四种松毛虫表型性状多样性与环境因子的关系*

南宫自艳[1] 杨 君[2] 徐秀平[3] 高宝嘉[4**]

([1]河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000; [2]河北农业大学农学院, 河北保定 071000; [3]河北省邯郸市农业广播电视学校, 河北邯郸 056001; [4]河北农业大学林学院, 河北保定 071000)

摘 要 对马尾松毛虫、落叶松毛虫、云南松毛虫、思茅松毛虫4种松毛虫的8个表型性状(蛹重、蛹长、雌雄虫体重、雌雄虫翅展和雌雄虫体长)进行了遗传多样性分析。结果表明:8项性状指标在4种松毛虫之间差异极显著;在所有性状中变异系数最大的是蛹重(CV=51.99%);对各种群变异系数比较分析发现,变异系数最大的是落叶松毛虫,最小的是云南松毛虫。主成分分析表明,蛹长、雌虫体重和雌虫翅展3个主分量构成的信息量基本能代表这8个性状的变异。系统聚类的结果为马尾松毛虫与落叶松毛虫聚为第一分支,思茅松毛虫和云南松毛虫聚为第二分支。松毛虫属昆虫表型性状的变异与生态环境因子的相关性较密切。

关键词 松毛虫属; 表型性状多样性; 环境因子

中图分类号 Q968.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-4890(2013)3-0627-07

Morphological diversity of four *Dendrolimus* species in relation to environmental factors.

NANGONG Zi-yan[1], YANG Jun[2], XU Xiu-ping[3], GAO Bao-jia[4**] ([1]*College of Plant Protection, Agricultural University of Hebei, Baoding* 071000, *Hebei, China*; [2]*College of Agronomy, Agricultural University of Hebei, Baoding* 071000, *Hebei, China*; [3]*Handan Agricultural Broadcasting and Television School, Handan* 056001, *Hebei, China*; [4]*College of Forestry, Agricultural University of Hebei, Baoding* 071000, *Hebei, China*). *Chinese Journal of Ecology*, 2013, **32**(3): 627-633.

Abstract: A genetic diversity analysis was made on the morphological characteristics (pupa weight, pupa length, female weight, female wing length, female body length, male weight, male wing length, and male body length) of *Dendrolimus punctatus punctatus* Walker, *D. superans* Butler, *D. houi* Lajonquiere, and *D. kikuchii* Matsumura. Significant differences were observed in the test morphological characteristics among the four *Dendrolimus* species, with the largest coefficient of variation (CV=51.99%) of pupa weight. *D. superans* population had the largest morphological diversity, while *D. houi* population had the smallest one. The principal component analysis showed that pupa length, female weight, and female wing length contributed most to the morphological diversity. Based on the UPGMA clustering, the first branch included *D. punctatus punctatus* and *D. superans*, and the second one included *D. houi* and *D. kikuchii*. There exited close correlations between the morphological diversity of the *Dendrolimus* species and the eco-environmental factors.

Key words: *Dendrolimus*; morphological diversity; environmental factor.

松毛虫是我国林业上的重要害虫,我国松毛虫属昆虫多达27个种(包括4个亚种),其中马尾松毛虫(*Dendrolimus punctatus punctatus* Walker)、落叶松毛虫(*D. superans* Butler)、云南松毛虫(*D. houi* Lajonquiere)和思茅松毛虫(*D. kikuchii* Matsumura)危害较为严重,给林业生产造成重大的经济损失。造成松毛虫危害较为严重和难以彻底根除的重要原因是松毛虫天然杂交种的存在和不同种松毛虫的混合发生(侯陶谦,1987)。由于松毛虫分布范围广泛,所处环境复杂,不同地理区域的气候因素、林分

* 国家自然科学基金项目(30771739)资助。

** 通讯作者 E-mail: baojiagao@163.com

收稿日期: 2012-10-31 接受日期: 2012-12-26

类型、坡向、天敌等都对松毛虫的外部形态有一定的影响,各种松毛虫在形态特征方面有一定的差异,甚至同一种松毛虫在不同的地理分布区形态特征也有一定的差异(赵清山和邬文波,1992)。针对松毛虫属昆虫分类及亲缘关系中存在的疑问,国内外多位研究学者从生物学、生态学、生理生化、杂交及分子遗传学等多方面进行了相关的研究报道(赵清山等,1999;孔祥波等,2001;Zhang *et al*. ,2003;南宫自艳等,2009;高宝嘉等,2011;贾玉迪等,2011)。

