

云南桔小实蝇 (*Bactrocera dorsalis*) 季节性分布区
4 个地理种群遗传结构

施 伟, 叶 辉*

云南大学生命科学学院, 昆明 650091)

摘要 对云南桔小实蝇季节分布区内六库、大理、昆明和曲靖 4 个典型地区桔小实蝇种群 (*Bactrocera dorsalis*), 共 52 个个体的线粒体 DNA CO I 基因中的部分序列进行了测定分析。在获得的 503 bp 序列中, 共发现 15 个多态位点, 定义了 14 种单倍型, 其中种群间的共享单倍型有 4 个。通过对桔小实蝇 4 个地理种群的 *K2P* 遗传距离、*Fst* 值, 种群间和种群内遗传差异平均数的统计检测, 以及 4 个种群之间基因流状况分析表明, 研究的各种群间均存在不同程度的遗传分化。六库种群与其余 3 个种群间的遗传分化最大, 遗传差异显著 ($p < 0.05$)。大理种群与曲靖种群之间存在一定程度遗传分化 ($p < 0.10$), 但与昆明种群间的分化程度较低。昆明种群与曲靖种群间的遗传分化程度最低。简言之, 在桔小实蝇季节性分布区内, 位于西部的种群遗传分化程度最高, 由西向东, 遗传分化程度渐次下降, 位于东部的两个种群遗传结构相近。研究认为, 地理隔离是导致六库种群与其余 3 个种群遗传分化的主要原因, 而大理、昆明和曲靖种群之间遗传分化较低, 可能是这些种群来自相近或相同的虫源地。研究结果对于在桔小实蝇季节性分布区的不同地点制定桔小实蝇治理方案具有重要的参考价值。

关键词 桔小实蝇 季节分布区 地理种群 线粒体 DNA 细胞色素氧化酶 I 基因 遗传分化

文章编号: 1000-0933 (2007)06-2477-06 中图分类号: Q142, Q968 文献标识码: A

Genetic structure in four geographic populations of the oriental fruit fly,
Bactrocera dorsalis (Hendel) (Diptera: Tephritidae) located in the seasonal
occurrence zone in Yunnan Province

SHI Wei, YE Hui*

College of Life Science, Yunnan University, Kunming 650091, China

Acta Ecologica Sinica, 2007, 27 (6): 2477 ~ 2482.

Abstract The partial section of mitochondrial cytochrome oxidase I (CO I) was sequenced. These sequences were in 52 individuals from four *Bactrocera dorsalis* geographic populations (Liuku, Dali, Kunming, Qujing) located in the seasonal occurrence zone of the fly in Yunnan Province. The 503bp sequences were obtained from mitochondrial cytochrome oxidase I DNA sequences. Fifteen nucleotide sites were substituted. Fourteen haplotypes were identified in all the sequences, with four shared. The genetic distances of the four populations were analyzed by *K2P* genetic distances and *Fst* value. Average number of pairwise genetic differences were obtained between and within 4 populations. Gene flow among four populations

基金项目 国家重大基础研究计划“973”资助项目 (2003CB415100) 云南省教委基金资助项目 (5Y0190B)

收稿日期 2006-05-12 ; **修订日期** 2006-11-28

作者简介 施伟 (1977 ~), 女, 云南昆明人, 硕士生, 主要从事昆虫分子生态学研究. E-mail: shiwei@ynu.edu.cn

* **通讯作者** Corresponding author. E-mail: yehui@ynu.edu.cn

致谢 感谢美国 Texas 州州立大学生物系的 Gray Shook 教授对英文摘要的修改

Foundation item The project was financially supported by National Basic Research Program of China “973” (No. 2003CB415100); Foundation Item of Yunnan Education (No. 5Y0190B)

