

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2010.00163

中华稻蝗不同地理种群遗传多样性的 AFLP 分析

马晋¹, 李涛¹, 龙文敏¹, 安玮玮¹, 郭亚平¹, 马恩波²

1. 山西大学生命科学与技术学院, 太原 030006;

2. 山西大学应用生物学研究所, 太原 030006

摘要: 为研究中华稻蝗种群遗传多样性和遗传结构, 文章对我国 7 省市的 7 个中华稻蝗种群进行 AFLP 分析。

选取 7 对引物扩增 128 个个体的 DNA, 共产生 336 条带, 多态性条带 292 条, 占 86.90%。结果表明: 中华稻蝗种群具有较高的遗传多样性水平, 其中海南万宁种群的遗传多样性高于其他各种群。Mantel 检验($r=0.27$, $P=0.89$)表明中华稻蝗各种群遗传距离与地理距离间没有显著相关性。种群间具有明显的遗传分化现象。UPGMA(Unweighted pair group method average)聚类分析显示, 7 个中华稻蝗种群按地理距离分为 3 支: 北方北京昌平、山西太原和山东济宁为一支; 南方陕西汉中、湖南长沙和广西来宾为一支; 海南万宁单独为一支。上述结果以及 PCA(Principal component analysis)分析均表明由于地理隔离中华稻蝗种群显示出明显的南北分化和岛屿大陆种群遗传分化现象。

关键词: 中华稻蝗; AFLP; 遗传多样性; 地理隔离

Genetic diversity of different geographical populations of *Oxya chinensis* based on AFLP analysis

MA Jin¹, LI Tao¹, LONG Wen-Min¹, AN Wei-Wei¹, GUO Ya-Ping¹, MA En-Bo²

1. School of Life Science and Technology, Shanxi University, Taiyuan 030006, China;

2. Institute of Applied Biology, Shanxi University, Taiyuan 030006, China

Abstract: In order to study the genetic diversity and genetic structure of populations, 7 populations of *Oxya chinensis* from 7 provinces (or cities) of China were analyzed using AFLP technique. A total of 336 reproducible bands were amplified with 7 primer combinations from 128 individuals. Two hundred and ninety-two bands (86.90%) were polymorphic. High genetic diversity was found among *O. chinensis* populations and Wanning population had higher genetic diversity than other populations. Mantel test ($r=0.27$, $P=0.89$) suggested that there was no significant association between genetic distance and geographic distance. Remarkable genetic differentiation was found among populations. Unweighted pair group method average (UPGMA) tree showed that the 7 *O. chinensis* populations were divided into 3 groups: Changping of Beijing, Taiyuan of Shanxi and Jining of Shandong populations in the north; Hanzhong of Shaanxi, Changsha of Hunan and Laibin of Guangxi populations in the south; and Wanning of Hainan population. Principal component analysis indicated significant genetic differentiation of the north and the south populations and island and continent populations existed in the 7 *O. chinensis* populations because of geographic isolation.

Keywords: *Oxya chinensis*; AFLP; genetic diversity; geographic isolation

收稿日期: 2009-07-16; 修回日期: 2009-08-17

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号: 30570247, 30810103907)资助

作者简介: 马晋(1984-), 女, 硕士研究生, 专业方向: 分子进化。Tel: 0351-7016102; E-mail: mjoyxx@sina.com

通讯作者: 马恩波(1953-), 女, 教授, 博士生导师, 研究方向: 分子进化。Tel: 0351-7018871; E-mail: maenbo2003@sxu.edu.cn

中华稻蝗(*Oxya chinensis*)属直翅目(Orthoptera)、斑腿蝗科(Catantopidae)、稻蝗属(*Oxya*),在我国除新疆、西藏等少数省份外,大多数水稻种植区均有分布,多栖息于稻田等湿度较大的地方,以禾本科农作物为食,尤喜食水稻,是我国重要的农业害虫^[1,2]。

近年来,中华稻蝗的研究工作主要集中在形态分类学^[2]、细胞分类学^[3]、生理与发育^[4-5]、分子系统学^[6]和农药毒理学^[7]等方面。在种群遗传关系方面也有一些初步的研究工作^[8]。目前已采用等位酶和RAPD等技术对中华稻蝗的遗传多样性和稻蝗属物种间亲缘关系等进行了一定的探讨^[9-12]。