表型多样性主要是研究物种群体在其分布区内各种环境下的表型变异,是遗传多样性和环境多样性的综合体现。利用数量性状变异研究昆虫表型性状多样性是非常有效的手段,即以称量、测量以及计数等方法对其进行度量后再进行数理统计,采用系统聚类、动态聚类、主成分分析、因子分析和模糊聚类等方法估算相应的遗传参数,从而反映出种群遗传变异的模式(喻泓等,2004)。朱弘复等(1975)、刘友樵(1980)、陈斌(1989)、康乐等(1989),马雅军和王菊生(1990)、文定元和丁成会(1991)、周静芋和宋世德(1998)与蔡笃程等(2005)曾先后对一些重要昆虫类群的有关数值性状进行过研究。对于松毛虫属昆虫来说,复杂多变的生境和气候对其所产生的影响,必将会表现为形态上的差异。但对于松毛虫属昆虫,仅有少量针对不同松毛虫种类表型性状及分类特征的报道(庞正轰,1997;徐振国等,1998),赵清山等(1999)在针对马尾松毛虫、油松毛虫、赤松毛虫和落叶松毛虫进行种间杂交及遗传规律的研究中提到了4种松毛虫形态特征方面有一定的差异,但中间类型普遍,界限有时不清。目前还没有针对不同种松毛虫表型性状横向对比的研究报道。本文对松毛虫属4种松毛虫进行了表型性状的遗传多样性分析,并分析表型性状与环境因子的相关性,为松毛虫的综合防治提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试松毛虫种群

各种群松毛虫均为2006—2008年在采集地随机采集虫茧后,于室内室温条件下羽化成虫,按雌雄分别保存(表1)。外界采集来的虫蛹会有一定的寄生率,所以必须充足地采集虫蛹,才能保证室内羽化的成虫量足够实验使用。

1.2 供试松毛虫表型性状测定方法

根据所采集种类的标本选取雌雄成虫体长、翅展、体重外加蛹重和蛹长共计8个参数,对4种松毛虫进行了数值分类分析,以此说明这4种松毛虫主要数量性状的变异。每个种群随机测量31个个体,每个个体测量蛹重(测量精度为0.001 g)、蛹长(测量精度为0.01 cm)、雌雄虫体重(测量精度为0.001 g)、雌雄虫体长(测量精度为0.01 cm)和雌雄虫翅展(测量精度为0.01 cm)。

1.3 统计分析方法

采用SAS软件对4种松毛虫的8个表型性状进行协方差主成分分析,确定造成表型差异的主要表型性状。常用描述统计量的计算和数据转换采用Microsoft Office Excel 2003软件。方差分析(单因素方差分析和巢式设计方差分析)、变异系数(*CV*)差异性检验和多重比较分析、相关分析、协方差主成分分析均采用SAS软件。采用NTSYS PC 2.11e分析软件依表型数据对4种松毛虫按非加权配对算术平均法(un-weighted pair-group method using arithmetic averages,UPGMA)系统聚类分析。用SAS软件以8项表型性状指标分别对采集地纬度、经度、海拔、年降水量、年均温度和年均湿度作相关性分析。

2 结果与分析

2.1 4种松毛虫种间表型性状的变异

马尾松毛虫、落叶松毛虫、云南松毛虫、思茅松

表1 4种松毛虫采集地的环境因子

Table 1 Origin and ecological factors of four *Dendrolimus* species

种群	种群代号	采集地点	纬度、经度	海拔(m)	降水量(mm)	年均气温(℃)	年均湿度(%)
马尾松毛虫 *Dendrolimus punctatus punctatus* Walker	YJM	江西余江	28°11′N 116°54′E	310	1789	17.6	76
落叶松毛虫 *D. superans* Butler	ZJKL	河北张家口	40°85′N 115°85′E	1000	430	8.5	58
云南松毛虫 *D. houi* Lajonquiere	GYYN	四川广元	31°53′N 105°16′E	900	640	15.1	74
思茅松毛虫 *D. kikuchii* Matsumura	LPS	重庆梁平	30°25′N 107°24′E	730	1460	16.7	81

