亚洲小车蝗不同地理种群遗传多样性的等位酶分析*

高书晶[1**] 李东伟[2] 刘爱萍[1] 闫志坚[1] 常秀青[3]

([1]中国农业科学院草原研究所,呼和浩特 010010;[2]内蒙古农业大学农学院,呼和浩特 010019;[3]四子王旗农业局植保站,内蒙古乌兰察布 011800)

摘 要 采用等位酶电泳技术对亚洲小车蝗8个地理种群遗传多样性和遗传分化进行了研究,并对8种等位酶系统:苹果酸脱氢酶(MDH)、苹果酸酶(ME)、乙醇脱氢酶(ADH)、谷氨酸脱氢酶(GDH)、谷氨酸-草酰乙酸转氨酶(GOT)、异柠檬酸脱氢酶(IDH)、腺苷酸激酶(AK)和己糖激酶(HK)进行聚丙烯酰胺凝胶电泳分析。结果表明:在亚洲小车蝗8个地理种群中共检测到14个基因位点,其中7个位点为多态位点,检测到25个等位基因;种群总体水平多态位点比率 $P=42.86\%$,平均有效基因数 $A=1.786$,平均期望杂合度 $H_e=0.072$,种群平均遗传距离为0.069~0.235。聚类分析表明,遗传距离与地理距离存在一定相关性。亚洲小车蝗8个种群的遗传分化系数 $F_{st}=0.086$,基因流 $N_m=3.142$,表明亚洲小车蝗种群间有一定程度的遗传分化及基因交流。

关键词 亚洲小车蝗;地理种群;遗传多样性;等位酶;内蒙古

中图分类号 Q963 **文献标识码** A **文章编号** 1000-4890(2010)10-1967-06

Allozyme analysis on genetic diversity of eight geographical populations of *Oedaleus asiaticus* in Inner Mongolia. GAO Shu-jing[1], LI Dong-wei[2], LIU Ai-ping[1], YAN Zhi-jian[1], CHANG Xiu-qing[3] ([1]*Grassland Research Institute of Chinese Academy of Agricultural Sciences, Hohhot* 010010, *China*; [2]*Institute of Agriculture, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot* 010019, *China*; [3]*Station of Plant Protection of Agricultural Bureau in Siziwang County, Wulanchabu* 011800, *Inner Mongolia, China*). *Chinese Journal of Ecology*, 2010, **29**(10): 1967-1972.

Abstract: By using polyacrylamide gel electrophoresis of allozymes, this paper studied the genetic diversity among and within eight geographic populations of *Oedaleus asiaticus* in Inner Mongolia. Eight allozymes, including malate dehydrogenase (MDH), malic enzyme (ME), alcohol dehydrogenase (ADH), glutamate dehydrogenase (GDH), glutamic-oxaloacetic transaminase (GOT), isocitrate dehydrogenase (IDH), adenylatese (AK), and hexokinase (HK), were analyzed. Fourteen loci and twenty-five alleles were detected, with 7 loci polymorphic, and the overall proportion of polymorphic loci (P) was 42.86%. The average number of the alleles per locus (A) was 1.786, the expected heterozygosity H_e was 0.072, and the mean genetic distance was 0.069-0.235. The dendrogram was constructed by using UPGMA method, and the results indicated that the genetic distances were correlated with the geographical distances among the populations. Among the eight geographic populations of *O. asiaticus*, the coefficient of gene differentiation F_{st} was 0.086, and the number of migrants per generation (N_m) was 3.142. Our study indicated that there existed certain degree of genetic differentiation and gene flow among the eight geographic populations of *O. asiaticus* in Inner Mongolia.

Key words: *Oedaleus asiaticus*; geographical population; genetic diversity; allozyme; Inner Mongolia.

