小，没有隆起，存在明显差异。雌性小蠹前足、中足、后足胫节均呈斜三角状，表面均覆被大量刚毛，前足胫节边缘具 5 个明显齿突，中足和后足胫节边缘均具 9 个明显齿突。雄性小蠹前足胫节与雌性相同，具 5 个明显齿突，但中足和后足胫节边缘分别具 6 个和 7 个明显齿突。雄性小蠹的第 8 背板明显外露且最后一节腹节极度膨大，雌性则无此特征，这是分辩北方毛胸材小蠹雌雄的另一重要依据（两性小蠹形态特征参考图 1，两性小蠹主要形态差异对比参考表 4）。

该小蠹的卵呈长椭圆形，乳白色，表面光滑富有光泽，长度约为 0.6 mm（图 2）。幼虫乳白色至淡黄色，轻微透明，无足或足不明显，体表明显被毛。随龄期增加虫体长度变化差异较大，约为 0.6～2.8 mm，头部与身体的宽度比例随龄期增加变化也较大，头部腹面观呈椭圆，老熟幼虫上颚及下颚明显可见（图 3）。由于幼虫离开坑道后会迅速死亡，并未能探索到坑道内饲养小蠹的方法，故对小蠹幼虫的龄期




A1.雌性成虫背面观；A2.雌性成虫腹面观；A3.雌性成虫侧面观；A4.雌性成虫头部细节；A5.雌性成虫鞘翅细节；A6.雌性成虫前胸背板细节；B1.雄性成虫背面观；B2.雄性成虫腹面观；B3.雄性成虫侧面观；B4.雄性成虫头部细节；B5.雄性成虫鞘翅细节；B6.雄性成虫前胸背板细节。

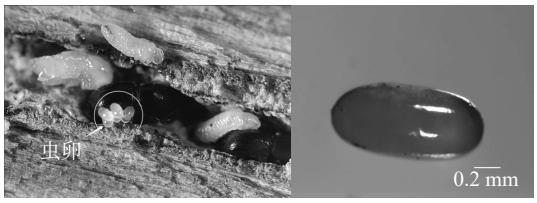
图 1　两性小蠹电镜照片

Fig. 1　Electron microscopic photographs of male and female bark beetles

**表 4 雌雄小蠹成虫形态差异**

Tab. 4 Morphological differences between male and female adult bark beetles

| 项目 | 雄性小蠹 | 雌性小蠹 |
|---|---|---|
| 体长/mm | 2.00 ± 0.10 | 3.00 ± 0.15 |
| 体长与体宽之比 | 1.7 ~ 1.8 | 2.3 ~ 2.4 |
| 体表颜色 | 黄褐色 | 黑褐色 |
| 整体侧面观形态 | 弧形至半圆形 | 梯形 |
| 前胸背板背面观形态 | 半圆形 | 盾形 |
| 翅 | 膜翅退化 | 膜翅明显 |
| 胫节边缘齿突数量 | 前足5<br>中足6<br>后足7 | 前足5<br>中足9<br>后足9 |
| 额部 | 无隆起，微凹 | 中间有一道隆起 |
| 复眼 | 小 | 大 |
| 腹节末节 | 膨大 | 平滑 |




a 在坑道中 b 在显微镜下

图 2 小蠹坑道内卵

Fig. 2 Eggs in tunnel of bark beetle

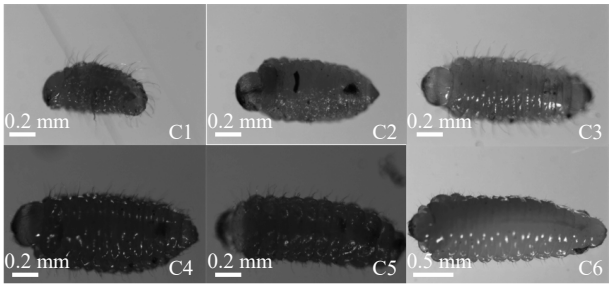
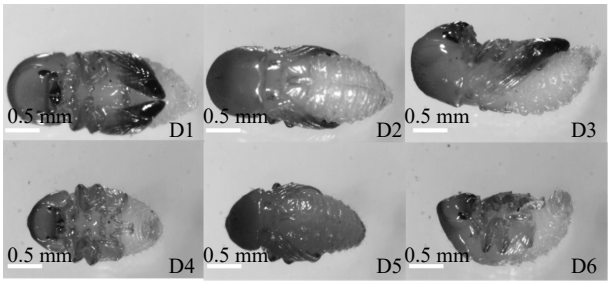