毛虫4种松毛虫之间存在生殖隔离,再加上长时间不同的地理位置、立地条件和气候的影响,使得各种松毛虫在天然生境下的表型性状存在一定变异。从表2可以看出,在4种松毛虫之间各表型性状参数差异很大。其中,蛹重、雌雄虫体重、雌雄虫翅展和雌雄虫体长7个表型性状均为云南松毛虫种群最大,在马尾松毛虫种群最小;蛹长在落叶松毛虫种群最大,在马尾松毛虫种群最小。

变异系数标准差与平均数的比值称为变异系数,记为*CV*。变异系数是衡量数据中各观测值变异程度的另一个统计量。进一步对4种松毛虫种群内变异系数进行比较(表3),数据表明不同的表型性状在不同种松毛虫个体之间存在着一定的变异幅度,且各指标的变异幅度不一致。在所有性状中变异系数最大的是蛹重,*CV*=51.99%;变异系数最小的是雄虫翅展,*CV*=5.47%。8个表型性状变异系数平均值从大到小依次为:蛹重、雄虫体重、雌虫体重、蛹长、雄虫体长、雌虫体长、雌虫翅展、雄虫翅展。

从表3看出,对4种松毛虫变异系数比较发现,变异系数最大的是落叶松毛虫(ZJKL,*CV*=21.76%),最小的是云南松毛虫(GYYN,*CV*=13.81%)。就同一性状来讲,马尾松毛虫有3个性状的变异系数高于同一性状总体变异;云南松毛虫有一个性状变异系数高于总体水平;思茅松毛虫有4个性状变异系数高于总体水平;落叶松毛虫有5个性状变异系数高于总体水平。

2.2 4种松毛虫种间表型性状的聚类分析

系统聚类分析是在数值分类中使用最多的一种方法,选用非加权配对算术平均法(UPGMA)作系统聚类图(图1),图1反映了本实验中4种松毛虫的聚类关系。在4种松毛虫各自种内的31个个体首先聚类,然后马尾松毛虫种群与落叶松毛虫种群聚为第一分支,思茅松毛虫种群和云南松毛虫种群聚为第二分支。

2.3 4种松毛虫种间表型性状的相关性

对松毛虫属4种松毛虫8种表型性状平均值进行了相关性分析与检验(表4),分析结果表明,除雌虫体重、雌虫翅展和雌虫体长外,松毛虫其他各个形态特征之间都存在显著正相关,说明松毛虫属4种松毛虫蛹重、蛹长、雄虫体重、雄虫翅展和雄虫体长5项表型形态特征之间存在相互促进、共同变异的关系。

2.4 4种松毛虫种间表型性状的主成分分析

为进一步分析出8个表型性状中哪些是造成种间差异的主要因素,对8个表型性状做了主成分分析,从而获得这些性状的特征值、累积贡献率和因子负荷值等参数(表5、表6)。4种松毛虫8个性状的特征值见表5,分析结果显示,前3个主分量构成的信息量占总信息量的93.92%,反映出绝大部分的信息,基本能代表这8个性状的变异。

表6体现了8个性状的累积贡献率和因子负荷

表2 4种松毛虫天然群体间表型性状的平均值及标准误

Table 2 Mean value and standard deviation of morphological traits of four *Dendrolimus* species

种群	蛹重(g)	蛹长(cm)	雌虫体重(g)	雌虫翅展(cm)	雌虫体长(cm)	雄虫体重(g)	雄虫翅展(cm)	雄虫体长(cm)
YJM	0.325±0.176 c	2.867±0.405 d	0.534±0.107 d	6.313±0.277 d	2.842±0.171 d	0.196±0.053 d	5.152±0.237 d	2.577±0.203 c
GYYN	3.041±1.418 a	4.484±0.578 b	4.610±0.592 a	13.045±0.678 a	5.284±0.197 a	1.276±0.295 a	9.661±0.341 a	4.548±0.118 a
LPS	1.528±0.888 b	3.387±0.177 c	2.615±0.695 b	10.503±0.871 b	4.481±0.269 b	0.619±0.199 b	7.619±0.354 b	3.877±0.294 b
ZJKL	0.684±0.335 c	5.316±0.515 a	0.859±0.288 c	7.216±0.291 c	3.029±0.260 c	0.436±0.222 c	6.681±0.611 c	2.681±0.247 c