扩增片段长度多态性(Amplified fragment length polymorphism, AFLP)是一种有效的种群遗传分析的分子标记方法^[13]。由于其具有快速、灵敏、稳定、所需DNA量少、多态性丰富和重复性好等特点,已广泛应用于野桑蚕(*Bombyx mandarin*)^[14]、烟粉虱(*Bemisia tabaci*)^[15]、东方蜜蜂(*Apis cerana*)^[16]等昆虫的遗传多样性和种群遗传结构分析中,并也已开始应用于蝗虫的种群遗传结构研究^[17]。

本文采用 AFLP 技术对采自我国 7 省市 7 个种群共 128 只中华稻蝗进行遗传多样性和遗传结构分析,探讨我国南北方中华稻蝗种群遗传结构和遗传多样性,分析岛屿地理隔离对中华稻蝗种群遗传多样性和遗传分化的影响。

1 材料和方法

1.1 实验材料

本文中华稻蝗标本采自我国从北到南 7 个地区:分别为北京昌平、山西太原、陕西汉中、山东济宁、湖南长沙、广西来宾和海南万宁(表 1)。标本保存在无水乙醇中,置 4℃ 冰箱备用。

1.2 方法

1.2.1 模板 DNA 的提取

取中华稻蝗后足股节肌肉,采用酚-氯仿法提取模板 DNA。提取的总 DNA 经纯化后采用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测其浓度和纯度,并于-20℃ 保存备用。

1.2.2 AFLP 分析

1.2.2.1 模板 DNA 的限制性酶切和接头连接

采用 *EcoR* 和 *Mse* 对模板DNA进行双酶切。20 μL总体系中含: 10×NE Buffer2 2 μL, 100×BSA 0.2 μL, 10×Buffer H 2 μL, *EcoR* 0.2 μL, *Mse* 0.5 μL, 400 ng/μL总DNA 1 μL, ddH₂O 14.1 μL。37℃ 水浴酶切 5 h, 70℃ 放置 15 min, 使酶失活。在酶切产物中加入 3 μL接头液(T4 DNA Ligase Buffer 0.3 μL、*EcoR* adaptor 0.3 μL、*Mse* adaptor 0.3 μL、T4 DNA Ligase 0.1 μL、ddH₂O 2 μL), 20℃连接过夜。连接产物用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测, 稀释 10 倍作为预扩增反应的模板。

1.2.2.2 预扩增反应

预扩增体系(30 μL)包括: 10×PCR Buffer 3 μL, MgCl₂ 2.4 μL, dNTPs 1.6 μL, *EcoR* Pre-primer 1 μL, *Mse* Pre-primer 1 μL, *Taq* DNA polymerase 0.4 μL, 模板DNA 3 μL, ddH₂O 17.6 μL。扩增程序: 94℃预变性 2 min; 94℃ 30 s, 56℃ 1 min, 72℃ 1 min, 30 个循环。预扩增产物用 1%琼脂糖凝胶电泳检测, 稀释 20 倍作为选择性扩增反应的模板。

1.2.2.3 选择性扩增

选择性扩增的引物组合见表 2。扩增体系(20 μL): 10×PCR Buffer 2 μL, MgCl₂ 1.6 μL, dNTPs 1.6 μL, *EcoR* primer 1 μL, *Mse* primer 1 μL, *Taq* DNA polymerase 0.6 μL, 模板DNA 2 μL, ddH₂O 10.2 μL。

表 1 中华稻蝗种群采集信息

采集地	种群代码	个体数量	海拔(m)	经度	纬度
北京昌平	BJ	11	49	116°23'E	39°54'N
山西太原	TY	20	768	112°28'E	37°42'N
陕西汉中	HZ	20	513	107°01'E	33°04'N
山东济宁	SD	20	34	116°40'E	35°05'N
湖南长沙	CS	17	77	113°00'E	28°12'N
广西来宾	LB	20	74	109°15'E	23°38'N
海南万宁	WN	20	6	110°24'E	18°44'N