* 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金资助项目(中国农业科学院草原研究所)(2007-1-03)。

** 通讯作者 E-mail: shujinggao688@163.com

收稿日期:2010-03-29 接受日期:2010-06-21

亚洲小车蝗(*Oedaleus asiaticus*)属直翅目(Orthoptera)蝗总科(Acridoidea)丝角蝗科(Oedipodidae)小车蝗属(*Oedaleus*),以禾本科植物为食,是我国北方草原的主要害虫(陈素华等,2006),更是内蒙古草原的主要优势种(康乐和陈永林,1994;刘庚山等,2003,2006),发生危害早、数量大,不仅给畜牧业可持续发展造成了严重影响,并且给生态环境也带来了不良后果,有效控制其发生和危害至关重要。目前,有关亚洲小车蝗的研究报道主要集中在食量、生活史及危害损失估计等方面(冯光翰等,1995;潘建梅,2002;李广,2007),亚洲小车蝗种群遗传结构的研究还几乎处于空白状态。亚洲小车蝗飞行能力很强,曾有人观察到它的迁飞现象(蒋湘等,2003),但对它是否具有迁飞习性目前还没有定论。研究亚洲小车蝗不同地理种群的遗传结构对确定亚洲小车蝗的迁飞习性有重要意义。而且,由于取食植物及生态环境条件的影响,同种蝗虫在不同的分布地区形成了特定的种群遗传结构,不同自然种群之间也存在一定的遗传分化和性状差异(Chapco & Bidochka,1986),了解不同地理环境对同种蝗虫不同自然种群遗传分化的影响,可以为蝗灾的防治工作提供基础资料。

在众多分子遗传标记技术中,等位酶技术是目前应用于物种遗传多样性研究的经典方法之一。等位酶作为同一位点上不同等位基因编码的同一种酶的不同形式,能够很好地表明等位基因位点的变化,从而了解物种种群内、种群间的遗传分化、基因交流、遗传漂变及种群遗传变异的时空动态等,目前已经广泛应用于多种昆虫的种群遗传结构研究(王中仁,1998)。在对迁飞昆虫的研究中,等位酶标记是进行迁飞定量研究的一个重要手段,该方法对于迁飞昆虫的遗传分化、杂合程度的度量以及基因流动水平的评价都是不可替代的。目前,国内很多学者利用等位酶标记研究了飞蝗、稻蝗等多种蝗虫的遗传结构(韩焱等,2002;乔海等,2002;郑先云,2002)。本实验利用等位酶标记的方法研究了内蒙古地区亚洲小车蝗不同地理种群的遗传结构,以探讨它们的种内遗传多样性及遗传分化程度,为确定亚洲小车蝗是否具有迁飞习性提供一定的理论依据,并且为亚洲小车蝗的系统进化研究以及防治工作奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 供试虫源

本实验所用蝗虫分别采自内蒙古地区的8个盟市,标本采集点及其地理位置等详见表1。每种蝗虫在自然种群中随机取样,标本采集后活体带回实验室,并将每个个体分装于不同塑料管中进行标记,然后保存于-70 ℃冰箱中备用。

1.2 等位酶电泳

1.2.1 样品处理 各种群分别选取40头蝗虫成虫(雌雄各20头),将每头蝗虫的后足切下,加入预冷的提取液0.5 ml (H_2O 30 ml;Tris 0.048 g;巯基乙醇30 μl;蔗糖3.3 g;pH=7.0)在冰浴条件下匀浆,4 ℃离10 min(8000 r·min^{-1})取上清液分装在离心管中-70 ℃保存。

1.2.2 电泳及染色 制备聚丙烯酰胺线性梯度凝胶进行等位酶电泳,分离胶浓度为5%~20%,pH=8.9,缩胶浓度为5%,pH=6.8。电极缓冲液为Tris-甘氨酸(pH=8.3)。每个样品上样10 μl,加适量溴酚蓝,4 ℃条件下电泳,电泳完成后分别进行各种等位酶染色。等位酶的染色参考了王中仁(1998)的基本方法。实验共进行11种等位酶电泳,酯酶(esterase,EST)、超氧化物歧化酶(superroxide dismutase,SOD)、淀粉酶(amylas,AMY)、苹果酸脱氢酶(malate dehydrogenase,MDH)、苹果酸酶(malice