数据为平均值±标准误,同列数据后有不同字母表示差异显著($P<0.05$)。种群代码见表1。

表3 4种松毛虫天然群体间表型性状的变异系数(*CV*,%)

Table 3 Coefficient of variation of morphological traits of four *Dendrolimus* species

种群	蛹重(g)	蛹长(cm)	雌虫体重(g)	雌虫翅展(cm)	雌虫体长(cm)	雄虫体重(g)	雄虫翅展(cm)	雄虫体长(cm)	平均
YJM	54.15	14.13	20.15	4.38	6.01	27.30	4.53	7.87	17.32
GYYN	46.62	12.89	12.85	5.20	3.72	23.09	3.53	2.59	13.81
LPS	58.14	5.21	26.56	8.29	6.00	32.13	4.65	7.58	18.57
ZJKL	49.04	9.68	33.52	4.03	8.57	50.87	9.15	9.21	21.76
合计	51.99	10.48	23.27	5.48	6.08	33.35	5.47	6.81	17.87

表4 4种松毛虫种群性状间的相关系数

Table 4 Correlation coefficients of population characters of four *Dendrolimus* species

	蛹重(g)	蛹长(cm)	雌虫体重(g)	雌虫翅展(cm)	雌虫体长(cm)	雄虫体重(g)	雄虫翅展(cm)	雄虫体长(cm)
蛹重(g)	1							
蛹长(cm)	0.1849**	1						
雌虫体重(g)	0.7214***	0.1211	1					
雌虫翅展(cm)	0.7325***	0.1374	0.9384***	1				
雌虫体长(cm)	0.7357***	0.0724	0.9291***	0.9557***	1			
雄虫体重(g)	0.6760***	0.2823***	0.8213***	0.8192***	0.7828***	1		
雄虫翅展(cm)	0.7350***	0.3561***	0.8984***	0.9189***	0.8980***	0.8380***	1	
雄虫体长(cm)	0.7204***	0.0672***	0.9221***	0.9305***	0.9361***	0.8011***	0.8656***	1