表 2 选择性扩增引物序列

引物组合	引物序列(5' - 3')
M-CTG/E-AAG	GATGAGTCCTGAGTAACTG GACTGCGTACCAATTCAAG
M-CTG/E-AAC	GATGAGTCCTGAGTAACTG GACTGCGTACCAATTCAAC
M-CAG/E-ACA	GATGAGTCCTGAGTAACAG GACTGCGTACCAATTCACA
M-CTG/E-AGG	GATGAGTCCTGAGTAACTG GACTGCGTACCAATTCAGG
M-CTG/E-ACC	GATGAGTCCTGAGTAACTG GACTGCGTACCAATTCACC
M-CTG/E-ACA	GATGAGTCCTGAGTAACTG GACTGCGTACCAATTCACA
M-CAG/E-AAG	GATGAGTCCTGAGTAACAG GACTGCGTACCAATTCAAG

扩增程序: 94 预变性 2 min; 94 30 s, 65 30 s(每个循环降低 0.7), 72 1 min, 13 个循环; 95 30 s, 56 30 s, 72 1 min, 23 个循环。选择性扩增产物用 1%琼脂糖凝胶电泳检测, 4 保存。

1.2.2.4 聚丙烯酰胺凝胶电泳

选择性扩增产物加入等体积的甲酰胺上样液, 94 变性 4 min 后放入冰水混合物中。6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳, 75 W 恒功率 2 h, 银染显色。

1.2.3 数据分析

按有或无对每个样品的扩增条带进行记录, 选取片段大小在 90~600 bp之间的清晰条带为有效条带。扩增条带存在时记为 1, 无带时记为 0。运用 POPGENE 3.2 计算多态性条带(N)、多态位点百分率(P)、观测等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Nei基因多样性指数(H)和Shannon信息指数(I), 以及种群内总遗传变异 H_t 、各种群内遗传变异 H_s 、种群间遗传分化系数 G_{st} 和种群间基因流动系数 N_m 。运用

AFLP-SURV 1.0 软件计算种群间的Nei's遗传距离和成对固定指数 F_{st} 。运用ARLEQUIN 3.01 进行种群间遗传差异的分子方差分析(AMOVA); 基于 0/1 矩阵运用NTSYS-pc 2.02 进行UPGMA聚类分析, 构建系统发育树, 并进行Mantel检验, 分析 7 个种群间遗传距离与地理距离的相关性; 运用Metlab ver. 7.1 (Math Works, Inc.) 对 0/1 矩阵进行主成分分析(Principal components analysis, PCA)。

2 结果与分析

2.1 AFLP 扩增结果

采用筛选后得到的多态性较好的 7 对引物对我国 7 个中华稻蝗种群 128 个个体的基因组 DNA 进行 AFLP 分析, 共得到 336 条可分辨的 DNA 条带, 多态性条带达 292 条, 多态性条带比例为 86.90%(表 3)。

2.2 遗传多样性分析

衡量种群遗传多样性最常用的指标有多态性条带数(N)、多态性位点比例(P)、观测等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Nei基因多样性指数(H)和Shannon信息指数(I)。中华稻蝗在物种水平上的多态位点百分率(P)高达 86.90%(表 3), 从单个种群来看, 多态位点百分率(P)最高的是海南万宁种群, 高达 48.51%; 另外, 海南万宁种群 N_a 、 N_e 、 H 和 I 都远高于其他种群, 分别为 1.49 ± 0.50 、 1.18 ± 0.29 、 0.12 ± 0.16 、 0.19 ± 0.23 。

2.3 遗传结构分析

中华稻蝗 7 个种群间 Nei's 遗传距离见表 4。海

表 3 中华稻蝗种群内遗传多样性分析

种群	N	$P(\%)$	N_a	N_e	H	I
BJ	104	30.95	1.31 ± 0.46	1.10 ± 0.19	0.07 ± 0.12	0.11 ± 0.19
TY	118	35.12	1.35 ± 0.48	1.12 ± 0.23	0.08 ± 0.13	0.13 ± 0.20
HZ	106	31.55	1.32 ± 0.47	1.17 ± 0.31	0.10 ± 0.17	0.16 ± 0.25
SD	109	32.44	1.32 ± 0.47	1.07 ± 0.14	0.05 ± 0.10	0.09 ± 0.16
CS	97	28.87	1.29 ± 0.45	1.18 ± 0.33	0.10 ± 0.18	0.15 ± 0.25
LB	122	36.31	1.36 ± 0.48	1.09 ± 0.19	0.07 ± 0.11	0.12 ± 0.18
WN	163	48.51	1.49 ± 0.50	1.18 ± 0.29	0.12 ± 0.16	0.19 ± 0.23
总计	292	86.90	1.87 ± 0.34	1.28 ± 0.30	0.18 ± 0.16	0.29 ± 0.22