Received date 2006-05-12 ; **Accepted date** 2006-11-28

Biography SHI Wei, Master candidate, mainly engaged in entomologica molecular ecology. E-mail: shiwei@ynu.edu.cn

was also detected. All results showed that genetic differences existed among the four populations. The genetic differences between Liuku and other three populations were largest. The p value was <0.05 . There were some genetic differences between Dali and Qujing population. That p value <0.01 . But the genetic differences between Kunming and Qujing population were lowest. In a word, in seasonal occurrence zone of *Bactrocera dorsalis*, the genetic differences was larger in the western region. The genetic differences declined gradually from western to eastern region. The two populations located in eastern region have closer genetic structure. The results showed geographic isolation is the main reason of genetic differences between Liuku population and other three populations. The lower genetic differences among Dali, Kunming and Qujing population probably resulted from them having the same origin. The results of the study have important implications for the management and eventual elimination of *Bactrocera dorsalis* populations at different locations in the seasonal occurrence zone in Yunnan.

Key Words *Bactrocera dorsalis*; geographic population; MtDNA; cytochrome oxidase I gene; genetic differentiation

桔小实蝇 (*Bactrocera dorsalis*) 又名东方果实蝇, 是一类危害热带和亚热带水果、蔬菜的重要害虫^[1]。该虫于 1912 年首次发现于我国台湾^[2], 迄今已分布于环太平洋的许多国家和地区。桔小实蝇成虫产卵于水果皮下, 其幼虫蛀食果肉, 致使果实腐烂变质。由于桔小实蝇繁殖量大、危害性强, 已被许多国家列为主要的检疫害虫^[3]。

桔小实蝇在我国主要分布于华南和西南地区的 9 省区^[4]。云南位于我国西南边疆, 气候类型多样, 热带和亚热带水果丰富, 是我国桔小实蝇危害最为严重的省区之一。桔小实蝇分布在云南近 2/3 的地区^[5], 但其发生特点和危害程度因地理和气候条件而异。在纬度 24° 以南的地区, 桔小实蝇终年发生, 而在纬度 24° 和 26° 的地区, 桔小实蝇仅出现于 4 ~ 11 月份, 形成季节性危害^[6]。研究表明, 季节性分布区的桔小实蝇来源于常年分布区^[7]。但在东西向长达 885 km 的季节分布区内^[8], 桔小实蝇种群是否进行着东西方向的扩散和交流是我们一直未被回答的问题。

分子生物学技术是研究种群扩散迁移的重要手段之一^[9]。施伟和叶辉^[8,10]曾应用线粒体 DNA CO I 基因的序列分析, 揭示了云南桔小实蝇常年分布区内, 该实蝇种群的遗传分化。本研究将通过对桔小实蝇线粒体 DNA CO I 基因部分序列的测定, 探讨季节性分布区内 4 个典型地点桔小实蝇种群的内在联系。

1 材料和方法

1.1 材料来源

供试桔小实蝇采集于昆明、曲靖、大理和六库, 昆明和大理处于桔小实蝇季节分布区的中部, 曲靖位于季节分布区的最东部, 而六库位于季节分布区的西部。4 个地点的基本情况详见表 1。虫样由性诱剂 (甲基丁香酚) 直接在采样地诱捕成虫获得。诱集得到的虫样均用 95% 的乙醇保存。

表 1 样品的来源及其它相关信息
Table 1 Data of samples collected

采集地 Sites	海拔 (m) Elevation	纬度和经度 latitude and Longitude	代号 Code	样本量 Number of specimens	寄主 Host plants	采集日期 Collection date (Year-Month)
昆明 Kunming	1891.5	25°01'N 102°41'E	KM	14	桃子 Peach	2004-08
曲靖 Qujing	1983.5	23°41'N 101°59'E	QJ	16	芒果 Mango	2004-08
大理 Dali	1990.5	25°42'N 100°11'E	DL	10	芒果 Mango	2004-08
六库 Liuku	1653.5	26°13'N 104°05'E	LK	12	芒果 Mango	2004-08