** $P<0.01$, *** $P<0.001$。

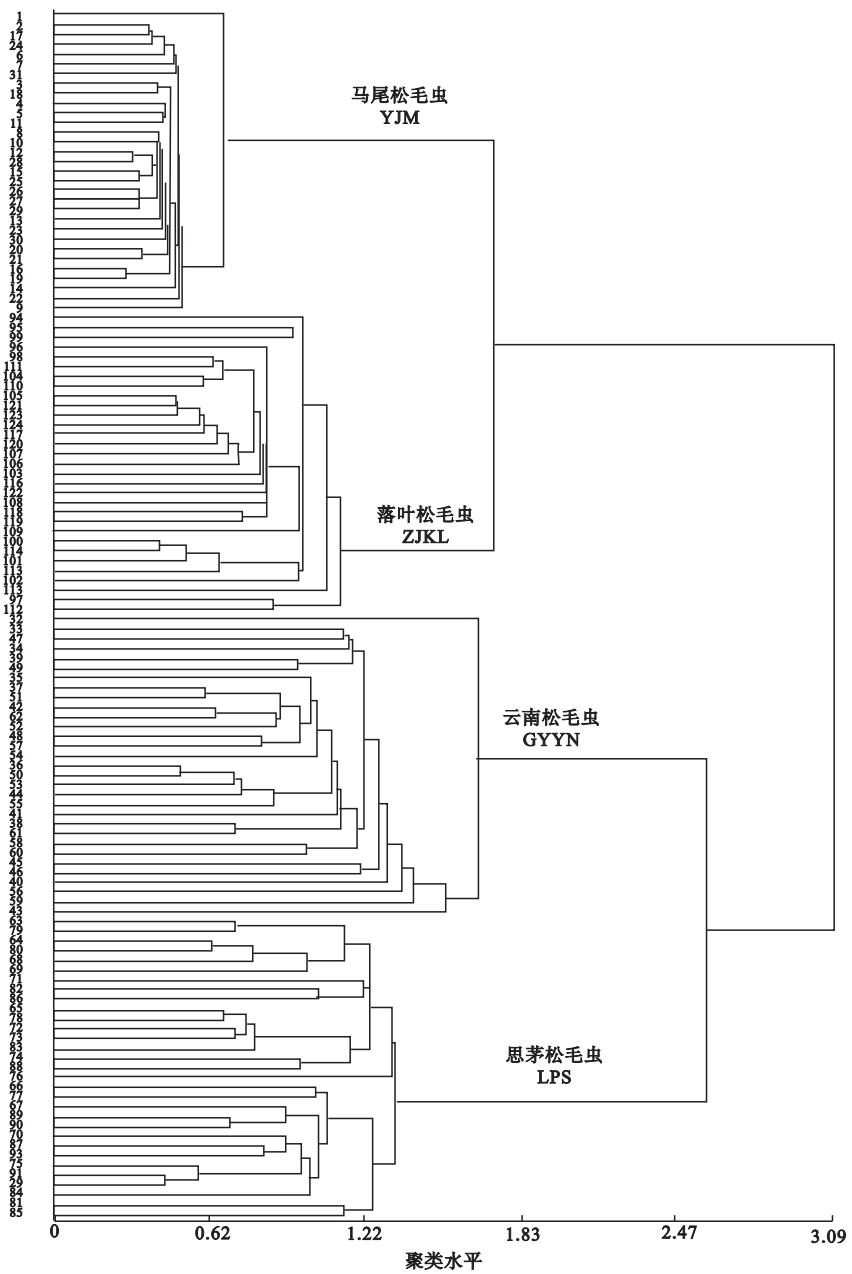


图1 4种松毛虫表型性状系统聚类树形图

Fig. 1 UPGMA cluster based on morphological traits of four *Dendrolimus* species

表 5 4 种松毛虫种群 8 个性状的特征值及其贡献
Table 5 Eigenvalue and their contribution rate of eight characters of four *Dendrolimus* species

	特征值	贡献率(%)	累计贡献率(%)
蛹重(g)	6.0824	76.03	76.03
蛹长(cm)	1.0501	13.13	89.16
雌虫体重(g)	0.3807	4.76	93.92
雌虫翅展(cm)	0.2334	2.92	96.83
雌虫体长(cm)	0.0886	1.11	97.94
雄虫体重(g)	0.0734	0.92	98.86
雄虫翅展(cm)	0.0515	0.64	99.50
雄虫体长(cm)	0.0400	0.50	100.00

表 6 4 种松毛虫种群 8 个性状对前 3 个主成分的负荷量
Table 6 Component score coefficient matrix of four *Dendrolimus* species

	第一主分量	第二主分量	第三主分量	共同度	特殊方差
蛹重(g)	0.8129	0.0273	0.5816	0.9998	0.0002
蛹长(cm)	0.2209	0.9682	−0.0353	0.9876	0.0124
雌虫体重(g)	0.9588	−0.1034	−0.0975	0.9394	0.0606
雌虫翅展(cm)	0.9694	−0.0898	−0.0905	0.9559	0.0441
雌虫体长(cm)	0.9582	−0.1600	−0.0625	0.9477	0.0523
雄虫体重(g)	0.8860	0.1256	−0.0884	0.8087	0.1913
雄虫翅展(cm)	0.9547	0.1561	−0.0750	0.9414	0.0586
雄虫体长(cm)	0.9483	−0.1654	−0.0781	0.9328	0.0672
特征值	6.0824	1.0501	0.3807		
累计贡献(%)	76.03	89.16	93.92		

值等参数,其中第一主分量对总变异的贡献率为 76.03%,对第一主分量影响较大的性状有蛹重、雌虫体重、雌虫翅展、雌虫体长、雄虫体重、雄虫翅展、雄虫体长;第二主分量对总变异的贡献率为 13.13%,蛹长性状对第二主分量的影响较大;第三主分量对总变异的贡献率为 4.76%,蛹重对第三主分量的影响较大。