表1 8个亚洲小车蝗种群的材料来源

Tab.1 Origin of eight geographical populations of *Oedaleus asiaticus*

种群名称	采集地点	代码	个体数	采集时间(年-月)	地理位置
乌兰察布市	四子王旗	WS	40	2008-8	41°22′ N,111°21′ E
巴彦浩特市	乌拉特前旗	BS	40	2008-8	40°54′ N,108°42′ E
呼伦贝尔	新巴尔虎左旗	HS	40	2008-8	49°51′ N,120°31′ E
赤峰市	阿鲁科尔沁旗	CFS	40	2007-8	42°26′ N,117°58′ E
通辽市	扎鲁特旗	TLS	40	2007-8	43°59′ N,121°14′ E
阿拉善盟	阿拉善左旗	AM	40	2008-8	40°47′ N,103°10′ E
兴安盟	乌兰浩特	XAM	40	2008-8	46°11′ N,120°51′ E
锡林浩特市	锡林浩特	XS	40	2009-7	43°28′ N,116°12′ E

enzyme,ME)、乙醇脱氢酶(alcohol dehydrogenase,ADH)、谷氨酸脱氢酶(glutamate dehydrogenase,GDH)、谷氨酸-草酰乙酸转氨酶(glutamic-oxaloacetic transaminase,GOT)、异柠檬酸脱氢酶(isocitrate dehydrogenase,IDH)、腺苷酸激酶(adenylatese,AK)、己糖激酶(hexokinase,HK)。经条件优化,从中筛选出图谱清晰、结果稳定的 8 种等位酶:MDH、ME、ADH、GDH、GOT、IDH、AK 和 HK 用于遗传多样性分析。

1.3 数据统计

对所测等位酶系统的酶谱及基因型进行判读。数据处理应用 POPGENE(version 1.31)软件(Yeh *et al.*,1999),获得各位点的等位基因频率,并计算以下遗传参数:多态位点百分数(P)、平均每个位点的有效等位基因数(A_e)、平均每个位点的观测杂合度(H_o)和预期杂合度(H_e)、基因流(N_m)、Shannon 信息指数(I)、多态位点固定指数(F)和遗传距离(D),并根据遗传距离在 Mega 软件中用 UPGMA 法构建系统树。

2 结果与分析

2.1 亚洲小车蝗 8 个地理种群的等位酶酶谱分析

共进行 11 种等位酶电泳(EST、SOD、AMY、MDH、ME、ADH、GDH、GOT、IDH、AK 和 HK),从中筛选出图谱清晰、结果稳定的 8 种等位酶:MDH、ME、ADH、GDH、GOT、IDH、AK 和 HK 用于分析。根据酶带在亚洲小车蝗 8 个地理种群中的分布,并参考直翅目其他昆虫等位酶的相关文献(李春选等,2004;马喜平等,2007),最终确定检测到 14 个基因位点 *Adh*、*Got*、*Gdh*-1、*Gdh*-2、*Hk*-1、*Hk*-2、*Idh*-1、*Idh*-2、*Mdh*-1、*Mdh*-2、*Me*-1、*Me*-2、*Ak*-1 和 *Ak*-2。其中 7 个位点为多态位点:*Mdh*-1,*Me*-1,*Gdh*-1、*Idh*-1、*Idh*-2、*Hk*-1 和 *Ak*-1。对 14 个基因位点进行遗传学分析,共检到 25 个等位基因,其中 *Mdh*-1、*Me*-1 和 *Idh*-1 含 3 个等位基因,*Gdh*-1、*Idh*-2、*Ak*-1 和 *Hk*-1 含 2 个等位基因,均属于复等位基因,其余单态位点各含 1 个等位基因。部分种群的等位酶电泳图谱见图 1。

2.2 亚洲小车蝗 8 个地理种群的等位基因频率

在检测到的 25 个等位基因中,阿拉善种群和赤峰种群检测到的等位基因数最多为 23 个,乌兰察布市种群检测到的等位基因数最少为 19 个(表 2)。根据各位点的等位基因频率分布特点可将等位基因分为以下几类:第一大类全域基因包括 16 个基因,在所有种群中均出现,即 *Mdh*-1*a*、*Mdh*-1*b*、*Mdh*-2、*Me*-1*b*、*Me*-1*c*、*Me*-2、*Adh*、*Gdh*-1*a*、*Got*、*Idh*-1*b*、*Idh*-1*c*、*Idh*-2*a*、*Idh*-2*b*、*Ak*-1*b*、*Ak*-1*c* 和 *Hk*-1*b* 占总基因数的 64%;第二大类包括 6 个基因,即 *Me*-1*a*、*Gdh*-2、*Ak*-1*a*、*Ak*-2、*Hk*-1*a* 和 *Hk*-2,它们分布于 50% 以上的种群中,占总基因数的 24%,在亚洲小车蝗种群中普遍存在;第三大类包括 3 个基因,即 *Mdh*-1*c*、*Gdh*-1*b* 和 *Idh*-1*a*,占总基因数的 12%,仅分布在亚洲小车蝗少数种群中。数据显示种群不同类型基因数目不同,而且,相同位点的等位基因频率在种群间也存在差异,在一定程度上反映了各种群的等位基因存在差异。

