

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica



第33卷 第14期 Vol.33 No.14 **2013**

中国生态学学会
中国科学院生态环境研究中心
科学出版社

主办
出版



中国科学院科学出版基金资助出版

生态学报

(SHENGTAI XUEBAO)

第 33 卷 第 14 期 2013 年 7 月 (半月刊)

目 次

前沿理论与学科综述

石鸡属鸟类研究现状..... 宋 森,刘迺发 (4215)

个体与基础生态

不同降水及氮添加对浙江古田山 4 种树木幼苗光合生理生态特征与生物量的影响.....
..... 闫 慧,吴 茜,丁 佳,等 (4226)

低温胁迫时间对 4 种幼苗生理生化及光合特性的影响..... 邵怡若,许建新,薛 立,等 (4237)

不同施氮处理玉米根茬在土壤中矿化分解特性..... 蔡 苗,董燕婕,李佰军,等 (4248)

不同生育期花生渗透调节物质含量和抗氧化酶活性对土壤水分的响应.....
..... 张智猛,宋文武,丁 红,等 (4257)

天山中部天山云杉林土壤种子库年际变化..... 李华东,潘存德,王 兵,等 (4266)

不同作物两苗同穴互作育苗的生理生态效应..... 李伶俐,郭红霞,黄耿华,等 (4278)

镁、锰、活性炭和石灰及其交互作用对小麦镉吸收的影响..... 周相玉,冯文强,秦鱼生,等 (4289)

CO₂ 浓度升高对毛竹器官矿质离子吸收、运输和分配的影响 庄明浩,陈双林,李迎春,等 (4297)

pH 值和 Fe、Cd 处理对水稻根际及根表 Fe、Cd 吸附行为的影响 刘丹青,陈 雪,杨亚洲,等 (4306)

弱光胁迫对不同耐荫型玉米果穗发育及内源激素含量的影响..... 周卫霞,李潮海,刘天学,等 (4315)

玉米花生间作对玉米光合特性及产量形成的影响..... 焦念元,宁堂原,杨萌珂,等 (4324)

不同林龄胡杨克隆繁殖根系分布特征及其构型..... 黄晶晶,井家林,曹德昌,等 (4331)

植被年际变化对蒸散发影响的模拟研究..... 陈 浩,曾晓东 (4343)

蝇蛹金小蜂的交配行为及雄蜂交配次数对雌蜂繁殖的影响..... 孙 芳,陈中正,段毕升,等 (4354)

西藏飞蝗虫粪粗提物的成分分析及其活性测定..... 王海建,李彝利,李 庆,等 (4361)

不同水稻品种对稻纵卷叶螟生长发育、存活、生殖及飞行能力的影响..... 李 霞,徐秀秀,韩兰芝,等 (4370)

种群、群落和生态系统

基于 *mtCOII* 基因对山东省越冬代亚洲玉米螟不同种群的遗传结构分析
..... 李丽莉,于 毅,国 栋,等 (4377)

太湖湿地昆虫群落结构及多样性..... 韩争伟,马 玲,曹传旺,等 (4387)

西江下游浮游植物群落周年变化模式..... 王 超,赖子尼,李新辉,等 (4398)

环境和扩散对草地群落构建的影响..... 王 丹,王孝安,郭 华,等 (4409)

黄土高原不同侵蚀类型区生物结皮中蓝藻的多样性..... 杨丽娜,赵允格,明 姣,等 (4416)

景观、区域和全球生态

基于景观安全格局的建设用地管制分区..... 王思易,欧名豪 (4425)

黑河中游湿地景观破碎化过程及其驱动力分析..... 赵锐锋,姜朋辉,赵海莉,等 (4436)

2000—2010 年青海湖流域草地退化状况时空分析 骆成凤,许长军,游浩妍,等 (4450)

基于“源”“汇”景观指数的定西关川河流域土壤水蚀研究 李海防,卫 伟,陈 瑾,等 (4460)

农业景观格局与麦蚜密度对其初寄生蜂与重寄生蜂种群及寄生率的影响 ... 关晓庆,刘军和,赵紫华 (4468)