主成分分析结果得知,前 3 个因子对总体的变异贡献率达 93.92%,根据主分量Ⅰ和主分量Ⅱ绘制主成分分析图(图 2),可以看出马尾松毛虫在第一和第二主成分中得分均较低,云南松毛虫在第一主成分中得分较高而在第二主成分中得分中等,思茅松毛虫在第一主成分中得分中等,而在第二主成分中得分较低,落叶松毛虫在第一主成分中得分较低而在第二主成分中得分较高。4 种松毛虫共 124 个个体的聚散分布情况与根据欧氏距离构建的聚类图(图 1)一致,各个种内的 31 个个体分别相聚在一起,种之间聚集团相离较远。

2.5 4 种松毛虫表型性状欧氏距离与环境因子的相关性

以 4 种松毛虫 8 项表型性状指标分别对采集地的纬度、经度、海拔、年降水量、年均温度和年均湿度作相关性分析。从表7可以看出,4种松毛虫各群

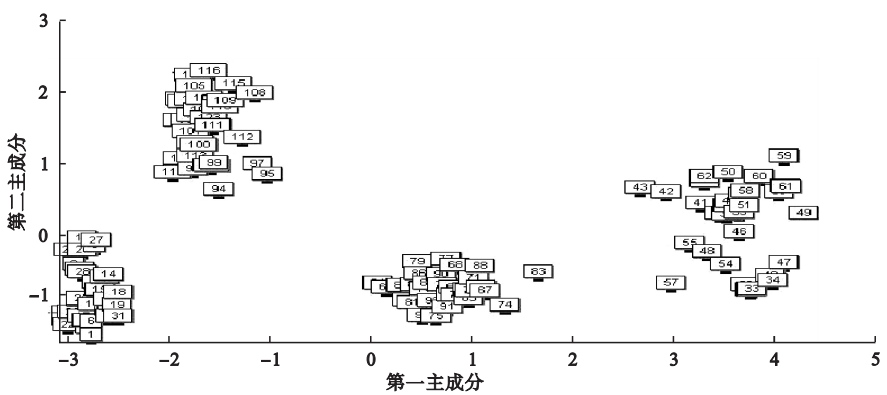


图 2 4 种松毛虫主成分分析图
Fig. 2 Two dimensional plot of 4 *Dendrolimus* species

表 7 4 种松毛虫的表型性状遗传变异与环境因子的相关性
Table 7 Correlation of the deviation of morphological traits and the ecological factors within four *Dendrolimus* species

生态因子变量	蛹重(g)	蛹长(cm)	雌虫体重(g)	雌虫翅展(cm)	雌虫体长(cm)	雄虫体重(g)	雄虫翅展(cm)	雄虫体长(cm)
纬度	0.9729*	0.3634	0.9451	0.9099	0.8796	0.9887*	0.9450	0.8807
经度	0.1630	−0.2891	0.1321	0.0219	0.0130	0.1629	−0.0241	0.0323
海拔	0.8305	0.4998	0.8304	0.8741	0.8552	0.8387	0.9255	0.8436
降水量	−0.9173	−0.1624	−0.9426	−0.9749*	−0.9790*	−0.8835	−0.9351	−0.9747*
年均温度	−0.9842*	−0.2863	−0.9647*	−0.9316	−0.9078	−0.9890*	−0.9447	−0.9099
年均湿度	−0.9284	−0.0213	−0.9223	−0.8739	−0.8653	−0.9083	−0.8273	−0.8737

* $P<0.05$。

体的蛹重和雄虫体重两个表型性状多样性与纬度呈显著正相关;雌虫翅展、雌虫体长和雄虫体长3个性状与生境的年均降水量呈显著的负相关趋势;蛹重、雌虫体重和雄虫体重3个性状与生境的年均气温呈显著的负相关趋势。