1.2 总 DNA 提取

桔小实蝇总 DNA 的提取采用上海华舜生物工程有限公司的小量组织/细胞基因组 DNA 抽提试剂盒的操

作方法进行。

1.3 PCR 扩增目的片段及序列测定

PCR 扩增的目的片段为 mtDNA CO I 基因片段中长度为 601bp 的一段序列。从 NCBI 中找到与桔小实蝇同目昆虫 CO I 区的同源序列 (GenBank 序列号为 AF423102 ~ AF423107、AY053507 ~ AY053512), 通过 Bioedite 软件将同源序列进行排序,找出保守区段,以此为基础设计出引物:

P1 5'-CGTGCCTATTTCACTTCAGC-3'
P2 5'-CAGCTGGAGGGGTATTTTGA-3'

引物由上海博亚生物技术有限公司合成。
每一样品的扩增体积为 50μl,其中灭菌四蒸水 H₂O, 31μl ;10 * Buffer, 5μl ;Mg²⁺ (5mmol/l) , 4μl ;dntp (5mmol/l) , 1.5μl 两种引物各 4μl ;TagDNA 聚合酶 (U/μl) 2 U, 模板 DNA 2 μl (含 20 ~ 50 ng DNA)。扩增条件共 35 个循环,包括 94℃,20s ;55℃,20s ;72℃,1 min。反应前 94℃,2min ;反应结束 72℃,5min,4℃保存。PCR 粗产物纯化及测序委托上海博亚生物技术有限公司完成。测序反应均在 ABI100-377 测序仪上进行,每个样品都进行双向测序。

1.4 数据分析

序列的排定应用 Clustal X 在 Bioedit7.0 软件 [1] 中完成,辅以人工校对。单倍型的数量统计及其分布,多态位点的数量,以及单倍型间的 Kimura two parameter (K2P) 遗传距离均由软件 Mega2.0 [2] 统计获得。4 个种群间的 K2P 遗传距离计算也由软件 Mega2.0 计算获得。
种群间和种群内遗传差异平均数 [3] 和种群遗传分化 F 统计量 (f_{st}) [4] 的计算在 ALEQUIN2.000 [5] 中完成。种群间的基因流以及种群的遗传多样性参数,包括基因多样性 (h) 和碱基多样性指数 (p_i) 的计算均在 DnaSP3.0 [6] 上完成。

2 结果

2.1 序列特征分析

本研究对云南桔小实蝇季节分布区内 4 个地理种群的 52 个样本的线粒体 DNA CO I 基因 (601 个碱基) 进行了序列测定。经过排序和校对,最终获得长度为 503bp 的序列。对所有序列同源排序分析表明,多态位点共有 15 个,占所有序列的 47%,15 个位点均为碱基转换位点,其中 67% 为 A-G 转换,43% 为 C-T 转换,没有发现碱基缺失。在碱基组成中,A + T 的含量明显高于 G + C 的含量,这与双翅目其它实蝇种类线粒体 DNA 的碱基特点基本一致 [7,18]。

2.2 单倍型在种群中的分布及其碱基的差异

在获取的序列中共定义了 14 个单倍型,单倍型的分布情况如表 2 所示,种群间的共享单倍型有 4 个 (H3、H7、H9、H11),其中单倍型 H3 由 DL、LK 和 KM 3 个种群共享 ;H7 和 H9 由 DL、QJ 和 KM 3 个种群所共享,单倍型 H11 仅由 KM 和 QJ 两个种群的个体所共享。其余单倍型均为单个种群所特有。
各种群内独享单倍型的数量占本种群单倍型总量的比例分别是,LK 种群为 83%,DL KM 和 QJ 种群均为 50%。QJ 种群、DL 种群和 LK 种群内单倍型之

表 2 14 种单倍型在 4 个桔小实蝇地理种群中的分布
Table 2 The distribution of 14 haplotypes inside 4 geographic populations of *B. dorsalis*

