

不同林分类型下油松毛虫 (*Dendrolimus tabulaeformis* Tsai et Liu) 种群遗传多样性

袁一杨¹, 高宝嘉^{1,*}, 李 明², 袁胜亮³, 周国娜¹

(1. 河北农业大学林学院, 保定 071001; 2. 河北农业大学生命科学学院, 保定 071001; 3. 河北农业大学研究生部, 保定 071001)

摘要: 采用 AFLP 技术对平泉县的 1 个油松-落叶松混交林和 2 个油松纯林中油松毛虫 (*Dendrolimus tabulaeformis* Tsai et Liu) 的 135 个个体进行了遗传多样性和遗传结构的研究, 并调查了 3 个油松林群落的各种环境条件。结果表明, 纯林中油松毛虫种群的遗传多样性高于混交林中的油松毛虫种群; 林木生长状况为影响不同油松纯林群落中油松毛虫种群遗传多样性的重要因素; 混交林对油松毛虫种群之间的基因流有阻断作用, 油松毛虫种群的基因流大小与油松林之间的物种多度呈反相关。

关键词: 油松毛虫; AFLP; 遗传多样性; 环境因子; 林分类型

文章编号: 1000-0933(2008)05-2099-08 中图分类号: Q143, Q948, Q968, S718 文献标识码: A

The genetic diversity of *Dendrolimus tabulaeformis* Tsai et Liu in forests of different stand types

YUAN Yi-Yang¹, GAO Bao-Jia^{1,*}, LI Ming², YUAN Sheng-Liang³, ZHOU Guo-Na¹

1 College of Forestry, Agricultural University of Hebei, Baoding 071001, China

2 College of Life Science, Agricultural University of Hebei, Baoding 071001, China

3 Graduate Faculty, Agricultural University of Hebei, Baoding 071001, China

Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(5): 2099 ~ 2106.

Abstract: Genetic diversity and genetic structure of *Dendrolimus tabulaeformis* populations in 1 *Pinus tabulaeformis*-*Dahurian larch* mixed forest and 2 *Pinus tabulaeformis* pure forests from Pingquan county were analyzed by using amplified fragment length polymorphism (AFLP), and the environmental conditions of 3 forest communities were also investigated. The results showed that the genetic diversity of populations in pure forests was higher than that in mixed forest. The important factor which influenced the genetic diversity of *tabulaeformis* in different pure forests was the growth status of forests. Mixed forest has obstructing effect on gene flow. The gene flow between populations was negatively related with the species abundance of the forest.

Key Words: *Dendrolimus tabulaeformis* Tsai et Liu; AFLP; genetic diversity; environmental factor; stand type

油松毛虫 (*Dendrolimus tabulaeformis* Tsai et Liu) 是危害油松林的主要害虫, 长期以来对油松林造成严重破坏, 给林业生产造成重大经济损失, 但其发生程度并不均匀, 同一地区不同的森林群落中发生情况并不一样。

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (30771739)

收稿日期: 2007-10-28; 修订日期: 2008-02-23

作者简介: 袁一杨 (1981 ~), 男, 河北张家口市人, 硕士生, 主要从事分子生态学研究. E-mail: yuyyk@163.com

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: baojiagao@163.com

Foundation item: The project was financially supported by National Natural Science Foundation of China (No. 30771739)

Received date: 2007-10-28; **Accepted date:** 2008-02-23

Biography: YUAN Yi-Yang, Master candidate, mainly engaged in molecular ecology. E-mail: yuyyk@163.com

混交林地对油松毛虫表现出明显的自然控制能力^[1],油松的郁闭度、林龄、冠幅、海拔高度、坡度、坡向等多种环境因素均对松毛虫发生程度均有一定影响^[2,3]。关于环境因素对油松毛虫自然种群间遗传多样性的影响至今未见报道。