2.3 亚洲小车蝗 8 个地理种群的遗传多样性及遗传分化

由表 3 可知,8 个亚洲小车蝗种群平均多态位点比率 P 为 36.60%(变幅为 28.57% ~42.86%),A 为 1.553(变幅为 1.428 ~1.714),H_e 为 0.072(变

表 2 8 个亚洲小车蝗种群的等位基因频率

Tab.2 Alleles frequency of eight populations of *Oedaleus asiaticus*

基因座	AM	BS	CFS	HS	TLS	WS	XS	XAM
Mdh-1a	0.323	0.412	0.421	0.298	0.451	0.215	0.395	0.456
Mdh-1b	0.556	0.588	0.597	0.604	0.549	0.785	0.605	0.544
Mdh-1c	0.121	0.000	0.000	0.098	0.000	0.000	0.000	0.000
Mdh-2	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
Me-1a	0.212	0.000	0.214	0.000	0.310	0.000	0.206	0.000
Me-1b	0.315	0.396	0.106	0.392	0.221	0.382	0.312	0.623
Me-1c	0.473	0.604	0.680	0.608	0.469	0.618	0.482	0.377
Me-2	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
Adh	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
Gdh-1a	0.827	1.000	0.892	1.000	1.000	0.879	1.000	1.000
Gdh-1b	0.173	0.000	0.108	0.000	0.000	0.121	0.000	0.000
Gdh-2	0.000	1.000	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000
Got	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
Idh-1a	0.000	0.223	0.000	0.206	0.000	0.000	0.000	0.000
Idh-1b	0.231	0.196	0.123	0.421	0.514	0.211	0.436	0.323
Idh-1c	0.769	0.581	0.877	0.373	0.486	0.789	0.564	0.677
Idh-2a	0.342	0.483	0.405	0.483	0.396	0.296	0.225	0.408
Idh-2b	0.658	0.517	0.595	0.517	0.604	0.704	0.775	0.592
Ak-1a	0.298	0.000	0.104	0.000	0.103	0.000	0.308	0.000
Ak-1b	0.214	0.325	0.214	0.512	0.487	0.415	0.398	0.523
Ak-1c	0.488	0.675	0.682	0.488	0.410	0.585	0.294	0.468
Ak-2	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000	1.000	1.000
Hk-1a	0.156	0.512	0.120	0.219	0.325	0.000	0.112	0.105
Hk-1b	0.844	0.488	0.880	0.781	0.675	1.000	0.888	0.895
Hk-2	1.000	1.000	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000
等位基因数	23	21	23	21	22	19	22	21