单倍型 Haplotype	序列 Sequence	种群 Population			
	2223 33344 1266894550 47906 8146494560 55462	LK (2)	DL (0)	KM (4)	QJ (6)
H1	AGCGAACGCG ACAAC	5			
H2	..T.....T...	3			
H3	.A.A.GT...T.G.	2	1	2	
H4	..T....TA.T.G.	2			
H5	..TA...T.GT.GT		2		
H6	.AT.....G.		3		
H7	..TA...A...T.G.		2	5	1
H8	..T.....T.G.				
H9	.AT.G.....G.		2	1	3
H10	..T.....A...G.			3	
H11	..T.....G.			1	4
H12	.ATA.....T.G.			2	
H13	GATA.....TGG.				6
H14	..T....T..T.G.				2
单倍型多态性 Haplotype diversity (h)		0.773	0.867	0.835	0.825
核苷酸多态性 Nucleotide diversity (p _i)		0.00705	0.00601	0.00487	0.00495

间的 $K2P$ 遗传距离的变化范围均为 0.0020 ~ 0.0121, KM 种群的变化范围在 0.0040 ~ 0.0121 之间。

2.3 种群遗传多样性、种群间的遗传分化和基因流

六库、大理、昆明和曲靖 4 个地理种群的遗传多样性参数见表 2, 其中 4 个种群的基因多样性 (h) 依次为 0.773、0.867、0.835 和 0.825, 碱基多样性指数 (p_i) 依次为 0.00705、0.00601、0.00487 和 0.00495。六库种群的遗传多样性参数明显有别于其它 3 个种群, 而昆明与曲靖种群的参数比较接近。

4 个种群间的 $K2P$ 遗传距离计算表明, 六库种群与其余 3 个种群间的遗传距离均较大, 在 0.0081 ~ 0.0096 之间。曲靖种群与大理种群间遗传距离也较大, 为 0.0062。昆明种群与曲靖种群间的遗传距离最小为 0.0054 (表 3)。应用 AMOVA 程序计算了各种群间的 F_{st} 值也表明, 六库种群与其它 3 个种群间的遗传分化都比较大, 均达到显著性差异 ($p < 0.05$)。曲靖与大理种群间也存在一定程度的遗传分化 ($p < 0.10$), 而昆明与曲靖种群间的 F_{st} 值最小。种群间和种群内遗传差异平均数的统计结果与上述 $K2P$ 遗传距离和 F_{st} 值的统计结果基本一致 (表 4)。

种群间的基因流平均为 3.74, 其中六库种群与其余各种群间的基因流均较低为 0.51 ~ 0.75, 昆明种群与曲靖种群间基因流最大为 10.56 (表 5)。

3 讨论

研究表明, 六库桔小实蝇种群的单倍型多数为独享单倍型, 其独享单倍型的数量占该种群单倍型数量的 83%, 仅检测到 2 个单倍型同时与大理和昆明种群共享。同时, 六库种群与其它 3 个种群间的遗传距离差异 (F_{st} , $K2P$ 距离, 种群间遗传差异平均数和遗传多样性参数) 均达到高度显著, 且其 N_m 值均未超过 0.80, 表明种群间的基因交流也很低。这些结果揭示, 在云南桔小实蝇季节分布区内的六库、大理、昆明和曲靖这 4 个桔小实蝇种群中, 六库种群与其它 3 个种群在遗传结构上差异显著。

六库位于滇西北横断山脉的峡谷地带, 其东部的高黎贡山、怒江、澜沧江相间排列, 呈从北向南走向。

高黎贡山在六库一带的海拔在 4000 m 以上。这些高山深谷形成难以逾越地理屏障^[9], 在一定程度上阻隔了六库桔小实蝇种群与其东部的桔小实蝇种群之间的交流。此外, 六库桔小实蝇种群主要来源于潞江坝^[10], 与其它 3 种群被高黎贡山和哀牢山相隔, 气候条件和寄主条件也不尽相同, 遗传分化较为明显。综合分析认为, 导致六库种群与其它 3 种群的遗传差异与六库种群与其它 3 种群在地理上隔离以及种群来源地不同有关。