环境因素是影响油松毛虫种群数量的重要因素^[4],然而研究环境因子对昆虫遗传多样性影响的文章仍然较少。张爱兵等运用 GIS 操作平台对我国枯叶蛾科 7 个属的地理分布进行研究,分析了分布与相对湿度、年均气温、降雨量和温暖指数之间的关系^[5]。彭光旭应用 RAPD 技术对不同生境内拟环纹豹蛛 (*Pardosa pseudoannulata*) 8 个地理种群种群的遗传多样性进行了检测,并探讨了其与生境的相关性^[6]。杨效文等用 RAPD-PCR 技术研究了我国烟草上烟蚜 *Myzus persicae* (Sulzer) 的种群分化结果表明:我国烟蚜的不同地理种群之间 DNA 呈现出多态性^[7]。为了阐明生态环境对油松毛虫中去遗传多样性的影响,提供油松毛虫种群数量生态控制的科学依据,我们应用扩增片段长度多态性分析 (AFLP) 技术^[8~16] 对平泉县不同林分类型中的油松毛虫种群的遗传多样性进行了研究。

1 材料与方法

1.1 研究地点概况

平泉县地处河北省东北部,燕山山脉末端,位于东经 118°21'03" ~ 119°15'34",北纬 40°24'0" ~ 40°40'17" 范围内,为辽宁、内蒙、河北三省交界地,四季分明,年平均气温 7.3℃,年平均无霜期 135d,降雨量为 542mm,属温带大陆性季风型气候。

1.2 供试材料

2007 年 7 月于平泉县按照不同林分结构选择 2 个油松纯林 (I, II) 和 1 个油松-落叶松混交林 (III),按照随机取样策略采集虫蛹带回实验室,待其羽化后放入 -20℃ 冰箱中备用。

1.3 样地生境调查

分别在每个油松林群落中设立 3 个标准地,每个面积 20m × 20m,按对角线法调查 20 株油松上的松毛虫数量,记录其林木种类,并根据样地情况估计整个林分的郁闭度,同时记录样地所在位置的坡度、坡向。在每个标准地中采用五点法布设 5 个 4m × 4m 和 5 个 1m × 1m 的小样方,分别调查灌木植物种类、株数和草本植物种类、株数 (表 1)。

1.4 土壤氮和有机质含量的测定

在每个标准地中,按照五点取样策略于土壤 10cm 深处采集土壤样品带回实验室。应用稀释热法和半微量开式法测量土壤有机质和氮的含量 (表 1)。

表 1 两个群落的环境指标
Table 1 Environment indexes of two communities

种群编号 Population numbers	I	II	III
Shannon 多样性指数 Shannon-weaver index of diversity	3.0896	3.0445	3.3296
Simpson 多样性指数 Simpson's diversity index	0.8431	0.8327	0.8348
坡度 Gradient	34.3333	36.0000	31.6667
树高 Tree height	7.7963	8.4579	7.9463
胸径 Diameter at breast height	10.9422	13.5231	11.6269
郁闭度 Crown density	0.5214	0.5061	0.6081
氮 Nitrogen	0.0051	0.0049	0.0107
有机质 Organic matter	22.6377	32.6989	32.2796
坡向 Exposure	阳坡 Adret	半阳(阴)坡 Half adret	阴坡 Ubac

I, II: 纯林 pure forests; III: 混交林 mixed forest

1.5 基因组 DNA 的提取

采用北京天根生化科技(北京)有限公司的基因组 DNA 提取试剂盒(离心柱型),操作步骤按试剂盒说明进行,采用琼脂糖凝胶电泳检测样品 DNA 的浓度和纯度。

1.6 AFLP 分析

1.6.1 酶切与连接

在 1.5ml 离心管中,加入 Y+/TANGOTM buffer 8 μ l,EcoRI (10U/ μ l)0.25 μ l,MseI (10U/ μ l)0.25 μ l,样品 DNA 约 250ng,用 ddH₂O 补充至 40 μ l。酶切液混匀后,37℃ 酶切 1.5h,80℃ 灭活 15min。在上述酶切之后 40 μ l 体系中,加入 20 μ l 如下的连接体系:10 $\times$ Ligation buffer 2 μ l,EcoRI adapter (5Pmol/ μ l) 1 μ l,MseI adapter (50Pmol/ μ l) 1 μ l,T4DNA Ligase (5U/ μ l) 0.15 μ l (以上试剂均为 Amresco 公司产品),ddH₂O 15.85 μ l,轻轻混匀,22℃ 连接至少 3h,65℃ 灭活 10min。