图 3 不同发育阶段的小蠹幼虫(未区分龄期)

Fig. 3 Bark beetle larva at different developmental stages (not differentiated by age)

暂未进行区分。

该小蠹化蛹初期通体呈白色至淡黄色，随着时间推移，体表颜色逐渐变深，眼部、颚部以及鞘翅变为棕色，雌虫后翅呈乳白色且透明，雄虫后翅退化，背板以及腿部呈褐色。背板可见刻点形状，但刻点不突出，体表被细弱刚毛，足部折叠紧贴于体壁。雌雄虫在蛹期便表现出明显差异，雌性小蠹蛹期体长约为 3.00 mm，相对雄性较为粗壮，背板背面观呈盾形，宽度大于其长度，比例约为 1.3。雄性蛹期体长约为 1.95 mm，体型弯曲，背板背面观呈三角形，宽度与长度比值约为 1.5(图 4)。




D1. 雌性小蠹蛹期腹面观；D2. 雌性小蠹蛹期背面观；D3. 雌性小蠹蛹期侧面观；D4. 雄性小蠹蛹期腹面观；D5. 雄性小蠹蛹期背面观；D6. 雄性小蠹蛹期侧面观。

图 4 小蠹蛹期照片

Fig. 4 Photos of bark beetles in pupal stage

## 2.2 分子鉴定

### 2.2.1 基于 28S rDNA 基因标记遗传距离分析

通过建立的遗传距离模型计算 11 种小蠹与样品小蠹之间的遗传距离，与其遗传距离最小的 3 种小蠹为 *Anisandrus dispar*、*Anisandrus sayi*、*Anisandrus obesus*，遗传距离依次为 0.007、0.035 和 0.040(表 5)。

### 2.2.2 基于 COI 基因标记遗传距离分析

使用 MEGA X 建立的基于 Kimura 2-parameter 参数模型(表 6)，分析了 5 种小蠹与样品小蠹之间的遗传距离。在下载的 5 种小蠹中，*Anisandrus dispar* 与 *Xyleborus* sp. 之间的遗传距离为 0.000，*Anisandrus sayi* 与 *Curculionidae* sp. 之间的遗传距离为 0.000。样品小蠹与 *Anisandrus dispar* 之间遗传距离最近，为 0.055。

### 2.2.3 系统发育树的构建

样品小蠹 28S rDNA 基因基于邻接法和最大似然法构建的发育树表明，样品小蠹无论是在 ML 树(图 5)还是 NJ 树(图 6)，均与 3 种毛胸材小蠹属的小蠹聚合为一枝，尤其与种名为 *Anisandrus dispar* 的小蠹种源关系极为密切，且在 NJ 树和 ML 树上的自展值均为 100，可信度极高。

样品小蠹 COI 基因基于邻接法和最大似然法构建的发育树表明，样品小蠹与 *Anisandrus dispar* 在 ML 树(图 7)和 NJ 树(图 8)上均聚为一枝，自展值分别为 97 和 96。

# 3 讨 论

本研究通过整合形态学与分子生物学证据，首次确认东北地区榛园内危害榛树的蛀干害虫为北方毛胸材小蠹(*Anisandrus dispar*)，并解决了该物种在文献中的分类争议。研究结果不仅为后续防控提供了分类学依据，还揭示了其独特的生物学特性。