3 讨 论

变异是生物界所具有的最基本特征之一。在诸多变异之中,表型性状变异既具有变异性又具有稳定性,对表型性状变异的描述和分析是探讨其他变异类型的基础。本文针对我国林业上重要的害虫——松毛虫进行了不同种之间表型性状多样性的测定及对比分析。根据变异均值及均值的多重比较,可以得出,所选择的松毛虫8个表型性状在4种松毛虫之间差异极显著,其中变异最大的表型性状是蛹重;变异最大的松毛虫种群是落叶松毛虫(CV=21.76%),说明落叶松毛虫种群遗传多样性高。有研究表明,落叶松毛虫成虫的平均寿命、产卵量和繁殖力都高于其他种松毛虫(陈昌洁等,1990)。另外,推测落叶松毛虫表型性状遗传多样性高的原因应与该种松毛虫采集样地林分类型及其他生态因子有关。落叶松毛虫采集地张家口,在中国动物地理区划上属于东北区、华北区、蒙新区的交界地带,生境复杂,林型为华北落叶松、油松、樟子松混交林,食料充足,温度适宜,非常适合松毛虫的生长和发育。Valentine(1976)认为,专食性物种将会有较低的遗传变异,而杂食性的物种遗传多样性相对较高。落叶松毛虫在如此复杂的生境中长期适应,自身遗传力与外界因子包括多种寄主植物的相互作用,逐渐在种群内产生了较高水平的表型性状多样性。

张爱兵等(2004a)利用RAPD指纹图谱技术研究松毛虫属8个种及亚种亲缘关系的结果表明,落叶松毛虫与马尾松毛虫亲缘关系要较之云南松毛虫和思茅松毛虫近。本研究中所得出的4种松毛虫的树状聚类图也同样支持以上研究结论,马尾松毛虫和落叶松毛虫首先相聚成第一大类,思茅松毛虫和云南松毛虫则聚为一支。落叶松毛虫与马尾松毛虫亲缘关系较近,这似乎与两种松毛虫分布区距离较远这一事实相悖。张爱兵等(2004b)针对马尾松毛虫的分布、遗传多样性的空间格局及其历史成因的可能影响做出了推测:第三纪早期我国当时的最北部亦是暖温带气候,无论动物或植物在南北差异不是很大,马尾松毛虫随同其寄主植物在当时的大部分地区都有分布;当第三纪气候逐渐变冷和第四纪冰期与间冰期的交替更换,相对而言比较喜暖的马尾松逐渐向南方退缩,经过气候的变化及多次轮回,最终分布到秦岭-淮河一线。根据4种松毛虫聚类图及前人研究结论,我们也可以从时间和空间上对于4种松毛虫的演化做一个初步推测:思茅松毛虫和云南松毛虫首先与马尾松毛虫分离向我国西南部扩展,落叶松毛虫与马尾松毛虫分离时间则较之前两者短,马尾松毛虫逐渐向气候较暖的南方退缩,落叶松毛虫分离后向我国北部扩展,由于北方干燥寒冷的地理气候形成为稳定的新种。

表型性状的变异受其自身的遗传组成和所处生态环境两方面的影响,气候因素会对昆虫的分布产生直接和间接的影响。对于松毛虫这个物种来说,多种环境因子可能会成为影响其分布的主要原因(陈素华和张晓磊,2011;杜鹃等,2011;高立杰等,2011),尤其是温度和湿度(张爱兵等,2004b)。在本研究中也同样发现松毛虫属昆虫表型性状的变异与环境因子的相关性较密切:蛹重、雄虫体重性状与纬度呈显著正相关;雌雄虫体长、雌虫翅展与降水量呈显著负相关;蛹重、雌雄虫体重与年均温也呈显著负相关。

数值分类的准确与否主要取决于所用原始资料的全面性和准确性。本文只选择了松毛虫8种表型性状,如果能再增加一些变量指标,或者同时增加质量性状指标,并同时增加样本数,相信会得到更为客观和准确的系统聚类结果。

参考文献

蔡笃程, 刘桂清, 李大军. 2005. 蜻蜓3属的非参数判别分析. 华南热带农业大学学报, **11**(4): 15-19.

陈昌洁. 1990. 松毛虫综合管理. 北京: 中国林业出版社.

陈素华, 张晓磊. 2011. 落叶松毛虫发生与气象因子的关系及其发生面积预报. 东北林业大学学报, **39**(11): 135-136.