BJ: 北京昌平; TY: 山西太原; HZ: 陕西汉中; SD: 山东济宁; CS: 湖南长沙; LB: 广西来宾; WN: 海南万宁。N: 多态性条带数; P: 多态性位点比例; N_a : 观测等位基因数; N_e : 有效等位基因数; H : Nei基因多样性指数; I : Shannon信息指数。

表 4 7 个中华稻蝗种群间的Nei's 遗传距离(对角线下)和成对固定指数 F_{st} (对角线上)

	BJ	TY	HZ	SD	CS	LB	WN
BJ	**	0.44	0.47	0.53	0.49	0.47	0.44
TY	0.10	**	0.46	0.48	0.51	0.50	0.50
HZ	0.13	0.13	**	0.54	0.22	0.29	0.51
SD	0.13	0.10	0.15	**	0.54	0.54	0.56
CS	0.14	0.16	0.04	0.15	**	0.17	0.52
LB	0.11	0.12	0.06	0.12	0.03	**	0.52
WN	0.11	0.15	0.17	0.16	0.18	0.15	**

BJ: 北京昌平; TY: 山西太原; HZ: 陕西汉中; SD: 山东济宁; CS: 湖南长沙; LB: 广西来宾; WN: 海南万宁。

南万宁和湖南长沙种群间的遗传距离最大, 为 0.18; 湖南长沙和广西来宾种群间的遗传距离最小, 为 0.03。Mantel 检验表明, 中华稻蝗各种群遗传距离与地理距离间没有显著相关性($r=0.27, P=0.89$)。

如表 5 所示, 7 个中华稻蝗种群总基因多样性 H_t 为 0.18, 其中存在于种群内的基因多样性 H_s 为 0.08, 不同种群间的遗传分化系数 G_{st} 为 0.54, 即总变异的 54%来自不同种群间的差异, 46%的变异来自于种群内个体间的遗传差异。不同中华稻蝗种群间的基因流 N_m 为 0.43 (<1), 种群间的基因流较小。

中华稻蝗不同种群间的成对固定指数 F_{st} 变化范围 0.17~0.56(表 4), 除广西来宾和湖南长沙种群间的 F_{st} 为 0.17, 陕西汉中和湖南长沙、广西来宾种群间的 F_{st} 分别为 0.22 和 0.29 外, 其他种群间的 F_{st} 均在 0.4 以上, 说明本文研究的中华稻蝗不同种群间的分化程度很大。山东济宁和海南万宁种群间的成对固定指数 F_{st} 最大, 为 0.56。

中华稻蝗 7 种群的 AMOVA 分析表明(表 6), 7 个种群按地理分布分为 3 组: 北方北京昌平、山西太原和山东济宁种群为一组, 南方陕西汉中、湖南

长沙和广西来宾种群为一组, 海南万宁种群单独为一组。结果显示, 21.57%的差异来自地区间, 35.21%的差异来自种群间, 43.22%的差异来自各种群内。

2.4 UPGMA 聚类 and 主成分分析(PCA)

UPGMA 聚类树(图 1)表明, 所有个体首先以种群为单位各自聚为一支。7 个种群明显地分为 3 大支: 北方的北京昌平、山西太原和山东济宁种群首先聚为一支, 南方的陕西汉中、湖南长沙和广西来宾种群聚为一支, 最后海南万宁种群与这 2 支聚在一起。

PCA 分析(图 2)表明, 第一、第二主成分的贡献率分别为 21.05%和 13.45%。所有种群首先以个体相聚。山西太原和山东济宁种群相距较近; 陕西汉中、湖南长沙和广西来宾种群相距较近; 海南万宁种群单独为一部分; 北京昌平种群位于三者之间。

3 讨论

3.1 AFLP 分子标记与种群遗传多样性

7 对 AFLP 扩增引物共产生 336 条带, 其中多态

表 5 7 个中华稻蝗种群的遗传结构分析

比较项目	样品数	H_t	H_s	G_{st}	N_m
平均值	128	0.18	0.08	0.54	0.43
标准差		0.03	0.01		

H_t : 种群内总遗传变异; H_s : 各种群内遗传变异; G_{st} : 种群间遗传分化系数; N_m : 种群间基因流动系数。

表 6 中华稻蝗 7 个种群间遗传差异的分子方差分析(AMOVA)