北方毛胸材小蠹在分类史上存在多次属级变动，如曾归入 *Xyleborus* 属和 *Terminalinus* 属[13–14]。通过

**表 5　小蠹 28S rDNA 基于 Kimura 2-parameter 遗传距离模型**

Tab. 5　Bark beetle 28S rDNA based on Kimura 2-parameter genetic distance model

| 物种 | [1] | [2] | [3] | [4] | [5] | [6] | [7] | [8] | [9] | [10] | [11] | [12] |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| [1] | | | | | | | | | | | | |
| [2] | 0.010 | | | | | | | | | | | |
| [3] | 0.056 | 0.048 | | | | | | | | | | |
| [4] | 0.040 | 0.035 | 0.038 | | | | | | | | | |
| [5] | 0.035 | 0.027 | 0.027 | 0.015 | | | | | | | | |
| [6] | 0.069 | 0.061 | 0.035 | 0.053 | 0.043 | | | | | | | |
| [7] | 0.064 | 0.059 | 0.028 | 0.046 | 0.036 | 0.012 | | | | | | |
| [8] | 0.102 | 0.093 | 0.094 | 0.100 | 0.090 | 0.110 | 0.108 | | | | | |
| [9] | 0.124 | 0.115 | 0.093 | 0.111 | 0.107 | 0.095 | 0.104 | 0.142 | | | | |
| [10] | 0.126 | 0.118 | 0.091 | 0.107 | 0.104 | 0.092 | 0.101 | 0.139 | 0.002 | | | |
| [11] | 0.131 | 0.121 | 0.093 | 0.111 | 0.107 | 0.089 | 0.099 | 0.145 | 0.011 | 0.007 | | |
| [12] | 0.127 | 0.121 | 0.107 | 0.114 | 0.103 | 0.118 | 0.113 | 0.051 | 0.147 | 0.143 | 0.144 | |

注：[1]样品小蠹；[2] *Anisandrus dispar*；[3] *Anisandrus hirtus*；[4] *Anisandrus obesus*；[5] *Anisandrus sayi*；[6] *Anisandrus ursinus*；[7] *Anisandrus ursa* isolate Xyoura；[8] *Xyleborus* sp.；[9] *Eccoptopterus gracilipes*；[10] *Eccoptopterus spinosus*；[11] *Eccoptopterus* sp.；[12] *Xyleborus princeps*。

**表 6　小蠹 COI 基于 Kimura 2-parameter 遗传距离模型**

Tab. 6　Bark beetle COI based on Kimura 2-parameter genetic distance model

| 物种 | 样品小蠹 | *Anisandrus dispar* | *Xyleborus* sp. | *Anisandrus sayi* | *Curculionidae* sp. | *Scolytina* sp. |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 样品小蠹 | | | | | | |
| *Anisandrus dispar* | 0.055 | | | | | |
| *Xyleborus* sp. | 0.055 | 0.000 | | | | |
| *Anisandrus sayi* | 0.101 | 0.119 | 0.119 | | | |
| *Curculionidae* sp. | 0.101 | 0.119 | 0.119 | 0.000 | | |
| *Scolytina* sp. | 0.133 | 0.137 | 0.107 | 0.153 | 0.153 | |

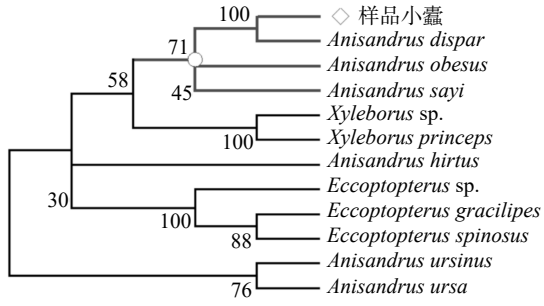



图 5　样品小蠹 28S rDNA 基因基于最大似然法构建的系统发育树

Fig. 5　Phylogenetic tree constructed based on the maximum likelihood method for 28S rDNA gene of sample bark beetles

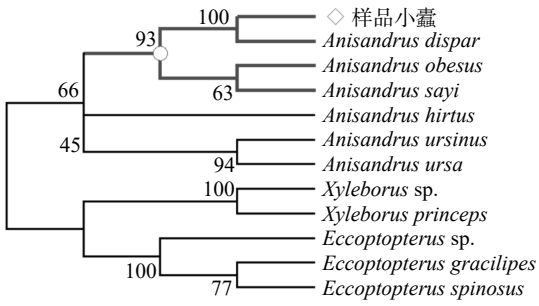



图 6　样品小蠹 28S rDNA 基因基于邻接法构建的系统发育树

Fig. 6　Phylogenetic tree constructed based on neighbor-joining method for 28S rDNA gene of sample bark beetles

比对本研究证实其鞘翅斜面形态、触角结构及前胸背板特征与 *Xyleborus dispar*（Fabricius）和 *Terminalinus dispar* 与 *Anisandrus dispar* 的形态高度吻合[14−16]。系统发育分析进一步支持这一结论：28S rDNA 和 COI 基因序列与 GenBank 中 *Anisandrus dispar* 的对应序列相似度达 99.8%，且系统发育树中形成高支持率（Bootstrap 值 > 98）的单系分支。这一结果支持将其中文名规范为“北方毛胸材小蠹”[17]，终结了同物异名的长期争议。