CO₂ 浓度和降水协同作用对短花针茅生长的影响..... 石耀辉,周广胜,蒋延玲,等 (4478)

资源与产业生态

城市土地利用的生态服务功效评价方法——以常州市为例..... 阳文锐,李 锋,王如松,等 (4486)

城市居民食物磷素消费变化及其环境负荷——以厦门市为例..... 王慧娜,赵小锋,唐立娜,等 (4495)

研究简报

间套作种植提升农田生态系统服务功能..... 苏本营,陈圣宾,李永庚,等 (4505)

矿区生态产业评价指标体系 王广成,王欢欢,谭玲玲 (4515)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 308 * zh * P * ¥90.00 * 1510 * 32 * 2013-07



封面图说: 古田山常绿阔叶林景观——亚热带常绿阔叶林是我国独特的植被类型,生物多样性仅次于热带雨林。古田山地处中亚热带东部,浙、赣、皖三省交界处,由于其特殊复杂的地理环境位置,分布着典型的中亚热带常绿阔叶林,是生物繁衍栖息的理想场所,生物多样性十分突出。中国科学院在这里建立了古田山森林生物多样性与气候变化研究站,主要定位于研究和探索中国亚热带森林植物群落物种共存机制,阐释生物多样性对森林生态系统功能的影响,以及监测气候变化对于亚热带森林及其碳库和碳通量的影响。

彩图及图说提供: 陈建伟教授 北京林业大学 E-mail: cites.chenjw@163.com

DOI: 10.5846/stxb201204120521

李丽莉, 于毅, 国栋, 陶云荔, 褚栋. 基于 *mtCOII* 基因对山东省越冬代亚洲玉米螟不同种群的遗传结构分析. 生态学报, 2013, 33(14): 4377-4386.
Li L L, Yu Y, Guo D, Tao Y L, Chu D. Genetic structure of the overwintering Asian corn borer, *Ostrinia furnacalis* (Guenée) collections in Shandong of China based on *mtCOII* gene sequences. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(14): 4377-4386.

基于 *mtCOII* 基因对山东省越冬代亚洲玉米螟 不同种群的遗传结构分析

李丽莉¹, 于毅¹, 国栋², 陶云荔², 褚栋^{2,*}

(1. 山东省农业科学院植保所, 山东省植物病毒学重点实验室, 济南 250100;
2. 青岛农业大学农学与植物保护学院, 山东省植物病虫害综合防控重点实验室, 青岛 266109)

摘要: 亚洲玉米螟 *Ostrinia furnacalis* (Guenée) 是我国重要农业害虫。为了全面揭示亚洲玉米螟遗传分化以及山东省亚洲玉米螟不同种群的遗传结构, 对山东省越冬代亚洲玉米螟不同种群 *mtCOII* 基因序列与来自 GenBank 的相关序列进行了遗传结构分析, 并建立了鉴别不同遗传支系的 PCR-RFLP 方法。基于对 340 条 *mtCOII* 序列的分析结果表明: 所有样本共获得 62 个单倍型, 其中单倍型 17(H17) 广泛分布于各种群之间, 有 6 个单倍型为山东种群所特有; 亚洲玉米螟分化为 2 个遗传支系(支系 I 与支系 II); 2 个遗传支系均在山东省发现, 但以支系 I 为主; 亚洲玉米螟各单倍型散布于山东省各地地理种群中, 缺乏明显的地理分布格局。山东亚洲玉米螟总体的单倍型多样性指数 H_d 为 0.695, 种群内单倍型多样性指数在 0.333—0.889 之间; 总体的核酸多样性指数 π 为 0.00424, 种群内核酸多样性指数在 0.00061—0.00809 之间。总群体的固定系数 F_{st} 为 0.79421。AMOVA 分析结果表明山东亚洲玉米螟的遗传分化主要来自于 2 个支系之间(79.42%)。构建的亚洲玉米螟 2 个支系鉴别方法为其生物学与生态学的进一步研究奠定了基础。

关键词: 亚洲玉米螟; 遗传分化; *mtCOII*; PCR-RFLP; 山东省

Genetic structure of the overwintering Asian corn borer, *Ostrinia furnacalis* (Guenée) collections in Shandong of China based on *mtCOII* gene sequences