昆明种群与曲靖种群间的遗传分化程度最低, 种群间基因交流量最大。昆明种群与曲靖种群间的共享单倍型数量也多于它们与其它 2 个种群间的共享单倍型。由此表明, 昆明种群与曲靖种群的遗传关系较近。

云南处于向西延伸的西太平洋副高压的西侧^[9], 夏季盛行来自印度洋温暖潮湿的西南季风气流。桔小实蝇每年春末随西南气流从其常年分布区向季节性分布区扩散迁移^[1]。刘建宏应用荧光标记法对桔小实蝇种群进行追踪研究发现, 昆明桔小实蝇种群来源于其西南方向的元江一带^[1]。曲靖位于昆明的东北部, 相距

表 3 4 个桔小实蝇地理种群的 $K2P$ 遗传距离

Table 3 Average $K2P$ distances between 4 populations of *B. dorsalis*

	LK	QJ	DL	KM
LK				
QJ	0.0096			
DL	0.0082	0.0062		
KM	0.0081	0.0054	0.0058	

表 4 种群间遗传差异平均数 (对角线下) 和种群内遗传差异平均数 (对角线)

Table 4 Average number of pairwise differences between populations (below diagonal), within population (diagonal elements)

	LK	QJ	DL	KM
LK	3.54545			
QJ	4.75000 **	3.02222		
DL	4.08333 **	3.07143 *	2.45055	
KM	4.02083 **	2.67857	2.88750	2.49167

* $\hat{p} < 0.10$, ** $\hat{p} < 0.05$

表 5 桔小实蝇 4 个地理种群的 F_{st} 值 (对角线下) 和基因流 (对角线上)

Table 5 The F_{st} value (below diagonal) and genetic flow (above diagonal) among 4 geographic populations of *B. dorsalis*

	LK	QJ	DL	KM
LK		0.56	0.51	0.75
QJ	0.30631 **		4.08	10.56
DL	0.27003 **	0.11347 *		5.96
KM	0.25655 **	0.04977	0.07735	

* $\hat{p} < 0.10$, ** $\hat{p} < 0.05$

约 130 km。曲靖和昆明同位于季节分布区的云南中部高原地带,平均海拔在 2000 m 左右,该区域地势平缓,无高山大河^[9]。基于上述分子生物学研究结果及当地的自然条件综合分析认为,昆明和曲靖桔小实蝇可能来源于同一或相近的虫源地。

大理种群与曲靖种群在遗传上已有明显差异,但与昆明种群相对较近。大理处于横断山脉和哀牢山脉的交接地区,位于金沙江、红河和澜沧江水系的分水岭地带^[9],与其东部的昆明、曲靖之间存在着地理隔离。对于桔小实蝇来讲,大理与昆明明显存在一定程度的地理隔离,而从分子生物学上确存在相当程度的内在联系。分析认为,这里存在着这样的可能性。目前大理与昆明有楚大高速公路相连,形似构成桔小实蝇由昆明向大理扩散的通道。刘建宏研究发现,桔小实蝇在云南特定地形条件下具有随气流沿高速公路飞行的特点^[1]。高速公路的通道作用使得昆明桔小实蝇向大理扩散成为可能。施伟和叶辉^[11]对云南桔小实蝇的研究揭示,由于气候条件和寄主相同,尽管云南桔小实蝇常年分布区内的桔小实蝇被分隔在不同地点,其遗传结构也没有发生较大的分化。换言之,尽管大理种群和昆明种群在空间上仍处于地理隔离(相隔距离大于 400 km),但由于各自的来源地种群没有发生大的遗传分化,从而大理种群和昆明种群也表现出相近的遗传关系。