变异来源	自由度	方差组分	方差比例	Φ -statistics	P 值
地区间	2	9.61	21.57	FCT=0.22	0.04
地区内种群间	4	15.69	35.21	FSC=0.45	0.00
种群内个体间	118	19.26	43.22	FST= 0.57	0.00
总计	124	44.56			

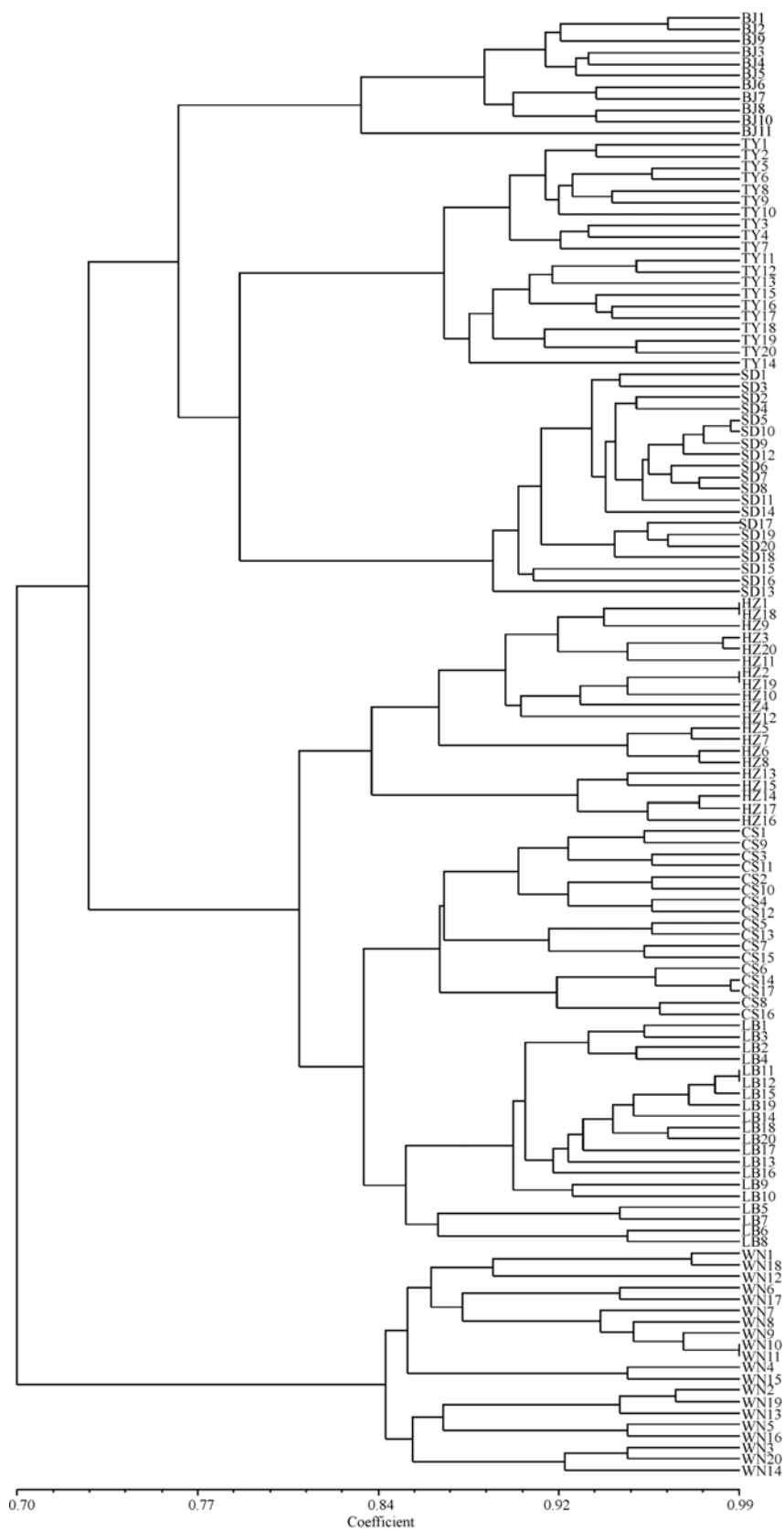


图 1 中华稻蝗 7 个种群 128 个个体的 UPGMA 聚类关系图

BJ: 北京昌平; TY: 山西太原; SD: 山东济宁; HZ: 陕西汉中; CS: 湖南长沙; LB: 广西来宾; WN: 海南万宁。种群代码后的数字代表不同个体。