1.6.2 PCR 扩增

预扩增:采用具有 1 个选择性碱基的引物,该引物由北京赛百盛基因技术有限公司提供。所用反应液由下列成分组成:10 $\times$ PCR buffer 4 μ l,EcoRI 预扩增引物 (50ng/ μ l) 1 μ l,MseI 预扩增引物 (50ng/ μ l) 1 μ l,dNTP (10mmol/L each) 1 μ l,Tag 酶 (5U/ μ l) 0.5 μ l,酶切反应液 5 μ l,用 ddH₂O 补充至总体积 40 μ l,轻轻混匀,进行 PCR 扩增反应,扩增程序为 94℃ 30s,65℃ 30s (−0.7℃/cycle),72℃ 1min,共 11 个循环;94℃ 30s,56℃ 30s,72℃ 30s,共 22 个循环。

选择性扩增:以预扩增产物为模板,采用具有 3 个选择性碱基的引物 (由北京赛百盛基因技术有限公司提供,引物序列见表 2),所用反应液由下列成分组成:10 $\times$ PCR buffer 4 μ l,EcoRI 选择性扩增引物 (50ng/ μ l) 1 μ l,MseI 选择性扩增引物 (50ng/ μ l) 1 μ l,dNTP (10mmol/L each) 1 μ l,Tag 酶 (5U/ μ l) 0.5 μ l,用 ddH₂O 补充至总体积 40 μ l,轻轻混匀,PCR 扩增程序与预扩增程序相同。

1.7 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳

取选择性扩增的产物 10 μ l,与变性载样缓冲液以体积比 4:3 混匀后,95℃ 变性 5min,立即转移到冰浴中冷却,6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,在电泳槽内以 1 $\times$ TBE 为电泳缓冲液,PBR322 为 DNA Marker,恒功率 80W 进行电泳,银染显色。

1.8 数据处理

1.8.1 种群遗传多样性及遗传结构分析

AFLP 扩增条带以 0 或 1 统计建立二元数据矩阵,扩增带存在时赋值 1,否则赋值 0。采用 POPGEN32 软件,计算多态性位点比率 [PPB, PPB = (具有多态的位点数/检测到的位点数) $\times$ 100%]、观测等位基因数 (N_a)、有效等位基因数 (N_e)、Nei 遗传多样性指数 (H)、Shannon 信息指数 (I)、总群体的基因多样性 (H_T)、群体内基因多样性 (H_s)、群体间遗传多样性 (D_{ST})、基因分化系数 (G_{ST})、基因流 (N_m)。

1.8.2 各种环境因素数据分析

把树高、胸径、坡度、郁闭度及土壤氮、有机质含量的实验数据输入 EXCEL 2003 软件,分别统计这些指标在每个标准地和群落中的平均值。

1.8.3 主成分分析

用 DPS V7.05 软件分析 2 个油松纯林不同环境因素对油松毛虫种群遗传多样性影响的程度。

1.8.4 物种多样性分析

用 DPS V7.05 软件计算 Shannon-Wiener 指数 (H)、Simpson 指数 (D)。

表 2 选择性扩增中使用的引物

Table 2 Primers used in the selective amplification

引物序列 Primers-EcoRI sequence	G + C 含量 (%) G + C content	引物序列 Primers-MseI sequence	G + C 含量 (%) G + C content
E03 GACTGCGTACCAATTCCGG	57.9	M02 GATGAGTCCTGAGTAACAT	42.1
E04 GACTGCGTACCAATTCGGT	52.6	M04 GATGAGTCCTGAGTAACGC	52.6
E05 GACTGCGTACCAATTCCTC	52.6	M06 GATGAGTCCTGAGTAACTA	42.1
E06 GACTGCGTACCAATTCCTG	52.6		