LI Lili¹, YU Yi¹, GUO Dong², TAO Yunli², CHU Dong^{2,*}

1 Key Laboratory for Plant Virology of Shandong, Institute of Plant Protection, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China

2 Key Laboratory of Integrated Crop Pest Management of Shandong Province, College of Agronomy and Plant Protection, Qingdao 266109, China

Abstract: *Ostrinia furnacalis* (Guenée), the Asian corn borer, is one of the most important agricultural pests in China. It can damage crops during different crop growth stages, and can affect the yield and quality of maize. In addition, the pest has a wide geographic distribution and host range. With global warming and the expansion of corn acreage in recent years, the occurrence of the pest and associated damages have been increasing. Studying the genetic structure of the Asian corn borer is necessary for understanding the pest's evolution and migration in Shandong, a critical corn production region in China. In order to reveal the genetic diversity and structure of *O. furnacalis* in Shandong, China, and throughout the world, we analyzed 340 *mtCOII* sequences of *O. furnacalis* obtained both from the present study and GenBank (updated to October 1st, 2011). Of the *mtCOII* sequences analyzed, 214 sequences were obtained from GenBank while 126 sequences were obtained during the present study. The *mtCOII* sequences were aligned using MEGA5.05 and were then checked for indels and numts. Using DnaSP 5.0, a set of genetic parameters for *mtCOII* were estimated including: the number of

基金项目: 现代农业产业技术体系专项资金 CARS-02; “泰山学者”建设工程专项

收稿日期: 2012-04-12; 修订日期: 2012-11-15

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: chinachudong@sina.com

polymorphic (segregating) sites (S); the total number of mutations (η); the average number of nucleotide differences (K); the number of haplotypes (H); the haplotype diversity (Hd); the nucleotide diversity (π), defined as the average number of pairwise nucleotide differences per site; and the nucleotide diversity with Jukes and Cantor correction [$\pi(JC)$] for different host collections from Shandong Province. The results revealed that there were a total of 62 haplotypes, among which the haplotype H17 was the most widely distributed. Using the 62 haplotypes, a phylogenetic tree was constructed with the maximum likelihood (ML) method; two clades (Clade I and Clade II) were revealed. The populations from Shandong Province consisted of two clades, although Clade I was the dominant clade. The haplotypes from Shandong were distributed randomly among 17 populations with no obvious geographical pattern. The haplotype diversity (Hd) of the populations from Shandong ranged from 0.333 to 0.889, and the Hd of the entire populations in Shandong was 0.695. The nucleotide diversity (π) of the populations from Shandong ranged from 0.00061 to 0.00809 and the π of total populations was 0.00424. Analysis of molecular variance (AMOVA) showed that 79.42% of the total genetic variance was contributed by the inter-clade variation and only 20.58% contributed by the intra-clade variation. Finally, to rapidly differentiate the two clades, a PCR-RFLP (polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism) method was developed. The PCR-RFLP method of differentiating the two clades within *O. furnacalis* will be helpful for future research on the biological and ecological differences between the two clades. Our work revealed that the incidence of Clade II was less than Clade I. This might suggest that they are different in biology, ecology and physiology. Such differences could affect the clade's geographic distributions and population diffusions. These studies' results serve as a guide for the sustainable control of the pest, however these issues need to be further studied.

Key Words: *Ostrinia furnacalis*; genetic differentiation; *mtCOII*; PCR-RFLP; Shandong Province

亚洲玉米螟 *Ostrinia furnacalis* (Guenée) 是我国玉米上的重要害虫, 它可在玉米的不同生育期危害, 严重影响玉米的产量和质量^[1]。该害虫具有较广的地理分布^[2]和寄主范围^[3]。近年来, 随着全球气候变暖以及玉米种植面积的扩大, 其发生危害有不断加重的趋势^[4]。