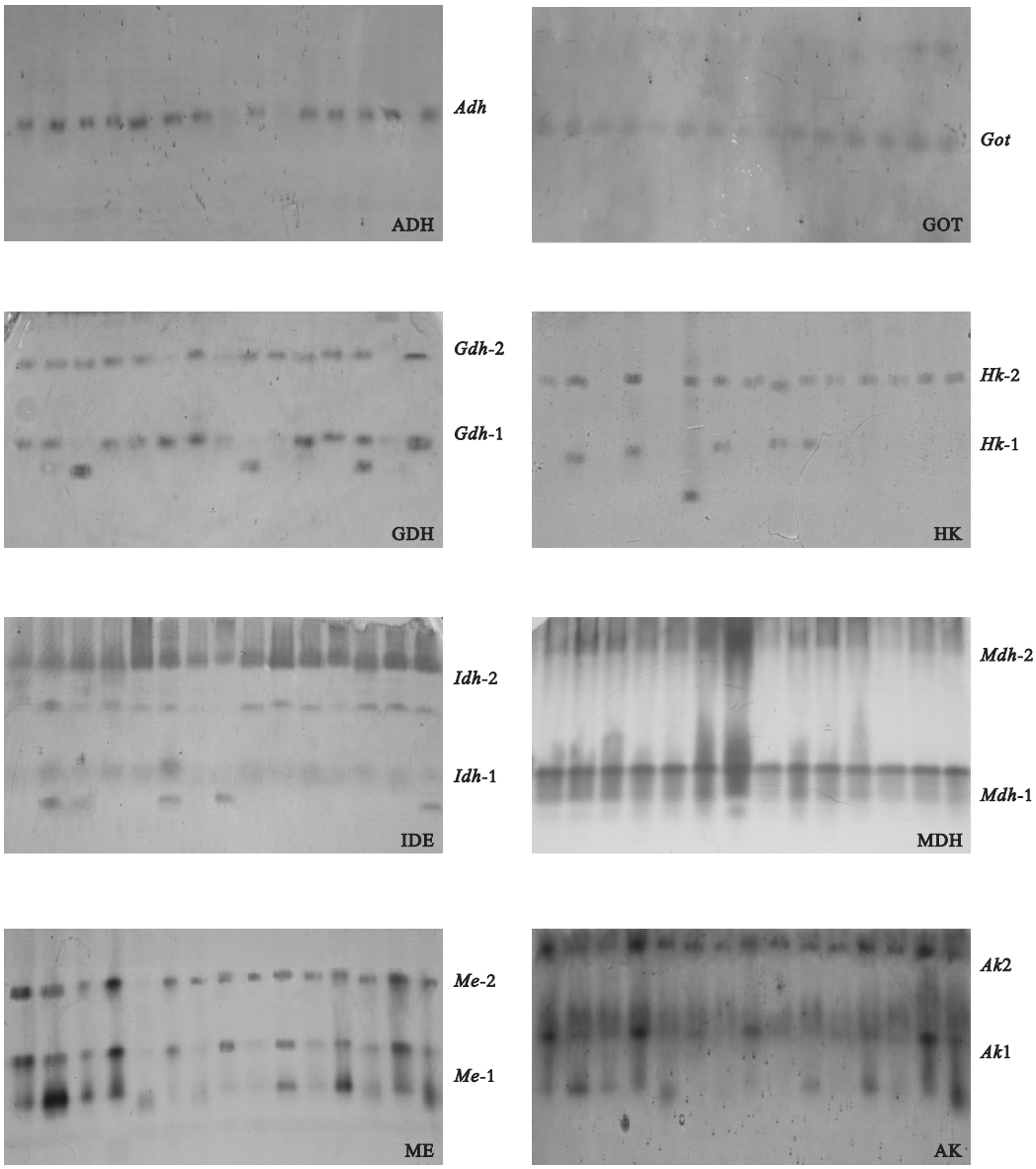


图1 通辽、赤峰和锡盟种群的8种等位酶带型图

Fig. 1 Electrophoretic forms of eight allozymes of TLS, CFS and XS populations

泳道从左至右依次为通辽、赤峰和锡盟种群各5个样本。

幅为0.031~0.133);种群总体水平 $P=42.86\%$,$A=1.786$,$H_e=0.081$;种群遗传多样性总体水平均高于种群平均水平。固定指数 F 可以用来判断群体中实际杂合体比率与理论期望杂合体比率的偏离程度及其原因,从而衡量群体基因型的实际频率是否偏离 Hardy-Weinberg 平衡。根据表3中各种群 F 值分析可知,BS、HS、WS、XS 和 XAM 种群的 F 值均为正值,说明种群内部纯合体过量;CFS 和 TLS 种群 F 值为负值,说明种群内部杂合体过量;AM 种群 F 值为0,说明该种群内部为随机交配,实际等位基因频率符合 Hardy-Weinberg 平衡。

在种群遗传多样性研究中,常用 Wright 的 F 统计量来描述群体的基因分化程度,可检测群体中基因型实际比率与 Hardy-Weinberg 理论期望比例的偏离程度,也可以度量群体间的分化程度。8个亚洲小车蝗种群多态位点的 F 统计量分解值和 N_m 值见表4。亚洲小车蝗各种群间杂合性基因多样度比率 F_{st} 的平均值为0.086,相对较低,而实际频率和理论预期频率的离差 F_{is} 值为0.401,相对较高,说明种群内的遗传变异大于种群间的遗传变异;种群迁移数 N_m 的平均值为3.142,说明亚洲小车蝗各种群间有一定的基因交流。