2 结果与分析

2.1 扩增结果

用筛选所得的 5 组引物组合对 3 个种群 135 头雄成虫 DNA 进行扩增,共得到 146 条可分辨的 DNA 条带(图 1),平均每条引物扩增出 29.2 条条带,其中扩增带数最多的是 E06-M06,为 39 条,最少的是 E05-M04,为 20 条,不同的引物组合扩增出的多态性条带数和多态性比例有一定差异,最大的为 E03-M06,平均为 94.7%,最小的为 E05-M04,平均为 75%(表 3)。

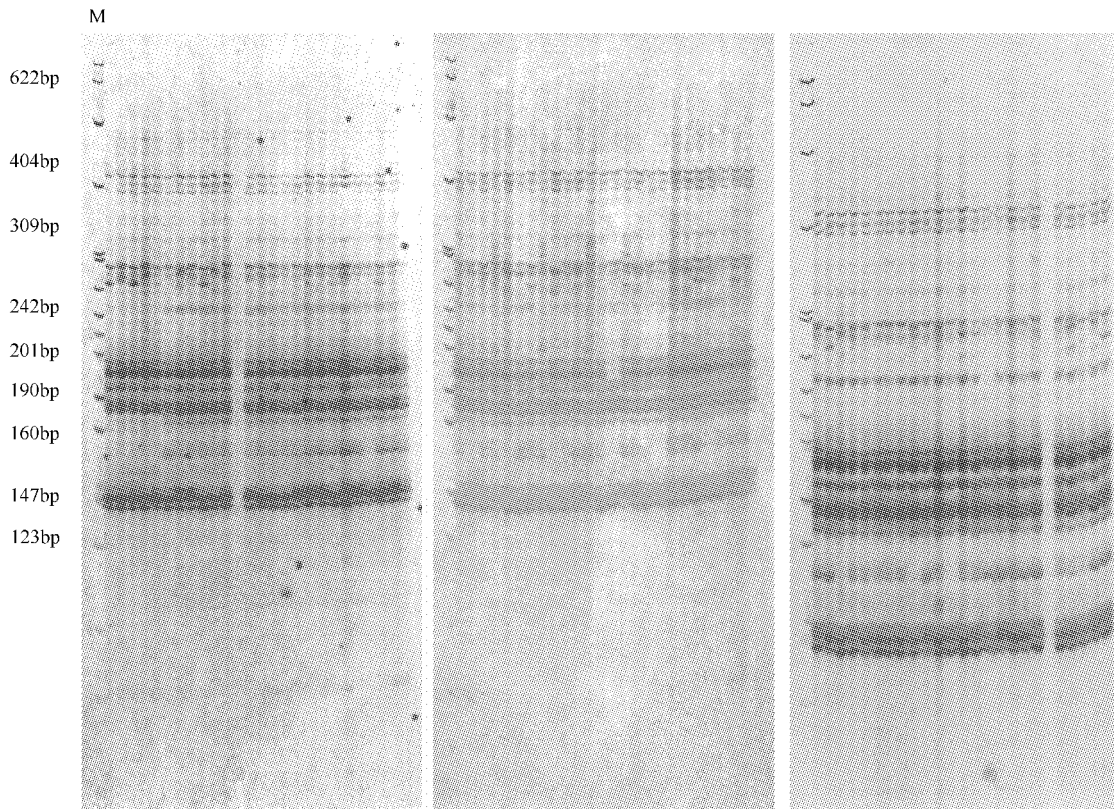


图 1 引物对 E04&M02 的 I, II, III 号种群 AFLP 指纹图谱

Fig 1 AFLP fingerprint with E04&M02 primer of population I, II, III

M:分子量标记 Molecular weight marker

表 3 AFLP 扩增引物、序列和扩增结果

Table 3 List of AFLP primer labels, primer sequences and amplification results

引物组合 Primer combination	总扩增带数 Total bands	多态性带数 Polymorphic bands	多态性位点比率 Polymorphism(%)
E03-M02	22	18	0.818
E03-M06	38	36	0.947
E04-M02	27	23	0.852
E05-M04	20	15	0.75
E06-M06	39	32	0.821