亚洲玉米螟不同种群遗传结构分析对于该害虫的演化、迁飞以及综合治理等具有重要的意义^[2]。目前, 分子标记广泛应用于物种的遗传分化研究中^[5]。线粒体 *COII* 基因 (*mtCOII*) 在昆虫种群遗传学研究中常作为分析地理种群系统发育关系的分子工具^[6]。前人利用 *mtCOII* 基因分别对日本与中国的亚洲玉米螟不同种群进行遗传分化分析的结果表明, 日本与中国的亚洲玉米螟种群分别具有 2 个遗传支系^[2,7]。其中, 李菁等^[2]对 1 个山东省种群进行了遗传分化分析, 结果表明属于其中 1 个支系。山东省是我国玉米的重要产区之一, 又是黄淮海地区的主要粮食生产地, 所处的地理位置特殊, 种植结构复杂多样, 全省各地亚洲玉米螟的发生危害程度也有很大的不同^[8]。因此, 有必要进一步扩大采集范围, 全面揭示山东省越冬代亚洲玉米螟种群的遗传分化。此外, 中国、日本的亚洲玉米螟种群分化支系^[2,7]之间的关系尚未清楚, 山东省亚洲玉米螟种群与上述结果中不同分化种群^[2,7]之间的关系尚需进一步解析。不同的分化种群往往对环境具有不同的适应能力^[9-10], 因此, 明确山东省不同地理种群的亚洲玉米螟遗传分化地位对于该害虫的综合防控具有重要的理论与实践价值, 并将促进我国亚洲玉米螟分子系统学的深入研究。

为了全面揭示亚洲玉米螟尤其是山东省亚洲玉米螟不同种群的遗传结构, 本研究对山东省 9 个地区 17 个亚洲玉米螟种群的 *mtCOII* 序列进行了测序分析, 获得 126 条 *mtCOII* 基因序列; 结合 GenBank 上所有国内外亚洲玉米螟已有 *mtCOII* 序列, 进一步解析了国内外亚洲玉米螟不同地理种群的系统进化关系; 分析了山东省不同地理种群的遗传多样性; 构建了利用 *mtCOII* 基因 PCR-RFLP 标记来快速鉴别亚洲玉米螟遗传支系的方法。

1 材料与方法

1.1 供试昆虫

亚洲玉米螟种群样品于 2004 年 10—11 月采集自山东省 9 个地区的 17 个地点, 采集带虫的玉米秸秆、穗

轴放置室外自然条件下越冬,待第 2 年化蛹后取单头蛹置于离心管中,-20 ℃ 保存至 DNA 提取。详细情况见表 1。

表 1 山东省亚洲玉米螟不同种群样品的采集情况
Table 1 Sampling of *O. furnacalis* in Shandong, China

采样点 Collection sites	代码 Code	地理坐标 Geo-coordinates	采样时间 Collection time (年-月)	样本量 Sample size
济宁曲阜	JN1	35.5°N,116.9°E	2004-11	1
济宁曲阜	JN2	35.5°N,116.9°E	2004-11	10
济宁曲阜	JN3	35.5°N,116.9°E	2004-11	15
济宁曲阜	JN4	35.5°N,116.9°E	2004-11	10
济宁曲阜	JN5	35.5°N,116.9°E	2004-11	9
临沂费县	FX	35.2°N,117.9°E	2004-11	13
滨州	BZ	37.3°N,117.8°E	2004-10	11
青岛即墨	JM1	36.4°N,120.3°E	2004-10	14
青岛即墨	JM2	36.4°N,120.3°E	2004-10	4
济南商河	SH	37.3°N,117.1°E	2004-11	4
烟台莱州	LZ1	37.1°N,119.9°E	2004-10	1
烟台莱州	LZ2	37.1°N,119.9°E	2004-10	7
烟台莱州	LZ3	37.1°N,119.9°E	2004-10	2
聊城东昌府	LC	36.3°N,115.9°E	2004-11	1
临沂沂水	YS1	35.7°N,118.6°E	2004-11	5
临沂沂水	YS2	35.7°N,118.6°E	2004-11	13
菏泽牡丹区	HZ	35.1°N,115.4°E	2004-11	6