本研究观察到该物种表现出典型的材小蠹族（Xyleborini）雌雄异型特征：雌虫（3.00 ± 0.15）mm 较雄虫（2.00 ± 0.10）mm 具有显著体型优势，且完整保留飞行能力，而雄虫则呈现翅退化现象。这种形态分化在蛹期已初步显现，表现为腹部末节形态差异

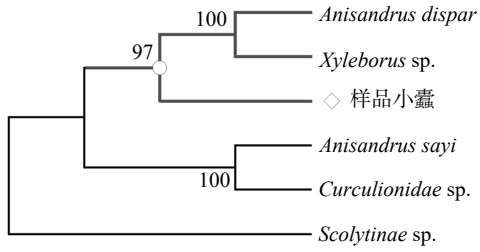



图 7 样品小蠹 COI 基因基于最大似然法构建的系统发育树

Fig. 7 Phylogenetic tree constructed based on the maximum likelihood method for COI gene of sample bark beetles

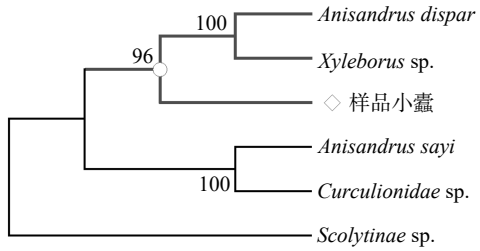



图 8 样品小蠹 COI 基因基于邻接法构建的系统发育树

Fig. 8 Phylogenetic tree constructed based on neighbor-joining method for COI gene of sample bark beetles

和体长分化。该生物学特征符合材小蠹族近交繁殖策略的进化适应机制——雌虫通过远距离扩散建立新种群，而短寿、后翅退化的雄虫主要在坑道内完成交配功能[2−4]。结合该属物种的食菌特性，推测其幼虫可能高度依赖母虫建立的共生真菌体系。这一发现与欧洲种群的研究结果一致[3−4]，但具体共生菌株的分离鉴定仍需进一步探索。

相较于国外危害灌木、观赏性树木及广泛分布于温带果园的报道[3−4]，本研究首次在中国东北榛园中发现该虫的严重危害，表明其已适应当地生态环境。尽管黑龙江带岭地区曾有疑似记录[13,15]，但缺乏分子证据。本研究通过整合形态与分子数据，为该虫在中国的地理分布提供了确证依据。目前国内防控体系尚未建立针对性措施，建议参考欧洲和北美针对该虫的监测方案，结合其雌虫趋光性和信息素反应特性，在榛树萌芽期开展成虫监测[3−4]。同时需警惕其通过木材运输扩散的风险，建议口岸检疫部门将 DNA 条形码纳入快速检测数据库。

本研究的局限性在于未能完成幼虫龄期划分，主要障碍源于共生真菌的分离培养技术瓶颈。建议后续研究采用宏基因组学方法解析坑道微生物群落，结合人工饲料配方优化建立实验室种群。此外，我国东北地区与欧美种群间的遗传分化程度、抗寒基因表达差异等进化生物学问题，仍需通过全基因组测序和比较基因组学深入解析。这些研究将为本物种的成灾机制阐释和绿色防控技术开发提供理论支撑。

## 4 结 论

本研究通过形态学与分子生物学方法，系统鉴定了我国东北榛园严重危害的蛀干害虫小蠹虫物种。基于雌雄成虫形态差异（雌虫体长（3.00 ± 0.15）mm、鞘翅完整，雄虫体长（2.00 ± 0.10）mm、后翅退化且雄虫腹部末端膨大）及分子数据（28S rDNA 与 COI 序列相似度 > 99%），确定该害虫为北方毛胸材小蠹，并厘清了该物种的同物异名问题，证实其与 *Xyleborus dispar* 和 *Terminalinus dispar* 为同一物种。揭示了其食菌性特征，幼虫依赖坑道真菌生存，成虫雌雄分工明确，雌虫主导扩散与建坑道，雄虫活动范围受限。针对其在我国东北榛园首次发现并普遍危害的现象，建议加强检疫管控、林分健康管理及成虫期化学防治相结合的治理措施。本研究填补了该虫生活史形态数据的空白，其分子标记数据可为口岸检疫和种群监测提供技术依据。

## 参 考 文 献

[1] 郑乐怡, 归鸿. 昆虫分类 [M]. 南京: 南京师范大学出版社, 1999.
Zheng L Y, Gui H. Insect classification[M]. Nanjing: Nanjing Normal University Press, 1999.