2.2 遗传多样性

由表 4 可知,在平泉县油松毛虫的物种水平上,其 PPB 为 84.93%(124 条), N_a 为 1.8493 ± 0.3590 , N_e 为 1.4371 ± 0.3718 , H 为 0.2561 ± 0.1896 , I 为 0.3877 ± 0.2588 ,揭示了油松毛虫具有丰富的遗传多样性。

从种群水平看油松毛虫种群各项指标的排列顺序为 I > II > III,生存于纯林的 I 号和 II 号种群的各项指标均高于生活于混交林的 III 号种群。

表 4 两个油松毛虫种群的遗传多样性
Table 4 The genetic diversity of two *Dendrolimus tabulaeformis* populations

种群编号 Population numbers	I	II	III	总计 Total
多态性位点 Polymorphic bands	107	99	91	124
多态性位点百分率 Polymorphism(%)	73. 29	67. 81	62. 33	84. 93
观测等位基因数 Observed number of alleles	1. 7329	1. 6781	1. 6233	1. 8493
有效等位基因数 Effective number of alleles	1. 4804	1. 3694	1. 3441	1. 4371
Nei 遗传多样性指数 Nei's gene diversity	0. 2683	0. 2127	0. 2024	0. 2561
Shannon 信息指数 Shannon's Information index	0. 3935	0. 3193	0. 3046	0. 3877

I, II: 纯林中的油松毛虫种群; III: 混交林中的油松毛虫种群 I, II: *Dendrolimus tabulaeformis* populations in pour forests; III: *Dendrolimus tabulaeformis* population in mixed forest

2.3 遗传结构和基因流

从表 5 可以看出,3 个油松毛虫种群的总基因多样性 H_T 为 0. 2561,其中存在于种群内的基因多样性 H_S 为 0. 2278,种群间的基因多样性 D_{ST} 为 0. 0283,不同种群间遗传分化系数 G_{ST} 为 0. 1107,即种群间的遗传变异占种群总的遗传多样性的 11. 07%,大部分变异存在于种群内(88. 93%)。不同油松毛虫种群之间的基因流 N_m 为 4. 0165,说明种群之间基因交流非常强烈。

表 5 不同种群的 H_T 、 H_S 、 G_{ST} 和 N_m
Table 5 H_T 、 H_S 、 G_{ST} and N_m of different populations

项目 Item	样品数 Sample number (No.)	H_T	H_S	G_{ST}	N_m
平均值 Average value	135	0. 2561	0. 2278	0. 1107	4. 0165
标准差 Standard deviation		0. 0359	0. 0308		

经过统计可以看出(表 6),混交林与两片纯林油松毛虫种群之间的基因流均小于两片纯林之间的基因流,说明生存于混交林的油松毛虫与生存于纯林的油松毛虫之间的基因交流较少,并且物种多度较大的 I 号油松纯林与混交林之间的油松毛虫基因交流小于 II 号油松纯林与混交林之间油松毛虫的基因交流。

表 6 不同种群组合的 H_T 、 H_S 、 G_{ST} 和 N_m
Table 6 H_T 、 H_S 、 G_{ST} and N_m of different population combinations

种群组合 Population combinations	样品数 Sample number (No.)	H_T	H_S	G_{ST}	N_m
I & III	90	0. 2619	0. 2353	0. 1016	4. 4227
II & III	90	0. 2256	0. 2075	0. 0800	5. 7480
I & II	90	0. 2596	0. 2405	0. 0737	6. 2809

I, II: 纯林中的油松毛虫种群; III: 混交林中的油松毛虫种群 I, II: *Dendrolimus tabulaeformis* populations in pour forests; III: *Dendrolimus tabulaeformis* population in mixed forest

2.4 两个油松纯林影响油松毛虫遗传多样性的主成分分析

以主成分特征值累计百分率 >85% 为标准,筛选出 3 个影响油松毛虫种群遗传多样性的主成分因子(表 7)。从结果中可以看出,对油松毛虫遗传多样性影响最大的因子 1 中,树高得分最高(0. 4736),而胸径得分也在 0. 35 以上,说明油松生长状况是影响油松毛虫遗传多样性的主要因素。从因子 1 整体上看,立地条件的得分均显著高于两个物种多样性指数的得分,说明立地条件也对不同油松纯林中油松毛虫遗传多样性产生了较大影响,而林内植被影响较小。