1.2 单头玉米螟 DNA 提取、PCR 反应条件及电泳检测

单头玉米螟 DNA 提取采用 DNA 提取试剂盒(天根生化科技),具体步骤按说明书进行。*mtCOII* PCR 反应体系及反应程序参照李菁等^[2]。取 5 μL PCR 产物经 1.0% 琼脂糖凝胶(含 EB)电泳后,紫外灯下成像检测。选取有条带的个体进行 5'端单向测序。

1.3 数据处理与统计分析

利用 MEGA5.05^[11]软件将测序得到的序列进行多序列同源比对。采用软件 DnaSP 5.0^[12]分析了单倍体型的数量,计算了山东省亚洲玉米螟不同采集种群(个体数量不少于 3 个)的多样性指数;多态位点的个数(*S*);突变位点(*η*);单倍体型数量(*H*);核苷酸多态性(*π*);平均核苷酸差异(*K*);Jukes 和 Cantor 校正 *π* 值(*π* (JC))。利用 MEGA5.05^[11]软件,采用邻接法(NJ)以家蚕和桃小食心虫的 *mtCOII* 基因(GenBank 登录号分别为 AB083339、HM156482)为外群,分别以最大似然法(ML)与邻位法(NJ)构建所有亚洲玉米螟 *mtCOII* 基因单倍体型的系统树。利用 Arlequin3.11^[13]软件进行分子变异(AMOVA)分析。

1.4 亚洲玉米螟 2 个支系 *mtCOII* 酶切位点分析以及 PCR-RFLP 鉴别方法构建

利用酶切位点在线查询(http://watcut.uwaterloo.ca/watcut/watcut/template.php?act=restriction_new)对 2 个支系所有单倍体型进行了酶切位点分析。取 5 μL 的 PCR 产物加入 1 μL 内切酶 *PspFI*(酶切位点为 CCCAGC)以及 2 μL 的 10×Buffer,用双蒸水补足至 20 μL。37 ℃ 消化 5 min,80 ℃ 反应 5 min 终止反应,取 5 μL 酶切产物经 1.5% 琼脂糖凝胶(含 EB),100 V 电压电泳 20 min 后紫外灯下成像拍照。

2 结果与分析

2.1 亚洲玉米螟 *mtCOII* 基因单倍体型分析

对 GenBank 检索以及本研究测序获得的 *mtCOII* 进行比对处理后,片段长度为 656 bp。通过 GenBank 检索获得亚洲玉米螟的 *mtCOII* 基因 214 条(截止 2011 年 10 月 1 日数据)。对上述 214 条序列通过 DnaSP

5.0^[12] 分析得到 56 条单倍体型(编号为 Hap1—Hap56)(表 2)。本实验中获得 126 条 *mtCOII* 基因的部分序列,共有 20 个单倍体型,其中 14 个单倍体型能够在 GenBank 中发现相应序列;有 6 种单倍体型为山东种群所特有(表 3)。

表 2 GenBank 中亚洲玉米螟 *mtCOII* 单倍体型分布情况Table 2 Distribution of *O. furnacalis mtCOII* haplotypes in GenBank

单倍体型 Haplotypes	GenBank 登录号 GenBank accession no.	样源 Collection location
支系 I (Clade I)		
Hap1	AB127252	日本 Japan
Hap2	HM368408	中国 China
Hap3	HM368426	中国
Hap4	AB127337	日本
Hap5	HM368427	中国
	AB127301, AB127204, AB127314	日本
Hap6	AB127281, AB127233, AB127229	日本
	HM368429	中国
Hap7	HM368410	中国
	AB127256	日本
Hap8	AB127215	日本
Hap9	HM368434	中国
Hap10	AB127228	日本
Hap11	HM368419	中国
Hap12	HM368436	中国
Hap13	AB127242	日本
Hap14	AB127241	日本
Hap15	AB127196	日本
	FJ435440	中国
Hap16	HM368412	中国
Hap17	HM368404, EF626673, EF626670-71, AB127322-27	中国
	AB127302-10, AB127290-300, AB127282-85, AB127279, AB127275-76, AB127265-72, AB127261-62, AB127259, AB127255, AB127249, AB127246-47, AB127243-45, AB127234-38, AB127231-32, AB127222-27, AB127216-20, AB127211-13, AB127209, AB127205-07, AB127200-202, AB127197-98, AB121269-72, AB121267-61, AB121257-51, AB127339, AB127336-35, AB127329-33, AB127315-20, AB127311-13, AB029538	日本
Hap18	AB127321	中国
Hap19	AB127334	日本
Hap20	AB127199	日本
	HM368415	中国
Hap21	HM368413	中国
	AB127210, AB127328	日本
Hap22	HM368432	中国
Hap23	HM368405	中国
Hap24	AB127287	日本
Hap25	HM368406	中国
Hap26	HM368428	中国
Hap27	HM368414	中国
Hap28	HM368421	中国
Hap29	AB121268	日本