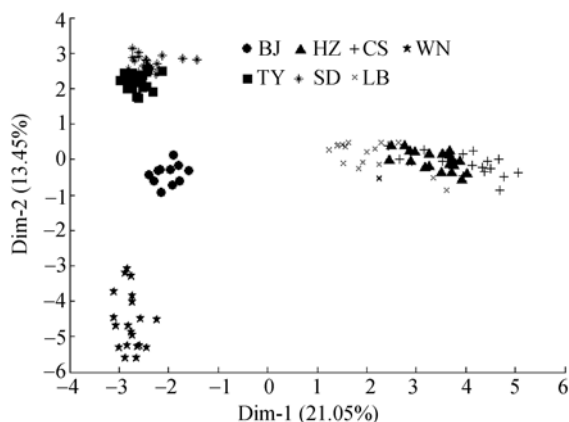


图 2 中华稻蝗 7 种群间遗传变异 PCA 分析

BJ: 北京昌平; TY: 山西太原; SD: 山东济宁; HZ: 陕西汉中; CS: 湖南长沙; LB: 广西来宾; WN: 海南万宁。

性条带为 292 条, 多态位点比例为 86.90%, 说明 AFLP 技术是一种检测效率很高的分子标记技术^[18], 适用于中华稻蝗种群水平的遗传多样性研究。其中海南万宁种群的多态位点比例(48.51%)远高于其他种群。

综合分析观测等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Nei 基因多样性指数(H)和 Shannon 信息指数(I), 结果显示, 中华稻蝗种群具有丰富的遗传多样性, 这与该物种在全国范围广泛分布有关, 而且由于其生活习性和地理环境的不同, 其种内多态现象明显^[19]。乔海暄等^[20]采用等位基因酶位点基因频率对 4 种蝗虫的比较研究, 也表明中华稻蝗有较高的遗传多样性水平。另外, 海南万宁种群的各项指数(N_a : 1.49 ± 0.50 、 N_e : 1.18 ± 0.29 、 H : 0.12 ± 0.16 、 I : 0.19 ± 0.23)均远高于其他各种群。由此可以看出, 海南岛湿润的气候和丰富的雨量以及大面积的水稻种植, 特别适合中华稻蝗的生长和繁殖, 在适宜的生境中, 中华稻蝗种群遗传多样性远高于大陆各种群。

3.2 种群遗传分化

衡量种群再分效应, 表示因遗传漂变引起一个亚群的杂合度的降低的固定指数(F_{st})的变化范围在 0~1 之间^[16], 除湖南长沙和广西来宾种群之间的成对固定指数 F_{st} 值为 0.17, 以及陕西汉中和湖南长沙、广西来宾种群的 F_{st} 分别为 0.22 和 0.29, 其他种群的成对固定指数 F_{st} 值均大于 0.4, 可以看出各中华稻蝗种群之间的分化程度很大。

种群间遗传分化系数 G_{st} 是反映种群遗传分化的重要指标, G_{st} 在 0~0.05 之间表示种群间遗传分化程

度很弱; 0.05~0.15 之间表示分化程度中等; 0.15~0.25 之间表示分化程度较大; 大于 0.25 为分化程度很大^[21]。本文研究的中华稻蝗各种群间遗传分化系数 G_{st} 值为 0.54(>0.25), 与 F_{st} 值结论一致, 表明中华稻蝗种群之间分化程度很大。

基因流 N_m 也是影响种群遗传结构的重要因素, $N_m > 4$ 表示种群间存在大量的基因交流现象; $N_m < 1$ 表示存在由于遗传漂变引起的种群分化^[22]。本文研究的中华稻蝗各种群基因流 N_m 值为 0.43(<1), 与 F_{st} 值和 G_{st} 值结论一致, 均表明中华稻蝗种群间的遗传分化程度很大。