4 讨论

本文为了探讨松毛虫种群遗传多样性与林分类型之间的关系^[17~19],应用 AFLP 技术对油松混交林和纯

林群落中油松毛虫的遗传多样性进行了研究与分析,调查了 3 个群落的各种环境条件,并探讨了油松毛虫种群遗传分化的原因。

表 7 两个油松纯林环境指标的主成分分析结果

Table 7 Principle component analysis of two *Dendrolimus tabulaeformis* population

规格化特征向量 Normalizing characteristic vector	因子 1 Factor 1	因子 2 Factor 2	因子 3 Factor 3
Shannon 多样性指数 Shannon-weaver index of diversity	0.0713	0.4008	-0.5654
Simpson 多样性指数 Simpson's diversity index	0.1702	0.4177	-0.132
坡度 Gradient	0.3840	0.2226	0.3109
坡向 Exposure	-0.3223	0.3353	0.3593
郁闭度 Crown density	0.1225	0.4073	-0.0627
有机质 Organic matter	0.3471	-0.1311	0.4777
氮 Nitrogen	-0.3556	-0.3553	-0.0035
树高 Tree height	0.4736	0.0017	0.1852
胸径 Diameter at breast height	0.3530	-0.2849	-0.2041
发生程度 Incidence extent	0.3223	-0.3353	-0.3593

因子 1, 因子 2 和因子 3: 影响油松毛虫种群遗传多样性的环境条件的 3 个主成分 Factor 1, Factor 2, Factor 3: 3 principle components which effect the genetic diversity of *Dendrolimus tabulaeformis* populations

(1) 油松毛虫具有丰富的遗传多样性,但种群间的分化程度较低,大部分变异存在于种群内,种群间仅占一小部分。根据分析,平泉地区分布着大面积的油松纯林,纯林中食料丰富,其它植被稀少,生物群落简单,天敌少,林中温湿度适合油松毛虫生存,因此油松毛虫在平泉连年严重发生,种群逐渐适应当地环境条件并产生了较高的遗传多样性。种群间分化程度不明显可能由于供研究的群落分布在有限的地理范围内(水平距离平均仅为 1km),地理生态环境差异不大,受生境选择压力小,而油松毛虫又具有一定飞翔能力,因此种群之间基因流较大,降低了种群间的遗传分化。

(2) 林分类型是影响油松毛虫种群遗传多样性的重要因素,由于林分类型的不同,使混交林和纯林中的物种多样性等生态环境均产生了一定的差异,因此产生了生境对油松毛虫不同程度的选择压力,并使油松毛虫种群发生了遗传分化。在混交林中,物种多样性等各种环境条件不适合松毛虫的生存,限制了油松毛虫的种群数量,降低了其种群遗传多样性。

(3) 油松的树高和胸径经主成分分析表明为主要影响因子,因此林木生长状况是影响不同油松纯林群落中油松毛虫种群遗传多样性的重要因素。由于 2 个群落均受油松毛虫危害比较严重,因此郁闭度差异不大,但是仍然可以看出在林分类型相同的情况下,郁闭度相对较大的群落中油松毛虫遗传多样性也比较高。

(4) 林地立地条件对油松毛虫种群遗传多样性也有一定影响,但是对油松毛虫遗传多样性产生的影响是这些因素综合作用的结果,无法判断其中的主要影响因素。据作者在试验中的观察,认为坡向和含氮量可能是其中的重要因素。油松毛虫种群密度也对其遗传多样性有一定影响,但在本实验中也无法确定它的影响程度。

(5) 混交林对油松毛虫种群之间的基因流有较大影响,混交林和纯林中的物种多样性等生态环境具有一定差异,因此也产生了对油松毛虫不同的选择压力,在选择压力较大的环境中松毛虫的基因交流频率也随之降低。在混交林中,物种多样性较高,生物群落复杂,天敌较多,林木生长状况好,林中温湿度等各种微环境不适合油松毛虫的生存,因此降低了外界油松毛虫的迁入率。实验结果表明,混交林与纯林之间的基因流也比较小,因此可以认为混交林对油松毛虫种群之间的基因流具有阻断作用。