续表

单倍体型 Haplotypes	GenBank 登录号 GenBank accession no.	样源 Collection location
Hap30	EF626672	中国
Hap31	HM368411	中国
Hap32	AB121276	日本
Hap33	AB121260	菲律宾 Philippines
Hap34	AB121259, AB121258	菲律宾
Hap35	HM368409	中国
	AB127289, AB127288, AB127274, AB127253, AJ560788, AJ560787	日本 越南 Viet Nam
Hap36	HM368418	中国
Hap37	AB127273	日本
Hap38	HM368422	中国
Hap39	HM368430	中国
Hap40	HM368417	中国
	AB127248	日本
	AJ560786	越南
Hap41	AB127214	日本
Hap42	HM368425	中国
Hap43	HM368402	中国
Hap44	HM368407	中国
	AB127239, AB127221	日本
Hap45	HM368431	中国
Hap46	HM368424	中国
Hap47	HM368416	中国
	AB127280, AB127277, AB127264, AB127258, AB127240, AB127208, AB127203	日本
Hap48	HM368423	中国
Hap49	AB127251	日本
Hap50	HM368403, AF467260, NC_003368	中国
	AB127278, AB127263, AB127338	日本
Hap51	AB127260, AB127257, AB127250	日本
Hap52	AB127254	日本
支系 II(Clade II)		
Hap53	AJ560785	越南
Hap54	HM368420	中国
	AJ560789	越南
Hap55	HM368435	中国
Hap56	HM368433	中国

表 3 本研究中山东省亚洲玉米螟 *mtCOII* 单倍体型分布情况Table 3 Distribution of *O. furnacalis mtCOII* haplotypes in Shandong, China in this study

单倍体型 Haplotypes	济宁 JN1	济宁 JN2	济宁 JN3	济宁 JN4	济宁 JN5	费县 FX	滨州 BZ	即墨 JM1	即墨 JM2	商河 SH	莱州 LZ1	莱州 LZ2	莱州 LZ3	聊城 LC	沂水 YS1	沂水 YS2	菏泽 HZ
Hap5		1						1							1		
Hap7			1				1										
Hap17	1	3	8	7	5	8	5	5	3	4	1	2	1	1	4	3	5
Hap18						1											
Hap21			1	1													
Hap25							1										

续表

单倍体型 Haplotypes	济宁 JN1	济宁 JN2	济宁 JN3	济宁 JN4	济宁 JN5	费县 FX	滨州 BZ	即墨 JM1	即墨 JM2	商河 SH	莱州 LZ1	莱州 LZ2	莱州 LZ3	聊城 LC	沂水 YS1	沂水 YS2	菏泽 HZ
Hap28					1												
Hap35			1			1	2					1				1	
Hap40		1				1		1								1	
Hap44								1								1	
Hap46						1											
Hap47		2	2													2	1
Hap50		1	2	2	1	1	2	3	1			4				4	
Hap54 *								1									
Hap57					2												
Hap58													1				
Hap59		2															
Hap60								1									
Hap61																1	
Hap62 *								1									

* 属于支系 II ;Grouped into Clade II

2.2 mtCOII 基因单倍体型系统进化关系分析

对上述亚洲玉米螟 *mtCOII* 基因 62 种单倍体型以最大似然法 (ML) 构建的系统树 (图 1; 仅显示置信值 (Bootstrap) 大于 50% 的分支) 表明, 所有单倍体型共分为 2 个支系。其中, 57 个单倍体型单独聚为一支 (置信值为 58%); 5 个单倍体型单独聚为一支 (置信值为 95%)。邻位法 (NJ) (结果未显示) 构建的系统树与最大似然法 (ML) 构建的系统树类似, 也分为 2 个支系。