分析认为,处于季节性分布区内各桔小实蝇种群的遗传分化状况应该由其来源地种群之间遗传分化状况和现有种群之间的交流状况这两个因素所决定。六库种群与其它 3 个种群在其来源地不同,相互之间又存在地理隔离,从而表现出明显的种群分化。昆明种群与曲靖种群可能源于同一或非常相近的虫源地,且昆明种群具有向曲靖迁移扩散的外部条件,发生了种群交流,故这两种群在遗传上非常相近。大理种群与昆明种群的虫源地的自然条件接近,虫源地种群分化不明显,所以大理种群和昆明种群在遗传分化上并不显著。

上述研究结果对于桔小实蝇防治的意义在于,六库可以作为一个孤立的桔小实蝇分布区来考虑,即不考虑六库和其它地区桔小实蝇相互扩散迁移的问题。昆明和曲靖地区应视为桔小实蝇的同一分布区域,两地桔小实蝇防治应该有一个统一的总体防治方案,即在对曲靖地区桔小实蝇实施具体防治计划的时候,应考虑到昆明桔小实蝇向该地区迁移扩散的可能,从桔小实蝇源头上就以阻断。

需要指出,基于上述分子生物学研究结果,可以在一定程度上确定种群之间是否存在且有多大规模的基因交流或遗传差异,但分子生物学的证据仅反映了种群内在联系的一个方面,要最终证明上述不同种群是如何进行相互交流的,还需要开展桔小实蝇种群生态学调查。本研究提供了一个基本的分子生物学线索,可为桔小实蝇种群生态学研究方案的设计提供参考。

References :

[1] Li H X, Ye H, Lu J. On damages and distributions of fruit fly (*Bactrocera dorsalis* Hendel) in Yunnan Province, Southern China. *Journal of Yunnan University*, 2000, 22 (6) :473 — 475.

[2] Wang X J. *Bactrocera* (Diptera :Tephritidae) pest of impartment fruit and vegetable. *Plant Quarantine*, 1995, 9 (1) :20 — 30.

[3] Jiang X L, He W Z, Xiao S, *et al.* Study on the biology and survival of *Bactrocera dorsalis* in the border region of Yunnan. *Journal of Southwest Agriculture University*, 2001, 23 (6) :510 — 517.

[4] Shi W, Ye H. Genetic differentiation in five geographic populations of the oriental fruit fly ,*Bactrocera dorsalis* (Diptera :Tephritidae) in Yunnan Province. *Acta Entomologica Sinica*, 2004, 47 (3) 384 — 388.

[5] Liu J H , Ye H. Population dynamics of *Bactrocera dorsalis* (Diptera :Tephritidae) in Yuanjiang dry-hot vally, Yunnan with an analysis of the related factors. *Acta Entomologica Sinica*, 2005, 48 (5) :706 — 711.

[6] Ye H. Distribution of the oriental fruit fly (Diptera :Tephritidae) in Yunnan Province. *Entomal Sinica*, 2001, 8 (4) :175 — 182.

[7] Ye H, Liu J H. Population dynamics of *Bactrocera dorsalis* (Diptera :Tephritidae) in Xishuangbanna of southern Yunnan. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2005, 16 (11) :1330 — 1334.

[8] Chao W M. *Soil Resources in Yunnan*. Kunming :Yunnan Science and Technology Press, 1987. 78 .

[9] Cheng X Y, Zhou H Z, Zhang G X. Perspective of molecular biological techniques applied in insect systematics. *Acta Zootaxonomica Sinica* , 2000, 25 (1) :121 — 133.

[10] Shi W, Kerdelhue C, Ye H. Population genetics of the oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Diptera :Tephritidae), in Yunnan (China) based on mitochondrial DNA sequences. *Environmental Entomology*, 2005, 34 (4) :976 — 983.