表 3 8 个亚洲小车蝗种群遗传多样性参数

Tab. 3 Genetic diversity parameters of eight geographical populations of *Oedaleus asiaticus*

种群	A	A_e	I	H_o	H_e	P	F
AM	1.714	1.433	0.137	0.029	0.031	35.71%	0.000
BS	1.500	1.417	0.107	0.086	0.133	42.86%	0.824
CFS	1.643	1.300	0.080	0.073	0.098	35.71%	−0.517
HS	1.571	1.453	0.122	0.027	0.031	42.86%	0.692
TLS	1.571	1.456	0.126	0.045	0.109	35.71%	−0.452
WS	1.428	1.266	0.035	0.052	0.062	35.71%	0.630
XS	1.571	1.441	0.108	0.031	0.038	35.71%	0.720
XAM	1.428	1.331	0.059	0.015	0.079	28.57%	0.608
平均水平	1.553	1.387	0.097	0.045	0.073	36.60%	0.344
总体水平	1.786	1.431	0.138	0.057	0.081	42.86%	0.524

2.4 亚洲小车蝗 8 个地理种群的遗传距离及聚类分析

表 5 表明,供试材料的遗传一致度从 0.781 ~ 0.953,遗传距离从 0.069 ~ 0.235,遗传变异较大。根据遗传距离可知,在亚洲小车蝗种群间遗传关系最近的是赤峰种群和通辽种群($D=0.069$),遗传关系最远的是阿拉善盟种群和呼盟种群($D=0.235$);从种群分布的地理区域看,随着东到北的地理距离渐远,各种群的遗传距离也呈逐渐增大的趋势,反映出遗传距离和地理距离存在一定的相关性。

根据遗传距离用 UPGMA 法构建 8 个亚洲小车蝗种群的系统树(图 2)。可以看出亚洲小车蝗 8 个地理种群聚为 2 大类,处于中西部地区的巴盟种群、乌盟种群、锡盟种群和阿拉善盟种群聚为一类,处于东部地区的呼盟种群、兴安盟种群、赤峰种群和通辽种群聚为另一类,遗传距离数据和聚类结果较符合昆虫的地理分布规律。

表 4 亚洲小车蝗种群在多态位点的等位基因 *F*-统计及基因流

Tab. 4 Summary of *F*-statistics at polymorphic loci of eight geographical populations of *Oedaleus asiaticus*

位点	F_{is}	F_{it}	F_{st}	N_m
MDH-1	0.611	0.623	0.031	7.796
ME-1	0.393	0.437	0.072	3.237
GDH-1	0.256	0.304	0.065	3.600
IDH-1	0.287	0.402	0.162	1.292
IDH-2	0.660	0.673	0.040	6.000
AK-1	0.417	0.470	0.090	2.515
HK-1	0.184	0.307	0.152	1.400
Mean	0.401	0.459	0.086	3.142

F_{is} 为亚种群内基因型的实际频率和理论预期频率的离差;F_{it} 为总种群中基因型的实际频率和理论预期频率的离差;F_{st} 为随机取自每个亚种群两个配子的相互关系,用来测量亚种群间的遗传分化程度。

表 5 亚洲小车蝗种群间遗传相似性和遗传距离

Tab. 5 Nei's genetic identity and genetic distance of eight geographical populations of *Oedaleus asiaticus*

种群	AM	BS	CFS	HS	TLS	WS	XS	XAM
AM	0.000	0.868	0.891	0.873	0.862	0.888	0.916	0.879
BS	0.109	0.000	0.871	0.884	0.865	0.926	0.857	0.871
CFS	0.140	0.149	0.000	0.868	0.953	0.886	0.868	0.868
HS	0.235	0.126	0.093	0.000	0.882	0.879	0.879	0.887
TLS	0.139	0.116	0.069	0.078	0.000	0.852	0.885	0.819
WS	0.142	0.094	0.126	0.152	0.139	0.000	0.876	0.886
XS	0.130	0.104	0.133	0.102	0.154	0.124	0.000	0.781
XAM	0.161	0.010	0.143	0.083	0.131	0.104	0.140	0.000