本文分析的 7 个中华稻蝗种群采自全国从北到南 7 个省市, 地理距离跨度很大, 其中北京种群与海南种群具有最远地理距离, 为 2 407.76 km。由于地理隔离和种群遗传分化之间存在着一定的相关性, 所以远距离的隔离很容易导致种群间遗传分化^[9]。与东亚飞蝗(*Locusta migratoria manilensis*)等具有较强飞行能力的蝗虫相比, 中华稻蝗有限的迁飞能力及其对潮湿环境的适应性使其基本维持在固定的活动范围内^[23], 长时期的地理隔离有可能限制种群间的基因交流, 从而形成种群间的遗传分化^[24]。另外, 从分子进化的角度来看, 遗传漂变、瓶颈效应、近亲交配和自然选择也是形成种群分化的重要影响因素^[25, 26], 该结论与等位酶分析结论相一致^[9]。

3.3 地理格局分析

7 个中华稻蝗种群间的 Nei's 遗传距离变化范围在 0.03~0.18。海南万宁种群和湖南长沙种群的遗传距离最大, 为 0.18; 湖南长沙和广西来宾种群的遗传距离最小, 为 0.03。Mantel 检验表明, 中华稻蝗各种群遗传距离与地理距离间没有显著相关性。海南万宁种群与其他 6 种群间遗传距离变化范围在 0.11~0.18, 与其他各种群间的遗传距离相比, 海南万宁种群与其他种群间的遗传距离都相对较大。UPGMA 聚类图(图 1)表明, 以我国传统南北方分界线秦岭淮河为界, 北方的 3 个种群(北京昌平、山西太原和山东济宁)和南方的 3 个种群(陕西汉中、湖南长沙和广西来宾)分别各聚为一支, 海南万宁种群最后与它们相聚。PCA 分析也得出了相似的结果, 其中北京昌平种群位于南北方和海岛种群之间, 并且与山西太原种群遗传距离最小, 为 0.10。AMOVA 分析表明, 按照地理分布将 7

个种群分为北方(北京昌平、山西太原和山东济宁), 南方(陕西汉中、湖南长沙和广西来宾)和海岛(海南万宁)3个组, 3个地区间的差异为21.75%, 说明南北方种群以及海岛和大陆种群之间存在较高的遗传分化。

本文所研究的中华稻蝗7个种群具有较大的纬度跨度(18°44'N~39°54'N), 地理格局、气候和生境都随纬度的变化而改变。秦岭淮河作为我国南北方的地理分界线, 其南北在气候、河流、植被、土壤、农业生产等方面都有显著差异。由于山脉和河流的阻隔, 加之中华稻蝗有限的迁飞能力以及其对潮湿环境的适应性使其只能在固定的范围内活动, 这些因素都限制了中华稻蝗种群间的基因交流, 从而导致了以秦岭淮河为界, 出现了显著的南北种群遗传分化现象。

海南岛通过琼州海峡与大陆相隔离, 由于长期的海岛隔离以及岛上独特的气候环境及人类各种农业活动的影响, 使海南万宁种群经过长期的自然选择成为一个独特的种群, 从聚类树和PCA分析均可看出海南万宁种群与其他各种群明显分离。另外, 建立者效应(Founder effect)也可以解释海岛隔离导致的这种种群间的分化现象^[25], 对东方蜜蜂的种群遗传分析也得到类似的结果^[16]。

参考文献(References):