[2] Tuncer C, Knizek M, Hulcr J. Scolytinae in hazelnut orchards of Turkey: clarification of species and identification key (Coleoptera, Curculionidae)[J]. ZooKeys, 2017(710): 65−76.

[3] Rizzo D, D'Agostino A, Stabile I, et al. Identification of the *Ambrosia* beetle *Anisandrus dispar* (Fabricius) (Coleoptera Curculionidae Scolytinae) using TaqMan™ probe assay on biological samples[J]. IForest-Biogeosciences and Forestry, 2023, 16(3): 182−187.

[4] Bright D E. Review of the tribe Xyleborini in America north of Mexico (Coleoptera: Scolytidae)[J]. The Canadian Entomologist, 1968, 100(12): 1288−1323.

[5] 易显荣, 魏姿涵, 赵鹏, 等, 基于线粒体 CO I 基因及形态特征的削尾足距小蠹鉴定 [J]. 植物保护学报, 2024, 51(6): 1533−1534.
Yi X R, Wei Z H, Zhao P, et al. Identification of camphor shoot borer *Xylosandrus mutilatus* based on the mitochondrial COI gene and morphological characteristics[J]. Journal of Plant Protection, 2024, 51(6): 1533−1534.

[6] 王正, 马晓乾, 周勤政, 等. 中国齿小蠹属昆虫的鉴定 [J]. 林业科学, 2021, 57(12): 79−91.
Wang Z, Ma X Q, Zhou Q Z, et al. Identification of *Ips* species (Coleoptera: Scolytinae) in China[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2021, 57(12): 79−91.

[7] 张艳琳, 鲁国艳, 向宇涛, 等. 短毛切梢小蠹幼虫头部感器的类型、分布与数量特征 [J]. 北京林业大学学报, 2024, 46(4): 63−73.
Zhang Y L, Lu G Y, Xiang Y T, et al. Type, distribution and

quantitative characteristics of sensory organs on the larval head of *Tomicus brevipilosus* (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae)[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2024, 46(4): 63−73.

[8] 吕佳. 江西省材小蠹族 Xyleborini(Coleoptera: Scolytinae)分类学与系统发育研究 [D]. 南昌: 江西农业大学, 2018.
Lü J. Taxonomy and phylogeny of Xyleborini (Coleoptera: Scolytinae) beetles in Jiangxi Province[D]. Nanchang: Jiangxi Agricultural University, 2018.

[9] Jordal B, Gillespie J J, Cognato A I. Secondary structure alignment and direct optimization of 28S rDNA sequences provide limited phylogenetic resolution in bark and *Ambrosia* beetles (Curculionidae: Scolytinae)[J]. Zoologica Scripta, 2008, 37(1): 43−56.

[10] Hebert P D N, Ratnasingham S, deWaard J R. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species[J]. Proceedings Biological Sciences, 2003, 270(Suppl.1): S96−S99.

[11] Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap[J]. Evolution, 1985, 39(4): 783−791.

[12] Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger DatasetsFree[J]. Molecular Biology and Evolution, 2016, 33(7): 1870−1874.

[13] 黄复生, 陆军. 中国小蠹科分类纲要 [M]. 上海: 同济大学出版社, 2015.
Huang F S, Lu J. The classification outline of Scolytidae from China[M]. Shanghai: Tongji University Press, 2015.

[14] 殷蕙芬. 中国经济昆虫志: 鞘翅目小蠹科 [M]. 北京: 科学出版社, 1984.
Yin H F. Economic insects of China: Scolytidae, Coleoptera [M]. Beijing: Science Press, 1984.

[15] Smith S M, Beaver R A, Cognato A I. A monograph of the Xyleborini (Coleoptera, Curculionidae, Scolytinae) of the Indochinese Peninsula (except Malaysia) and China[J]. ZooKeys, 2020, 983: 1−442.

[16] Normark B B, Jordal B H, Farrell B D. Origin of a haplodiploid beetle lineage[J]. Proceedings of the Royal Society of London Series B: Biological Sciences, 1999, 266: 2253−2259.

[17] 张俊华. 口岸截获外来小蠹彩色图鉴 [M]. 北京: 中国林业出版社, 2020.
Zhang J H. Color picture book of exotic beetles intercepted at port[M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2020.

(责任编辑　范　娟
责任编委　骆有庆)