对角线上为遗传相似性,对角线下为遗传距离。

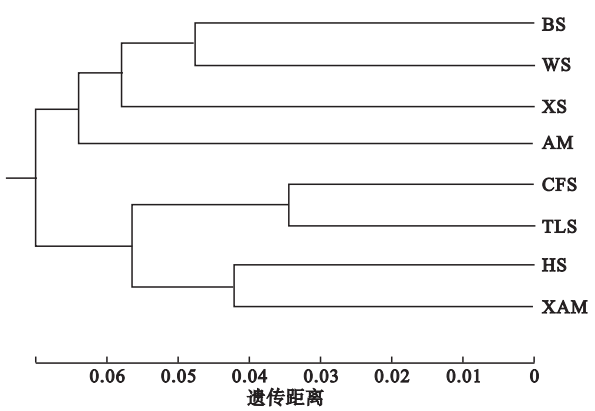


图 2 亚洲小车蝗 8 个种群系统聚类图

Fig. 2 UPGMA dendrograms based on Nei's genetic distance of eight geographical populations of *Oedaleus asiaticus*

横坐标为用非加权组平均法(UPGMA)计算后的 Nei 遗传距离。

3 讨 论

在等位酶实验中首先要注意选材的一致性,许多研究表明,在昆虫不同的器官或不同的发育阶段,等位酶表达的种类及含量是不尽相同的(郭晓霞和郑哲民,2002;南宫自艳等,2008)。本文在提取酶液时一致使用的亚洲小车蝗成虫后足,避免了提取材料不统一而导致结果的不准确性。选取了 8 种等位酶(MDH、ME、ADH、GDH、GOT、IDH、AK 和 HK)进行了遗传学分析,亚洲小车蝗 8 个地理种群中共检测到 14 个基因位点,其中 7 个位点为多态位点,检测到 25 个等位基因。

本文在根据固定指数 F 值衡量 8 个地理种群的亚洲小车蝗的基因型实际频率是否偏离 Hardy-Weinberg 平衡时,发现 8 个种群中绝大多数等位基因频率均在一定程度上偏离 Hardy-Weinberg 平衡。这种现象也见于其他蝗虫种类(李春选等,2003,2004)。亚洲小车蝗种群偏离 Hardy-Weinberg 平衡的原因是多方面的:首先,种群不是随机交配或是基

因成分发生变化是发生偏离的主要原因之一;其次,外界环境因素的影响,环境中可能存在不利于某些杂合子的自然选择;再次,种群内繁育、种群规模、寄主及地理隔离等因素也可能是原因之一。

本研究中亚洲小车蝗8个种群平均水平 F_{st} = 0.086, F_{is} = 0.401,种群间的杂合性基因多样度比率 F_{st} 相对较低,而实际频率和理论预期频率的离差 F_{is} 相对较高,说明种群内的遗传变异大于种群间的遗传变异;Slatkin(1985,1987)认为群体间基因交流可以用群体每代迁移系数(N_m)来度量,如 N_m>1 表明较大程度的基因交流可以使各基因在种群间广泛分布,在一定程度上抵消遗传漂变的作用,防止种群分化的发生;若 N_m<1 则表明种群间基因交流较少,无法有效抵消遗传漂变所引起的种群分化,遗传漂变就成为刻画群体遗传结构的主要因素。8个不同地理种群的亚洲小车蝗 N_m = 3.142,说明亚洲小车蝗各种群间有一定的基因交流。亚洲小车蝗属中型蝗虫,飞翔能力较强,具有能扩散出其地理起源地的能力,有报道认为,该种蝗虫一晚上可以飞行350 km(Cheke,1990;Riley & Reynolds,1990)。飞行可能是其基因交流水平较高的主要原因之一。种群间高的遗传一致度(0.781 ~ 0.953)和低遗传距离(0.069 ~0.235),也进一步说明亚洲小车蝗种群间的遗传分化不明显。除去自然因素(风力和水流)或人类的生产活动有可能促进了种群间的基因交流,迁飞可能是主要原因。根据Nei遗传距离所构建的亚洲小车蝗种群的UPGMA图(图2),8个种群聚为2支,聚为一类的地理种群生态条件有较高的相似性,加之地理距离较近,增加了基因交流机会,降低了遗传差异。

文中只选取了8种等位酶进行了遗传学分析,在今后的工作中应该继续优化等位酶体系,并同时采用多种等位酶进行电泳,结合遗传变异与生态因子的相关性进行深入研究,以期达到更加准确的遗传学分析。

参考文献

陈素华, 乌兰巴特尔, 曹艳芳. 2006. 气候变化对内蒙古草原蝗虫消长的影响. 草业科学, **23**(8): 78-82.