- [1] 冯祥和, 牛泽民. 中华稻蝗在水稻上危害损失及防治指标研究的商榷. 昆虫知识, 1994, 31(4): 198–200.
- [2] 郑哲民. 蝗虫分类学. 西安: 陕西师范大学出版社, 1993, 76–80.
- [3] 马恩波, 白贵荣, 郭亚平, 任竹梅, 金晓弟, 马拉仙. 斑腿蝗科精小管形态及其分类学意义探讨. 动物学报, 2001, 47(专刊): 30–35.
- [4] 崔志新, 林进添, 赵善欢. 印楝素对中华稻蝗若虫呼吸作用的影响. 华中农业大学学报, 2001, 20(6): 544–546.
- [5] 许升全, 郑哲民. 蝗总科昆虫雌雄下生殖板及系统发育关系研究(直翅目). 昆虫分类学报, 1999, 21(2): 79–83.
- [6] 任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 山稻蝗及相关物种 Cyt b 基因序列及其遗传关系. 遗传学报, 2002, 29(6): 507–513.
- [7] 卢芙萍, 李翠兰, 段毅豪, 郭亚平, 马恩波. 马拉硫磷对中华稻蝗种群遗传结构的作用. 遗传, 2004, 26(5): 663–668.
- [8] 马恩波, 李涛, 张建珍, 杨海涛, 任竹梅, 郭亚平. 中华稻蝗种群遗传关系研究. 山西大学学报, 2007, 30(2): 251–256.
- [9] Han Y, Duan YH, Ma EB, Qiao HX. Genetic structure of three populations of *Oxya chinensis* in Shanxi, China. *Zool Res*, 2002, 23(1): 76–80.
- [10] Li CL, Duan YH, Lu FP, Guo YP, Li CX, Ma EB. Genetic differentiation among four populations of Chinese rice grasshopper *Oxya chinensis* in China. *Acta Zool Sin*, 2004, 50(2): 187–192.
- [11] 张建珍, 郭亚平, 段毅豪, 马恩波. 日本稻蝗、中华稻蝗和赤胫伪稻蝗地理种群的 RAPD 遗传分化研究. 生态学报, 2004, 24(7): 1399–1405.
- [12] 张建珍, 任俐, 郭亚平, 马恩波. 山西省及邻近地区中华稻蝗五种群 RAPD 及其亲缘关系. 遗传学报, 2004, 31(2): 159–165.
- [13] Vos P, Hogers R, Bleeker M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res*, 1995, 23(21): 4407–4414. [\[DOI\]](#)
- [14] 鲁成, 赵爱春, 向仲怀, 万春玲. 中国野桑蚕遗传多样性的 AFLP 分析. 动物学研究, 2002, 23(2): 166–172.
- [15] 张丽萍, 张友军, 张文吉, 徐宝云, 吴青君, 肖利峰, 朱国仁. B 型烟粉虱抗噻虫嗪品系的遗传分化. 昆虫学报, 2004, 47(6): 754–759.
- [16] 姜玉锁, 刘文忠, 张春香, 乔利英, 朱文进, 张桂贤, 郭传甲. 中国境内不同地理型东方蜜蜂遗传多样性的 AFLP 分析. 昆虫学报, 2007, 50(2): 144–152.
- [17] Zheng XY, Zhong Y, Duan YH, Li CX, Dang L, Guo YP, Ma EB. Genetic variation and population structure of oriental Migratory Locust, *Locusta migratoria manilensis*, in China by Allozyme, SSRP-PCR, and AFLP markers. *Biochem Genet*, 2006, 44(7–8): 332–347. [\[DOI\]](#)
- [18] Lucchini V. AFLP: a useful tool for biodiversity conservation and management. *Comptes Rendus Biologies*, 2003, 326: 43–48.
- [19] 张建珍, 张敏, 郭亚平, 马恩波. 徐州、平山两地中华稻蝗和日本稻蝗的群体遗传关系分析. 中国农业科学, 2005, 38(1): 70–75.
- [20] 乔海暄, 段毅豪, 马恩波, 韩焱. 蝗总科部分种类等位基因酶的比较研究. 遗传学报, 2002, 29(2): 133–137.
- [21] Buso GSC, Rangel PH, Ferreira ME. Analysis of genetic variability in South American wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers. *Mol Ecol*, 1998, 7(1): 107–117. [\[DOI\]](#)
- [22] Allwendorf FW. Gene flow and genetic differentiation among populations. *Genet Conserv*, 1983, 18(3): 51–65.
- [23] 孔令和, 陈亮. 中华稻蝗生物学特性及其综合防治技术. 农业服务, 2008, 25(8): 61–62.
- [24] Ward, RD, Jorstad, KE, Maguire, GB. Microsatellite diversity in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) introduced to Western Australia. *Aquaculture*, 2003, 219: 169–179. [\[DOI\]](#)
- [25] 李雅. 进化论教程. 北京: 高等教育出版社, 2004, 270–273.
- [26] Pampoulie C, Jorundsdottir TD, Steinarsson A, Petursdottir G, Stefansson MO, Danielsdottir AK. Genetic comparison of experimental farmed strains and wild Icelandic populations of Atlantic cod (*Gadus morhua* L.). *Aquaculture*, 2006, 261: 556–564. [\[DOI\]](#)