陈 斌. 1989. 黄斑星天牛和光肩星天牛的数值分类研究. 昆虫学报, **32**(3): 341-349.

杜 娟, 郭红珍, 高宝嘉, 等. 2011. 不同油松纯林中油松毛虫的遗传多样性及环境因素分析. 河北农业大学学报, **34**(1): 82-86.

高宝嘉, 张学卫, 周国娜, 等. 2011. 基于 *Cyt b* 基因序列分析的松毛虫种群遗传结构研究. 生态学报, **31**(6): 1727-1734.

高立杰, 高宝嘉, 侯建华. 2011. 赤松毛虫地理种群的遗传变异与生态因子的相关性. 生态学杂志, **30**(7): 1394-1397.

侯陶谦. 1987. 中国松毛虫. 北京: 科学出版社.
贾玉迪, 孔祥波, 张 真, 等. 2011. 基于线粒体 COI 基因部分序列分析 4 种松毛虫的亲缘关系. 东北林业大学学报, **39** (11): 65-70.
康 乐, 李鸿昌, 陈永林. 1989. 中国散居型飞蝗地理种群数量性状变异的分析. 昆虫学报, **32**(4): 418-426.
孔祥波, 赵成华, 高 伟. 2001. 4 种松毛虫性信息素成分及在近缘种生殖隔离中的作用. 科学通报, **46**(17): 1435-1439.
刘友樵. 1980. 中国草蛾属(鳞翅目: 草蛾科)的种类、分布及数值分类研究. 昆虫分类学报, **2**(4): 267-284.
马雅军, 王菊生. 1990. 赫坎按蚊种团中 5 种 4 株的数值分类. 贵阳医学院学报, **15**(1): 37-40.
庞正轰. 1997. 赤松毛虫两种色型幼虫的研究. 广西林业科学, **26**(4): 155-158.
南宫自艳, 高宝嘉, 杨 君. 2009. 松毛虫属(*Dendrolimus*)部分种类亲缘关系与遗传分化的等位酶分析. 生态学报, **29**(4): 1661-1667.
徐振国, 金 涛, 刘小利, 等. 1998. 松毛虫属一新种(鳞翅目:枯叶蛾科). 西北农业学报, **7**(1): 1-3.
文定元, 丁成会. 1991. 用模糊聚类法分析松毛虫个体变异及种类. 中南林学院学报, **2**: 182-186.
喻 泓, 肖曙光, 李海涛. 2004. 数值分类在我国昆虫分类工作中的应用. 河南林业科技, **24**(4): 32-34.
周静芋, 宋世德. 1996. 夜蛾科卵的数值分类研究(鳞翅目: 夜蛾科). 昆虫分类学报, **20**(3): 157-162.
赵清山, 邬文波. 1992. 松毛虫的杂交遗传试验. 昆虫学报, **35**(1): 28-32.
赵清山, 邬文波, 吕国平, 等. 1999. 松毛虫种间杂交及其遗传规律的研究. 林业科学, **35**(4): 45-50.
朱弘复, 张广学, 钟铁森. 1975. 蚜虫的数值分类. 昆虫学报, **8**(2): 211-215.
张爱兵, 孔祥波, 李典谟, 等. 2004a. 中国松毛虫属八个种和亚种亲缘关系的 DNA 指纹证据. 昆虫学报, **47**(2): 236-242.
张爱兵, 张 真, 王鸿斌, 等. 2004b. 中国枯叶蛾科昆虫地理分布及其与环境的相关性. 北京林业大学学报, **26**(4): 54-60.
Valentine JW. 1976. Genetic strategies of adaptation// Ayala FJ, ed. Molecular Evolution. Sunderland: Sinauer Associates.
Zhang AB, Wang ZJ, Tan SJ, *et al*. 2003. Monitoring the masson pine moth, *Dendrolimus punctatus* (Walker) (Lepidoptera: Lasiocampidae) with synthetic sex pheromone-baited traps in Qianshan County, China. *Applied Entomology and Zoology*, **38**: 177-186.

作者简介 南宫自艳, 女,1976 年生,副教授,主要从事昆虫种群生态学和害虫生物防治方面的研究。E-mail: ngzyheb@yahoo. com. cn
责任编辑 张 敏