冯光翰, 樊树喜, 刘秋芳, 等. 1995. 室外罩笼条件下几种草原蝗虫的食量测定. 草地学报, **3**(3): 230-235.

郭晓霞, 郑哲民. 2002. 菜粉蝶不同发育期酯酶同工酶的比较研究. 昆虫学报, **45**(3): 401-403.

韩 焱, 段毅豪, 马恩波, 等. 2002. 中华稻蝗三个种群遗传结构分析. 动物学研究, **23**(1): 76-80.

蒋 湘, 买买提明, 张 龙. 2003. 夜间迁飞的亚洲小车蝗. 草地学报, **11**(1): 75-77.

康 乐, 陈永林. 1994. 草原蝗虫营养生态位研究. 昆虫学报, **37**(2): 178-189.

李 广. 2007. 亚洲小车蝗为害草场损失估计分析的研究. (硕士学位论文). 北京: 中国农业科学院.

李春选, 段毅豪, 郑先云, 等. 2003. 山西省8种蝗虫8个种群的遗传学研究. 遗传学报, **30**(2): 119-127.

李春选, 马恩波, 郭亚平, 等. 2004. 宽翅曲背蝗两个地理种群等位酶的比较. 遗传学报, **31**(1): 26-30.

刘庚山, 马恩波, 郑先云. 2003. 中国4种蝗虫不同种群的遗传分化. 遗传学报, **30**(3): 234-244.

刘庚山, 庄立伟, 郭安红. 2006. 内蒙古草原亚洲小车蝗龄期气候预测初步研究. 草业科学, **23**(1): 71-75.

马喜平, 李翠兰, 郭业平, 等. 2007. 蝗总科6种蝗虫6个种群的遗传分化. 山西大学学报(自然科学版), **30**(1): 90-94.

南宫自艳, 高宝嘉, 刘军侠, 等. 2008. 四种松毛虫不同地理种群遗传多样性的等位酶分析. 昆虫学报, **51**(4): 417-423.

潘建梅. 2002. 内蒙古草原蝗虫发生原因及防治对策. 中国草地, **24**(6): 66-69.

乔 海, 段毅豪, 马恩波, 等. 2002. 蝗总科部分种类等位基因酶的比较研究. 遗传学报, **29**(2): 133-137.

王中仁. 1998. 植物等位酶分析. 北京: 科学出版社.

郑先云, 段毅豪, 李春选, 等. 2002. 华北2蝗区东亚飞蝗种群遗传结构的比较研究. 遗传学报, **29**(11): 966-971.

Chapco W, Bidochka MJ. 1986. Genetic variation in prairie populations of *Melanoplus sanguinipes*, the migratory grasshopper. *Heredity*, **56**: 397-408.

Cheke RA. 1990. A migrant pest in the Sahel: The Senegalese grasshopper *Oedaleus enegalensis*. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London: Series B, Biological Sciences*, **328**: 539-553.

Riley JR, Reynolds DR. 1990. Nocturnal grasshopper migration in West Africa: Transport and concentration by wind, and the implications for air to air control. *Philosophical Translations of the Royal Society of London, Series B, Biological Sciences*, **328**: 655-672.

Slatkin M. 1985. Rare alleles as indicators of gene flow. *Evoletion*, **39**: 53-65.

Slatkin M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science*, **236**: 787-792.

Yeh FC, Yang RC, Boyle T. 1999. POPGENE Version 1. 31: Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis. Edmonton: University of Alberta and Centre for International Forestry Research, 11-23.

作者简介 高书晶,女,1978年生,博士。主要从事有害生物综合治理研究,发表论文10余篇。E-mail: shujinggao688@163.com

责任编辑 刘丽娟