(6) 油松林群落中的物种多度也对基因流有一定影响,在本研究中同为纯林的 I 号和 II 号油松林与混交林之间的油松毛虫基因流也有一定差距,即物种多度较大的 I 号油松纯林与混交林之间的油松毛虫基因交流小于 II 号油松纯林与混交林之间油松毛虫的基因交流。因此可以认为油松毛虫种群的基因流大小与油松林之间的物种多度呈反相关。

在本研究中,3 个种群的平均水平距离仅有约 1km,因此地理距离对油松毛虫遗传多样性的影响较小。本文所采用的引物扩增出的条带较少(平均每对引物扩增出约 30 个位点),但是前人的研究表明 AFLP 方法因物种的不同,其扩增产物也有较大区别,如 Gaudeul 等使用 3 个 AFLP 引物对法国 *Eryngium alpinum* 种群的研究中,共扩增出 110 个位点^[20];Mackill 等对水稻(*Oryza sativa*)的研究中,18 个引物对扩增出 529 个位点^[21]。为此今后将在增加 AFLP 检测引物对的基础上进行更加深入的不同环境条件中种群分化的研究。

Reference:

- [1] Xu Z C, Li Z Y, Li Y C, et al. Studies of natural control ability to *Dendrolimus spectabilis* and *D. tabulaeformis* by different *Pinus tabulaeformis* forests. Report of Diseases and Pests in Forests, 1996, 4: 1—5.
- [2] Zhao Y Q, Zhou G N, Li M, et al. Analysis of affecting factors on the incidence extent of *Dendrolimus* spp. Hebei Journal of Forestry and Orchard Research, 2005, 20(3): 273—279.
- [3] Chen H S, Li Z Y, Cong X Y, et al. Forest Factors and Risk Analysis of Harm Extent of *Dendrolimus tabulaeformis* & *D. spectabili*. Journal of Beijing Forestry University, 1999, 21(1): 50—55.
- [4] Levins R. Evolution in changing environments. Princeton: Princeton University Press, 1968. 120.
- [5] Zhang A B, Zhang Z, Wang H B, et al. Geographical distribution of *Lasiocampidae* in China and its relationship with environmental factors. Journal of Beijing Forestry University, 2004, 26(4): 54—60.
- [6] Peng G X. Genetic diversity of different geographical populations of spider *Pardosa pseudoannulata* by RAPD analysis. Hunan Normal University Master Dissertation, 2005.
- [7] Yang X W, Zhang X Y, Chen X F, et al. RAPD-PCR analysis of population differentiation of green peach aphid in China. Acta Entomologica Sinica, 1999, 42(4): 372—380.
- [8] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Res., 1995, 23(21): 4407—4414.
- [9] Mueller U, Muller Y A, Herbst-Imer R, et al. Disorder and twin refinement of RNA heptamer double helices. Acta Crystallogr. D Biol. Crystallogr., 1999, 55(8): 1405—1413.
- [10] Maughan P J S, Maroof M A, Buss G R, et al. Amplified fragment length polymorphism (AFLP) in soybean: species diversity, inheritance, and near-isogenic line analysis. Theor. Appl. Genet., 1996, 93: 392—401.
- [11] Reineke A, Karlovsky P, Zebitz C P W. Amplified fragment length polymorphism analysis of different geographic populations of gypsy moth, *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Noctuidae). Bull. Entomol. Res., 1999, 89(5): 79—88.
- [12] Bohn M, Utz F, Melchinger A E. Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on the basis on RFLPs, AFLPs, and SSRs and their use for predicting progeny variance. Crop Sci., 1999, 39: 228—237.
- [13] Semagn K, Bjornstad A, Stedje B, et al. Comparison of multivariate methods for the analysis of genetic resources and adaptation in *Phytolacca dodecandra* using RAPD. Theor. Appl. Genet., 2000, 101: 1145—1154.
- [14] Niu C W, Zhang Q W, Ye Z H, et al. Analysis of genetic diversity in different geographic populations of the beet armyworm *Spodoptera exigua* (Lepidoptera: Noctuidae) with AFLP technique. Acta Entomologica Sinica, 2006, 49(5): 867—873.
- [15] Wang Z F, Zhang J L, Wang B S, et al. AFLP analysis of *Cryptocarya chinensis* population in different communities. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni, 2000, 39(4): 125—127.
- [16] Zhang Y. Studies on the inheritance and construction of AFLP analysis system in *Spodoptera exigua*. Jilin Agricultural University Master dissertation, 2005.
- [17] Xu F H, Kang M, Huang H W, et al. Genetic diversity in fragmented populations of *Berchemiella wilsonii* var. *pubipetiolata*, an endangered plant endemic to Eastern China. Journal of Plant Ecology, 2006, 30(1): 157—164.
- [18] Ma D W, Wang S H, Luo T, et al. Effects of environmental factors on the genetic diversity of *Pogonatherum paniceum*. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni, 2006, 45(2): 73—77.
- [19] Wang W L, Bi R C, Yan G Q, et al. Genetic diversity and environmental adaptability of *Petrosimonia sibirica* in oasis-desert transitional area of Fukang, Xinjiang. Acta Bot. Boreal.-Occident. Sin., 2006, 26(6): 1133—1141.