[1] Hall T. Biological sequence alignmeng editor (Bioedit). Version7.0.5. 2004. <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>.

[2] Kumar S, Tamura K, Jakobsen I B, *et al.* Molecular Evolutionary genetics analysis (MEGA). Version 3.1. Arizona State University, 2001.

[3] Nei M, W H Li. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1979, 76 (): 5269 — 5273.

[4] Reynolds J, Weir B S, Cockerham C C. Estimation of the coancestry coefficient :basis for a short term genetic distance. *Genetics*, 1983, 105 (): 767 — 779.

[5] Schneider S, Roessli D, Excoffier L. A software for population data analysis (Arlequin). Version 2.0. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva. 2000.

[6] Rozas J, Rozas R, DnaSP :an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatic*, 1999, 15 () 174 — 175.

[7] Wanwisa J, Visut B, Pattamaporn K. Molecular phylogeny of tephritid fruit flies in the *Bactrocera tau* complex using the mitochondrial CO I sequences. *Genome*, 2002, 46 (): 112 — 118.

[8] Zhu Z H, Ye H, Zhang Z Y. Genetic relationships among four *Bactrocera cucurbitae* geographic populations in Yunnan Province. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2005, 16 (0) :1889 — 1892.

[9] Wang S Y, Chen W, Gao K Y,*et al.* Yunnan Dili. Kunming :Yunnan Nation Press, 2002. 45.

[10] Cheng P, Ye H, Mu Q I. Studies on migration and dispersal of the oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* in regions of Nujiang River based on fluorescence mark. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 6 (7) 1 — 7.

[11] Shi W, Ye H. Taxis of the oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel) (Diptera :Tephritidae) to its host fruit odors. *Journal of Yunnan University*, 2003, 25 () :77 — 80.

参考文献：

[1] 李红旭, 叶辉, 吕军. 桔小实蝇在云南的危害分布. *云南大学学报*, 2000, 22 (6) :473 ~ 475.

[2] 汪兴鉴. 重要果蔬类有害实蝇概论 (双翅目 实蝇科). *植物检疫*, 1995, 9 () :20 ~ 30.

[3] 蒋小龙, 和万忠, 肖枢, 等. 桔小实蝇在云南边境生物学研究及适生性分析. *西南农业大学学报* :510 ~ 517.

[4] 施伟, 叶辉. 云南桔小实蝇五个地理种群的遗传关系研究. *昆虫学报*, 2004, 47 (6) 384 ~ 388.

[5] 刘建宏, 叶辉. 云南元江干热河谷桔小实蝇种群动态及其影响因子分析. *昆虫学报*, 2005, 48 (6) 706 ~ 711.

[7] 叶辉, 刘建宏. 云南西双版纳桔小实蝇种群动态. *应用生态学报*, 2005, 16 (9) 1330 ~ 1334.

[8] 晁维明. 云南国土资源. 昆明 :云南科技出版社, 1987. 78.

[9] 成新跃, 周红章, 张广学. 分子生物学技术在昆虫系统学研究中的应用. *动物分类学报*, 25 (6) 121 ~ 133.

[8] 朱振华, 叶辉, 张智英. 云南四个瓜实蝇地理种群的遗传关系分析. *应用生态学报*, 2005, 16 (0) 1889 ~ 1892.

[9] 王声跃, 张文, 高昆谊, 等. 云南地理. 昆明 :云南民族出版社, 2002. 45.

[10] 陈鹏, 叶辉, 母其爱. 基于荧光标记的怒江流域桔小实蝇迁移扩散研究. *生态学报*, 2007, 6 (7) 1 ~ 7.

[11] 施伟, 张智英, 叶辉. 桔小实蝇对寄主水果气味的趋向反应测试. *云南大学学报 (自然科学版)*, 2003, 25 () 77 ~ 80.