- [20] Gaudet M, Taberlet P, Till-Bottraud. Genetic diversity in an endangered alpine plant, *Eryngium alpinum* L. (Apiaceae), inferred from amplified fragment length polymorphism markers. *Mol Ecol*, 2000, 9: 1625–1637.
- [21] Mackill D J, Zhang Z, Redona E D *et al.* Level of polymorphism and genetic mapping of AFLP marker in rice. *Genome*, 1996, 39: 969–977.

参考文献:

- [1] 许志春, 李镇宇, 李友常, 等. 不同油松林对赤(油)松毛虫自然控制能力的研究. *森林病虫通讯*, 1996, 4: 1~5.
- [2] 赵勇强, 周国娜, 李明, 等. 松毛虫发生程度影响因素分析. *河北林果研究*, 2005, 20(3): 273~279.
- [3] 陈华盛, 李镇宇, 丛秀玉, 等. 林分因子与油(赤)松毛虫危害程度的风险评估. *北京林业大学学报*, 1999, 21(1): 50~55.
- [5] 张爱兵, 张真, 王鸿斌, 等. 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*, 2004, 26(4): 54~60.
- [6] 彭光旭. 拟环纹豹蛛(*Pardosa pseudoannulata*)不同地理种群的遗传多样性的 RAPD 分析. 湖南师范大学硕士学位论文, 2005.
- [7] 杨效文, 张孝羲, 陈晓峰, 等. 我国烟蚜种群分化的 RAPD 分析. *昆虫学报*, 1999, 42(4): 372~380.
- [14] 牛成伟, 张青文, 叶志华, 等. 不同地区甜菜夜蛾种群的遗传多样性分析. *昆虫学报*, 2006, 49(5): 867~873.
- [15] 王峰峰, 张军丽, 王伯荪, 等. 厚壳桂种群在不同群落中的 AFLP 分析. *中山大学学报(自然科学版)*, 2000, 39(4): 125~127.
- [16] 张艳. 甜菜夜蛾 *Spodoptera exigua* 抗性遗传研究及 AFLP 体系的建立. 吉林农业大学硕士学位论文, 2005.
- [17] 许凤华, 康明, 黄宏文, 等. 濒危植物毛柄小勾儿茶片断居群的遗传多样性. *植物生态学报*, 2006, 30(1): 157~164.
- [18] 马丹伟, 王胜华, 罗通, 等. 环境因子对岩生植物金发草遗传多样性的影响. *中山大学学报(自然科学版)*, 2006, 45(2): 73~77.
- [19] 王祎玲, 毕润成, 闰桂琴, 等. 新疆阜康绿洲荒漠过渡带叉毛蓬种群遗传多样性及环境适应性研究. *西北植物学报*, 2006, 26(6): 1133~1141.