本实验中只有山东省的 JM1 种群 (即墨) 中的 2 个个体 (分别编号为 Hap54、Hap62 单倍体型) 位于第 2 支系 (Clade II), 山东其他种群均属于第 1 支系 (Clade I)。

2.3 山东省亚洲玉米螟不同地理种群遗传多样性分析

基于 *mtCOII* 基因对山东省不同种群遗传多样性分析如表 4 所示。由表 4 可以看出, 所测的玉米螟种群的遗传多样性均较高, 例如总体单倍体型多样性指数 *Hd* 为 0.695; 种群内单倍体型多样性指数为 0.333—0.889, 平均为 0.611, 其中单倍体型多样性最高的种群为 JN2 (济宁) 种群, 最低的为 HZ (菏泽) 种群。AMOVA 分析结果显示 (表 5), 山东省亚洲玉米螟 2 个支系之间的方差组分为 4.78994, 占方差比率的 79.42%; 2 个支系之间的方差组分为 1.24116, 占方差比率的 20.58%; 这说明山东亚洲玉米螟的遗传变异主要来自 2 个支系之间, 支系间的遗传差异达到极显著水平 ($P < 0.0001$)。

表 4 基于 *mtCOII* 序列对山东省亚洲玉米螟不同种群的遗传多样性分析

Table 4 Genetic diversity of *O. furnacalis* collections from Shandong based on *mtCOII* sequences

采集种群 Collections (个体数 Individual no.)	<i>S</i>	η	<i>H</i>	<i>Hd</i> (SD)	π (SD)	<i>K</i>	π (JC)
JN1 (1)	—	—	—	—	—	—	—
JN2 (10)	6	6	6	0.889 (0.075)	0.00400 (0.00060)	2.622	0.00401
JN3 (15)	7	7	6	0.714 (0.116)	0.00383 (0.00073)	2.514	0.00385
JN4 (10)	5	5	3	0.511 (0.164)	0.00288 (0.00112)	1.889	0.00289
JN5 (9)	7	7	4	0.694 (0.147)	0.00263 (0.00124)	1.722	0.00264
FX (13)	7	7	6	0.641 (0.150)	0.00367 (0.00092)	2.410	0.00369
BZ (11)	7	7	5	0.782 (0.107)	0.00443 (0.00078)	2.909	0.00446
JM1 (14)	17	17	8	0.857 (0.077)	0.00809 (0.00185)	5.308	0.00816
JM2 (4)	5	5	2	0.500 (0.265)	0.00381 (0.00202)	2.500	0.00383
SH (4)	—	—	—	—	—	—	—

续表							
采集种群 Collections (个体数 Individual no.)	<i>S</i>	η	<i>H</i>	<i>Hd</i> (SD)	π (SD)	<i>K</i>	π (JC)
LZ1(1)	—	—	—	—	—	—	—
LZ2(7)	6	6	3	0.667(0.160)	0.00421(0.00115)	2.762	0.00423
LZ3(2)	—	—	—	—	—	—	—
LC(1)	—	—	—	—	—	—	—
YS1(5)	1	1	2	0.400(0.237)	0.00061(0.00036)	0.400	0.00061
YS2(13)	7	7	7	0.872(0.067)	0.00403(0.00070)	2.641	0.00404
HZ(6)	4	4	2	0.333(0.215)	0.00203(0.00131)	1.333	0.00204
总体(126)Total(126)	20	20	20	0.695(0.041)	0.00424(0.00038)	2.784	0.00427

S: 多态位点的个数 number of polymorphic (segregating) sites; η : 总的突变位点 total number of mutations; *H*: 单倍体型数量 number of haplotypes; *Hd*: 单倍体型多态性 Haplotype diversity; π : 核酸多样性 nucleotide diversity; *K*: 平均核苷酸差异 average number of nucleotide differences; π (JC): Jukes 和 Cantor 校正的 π 值; —: 未计算

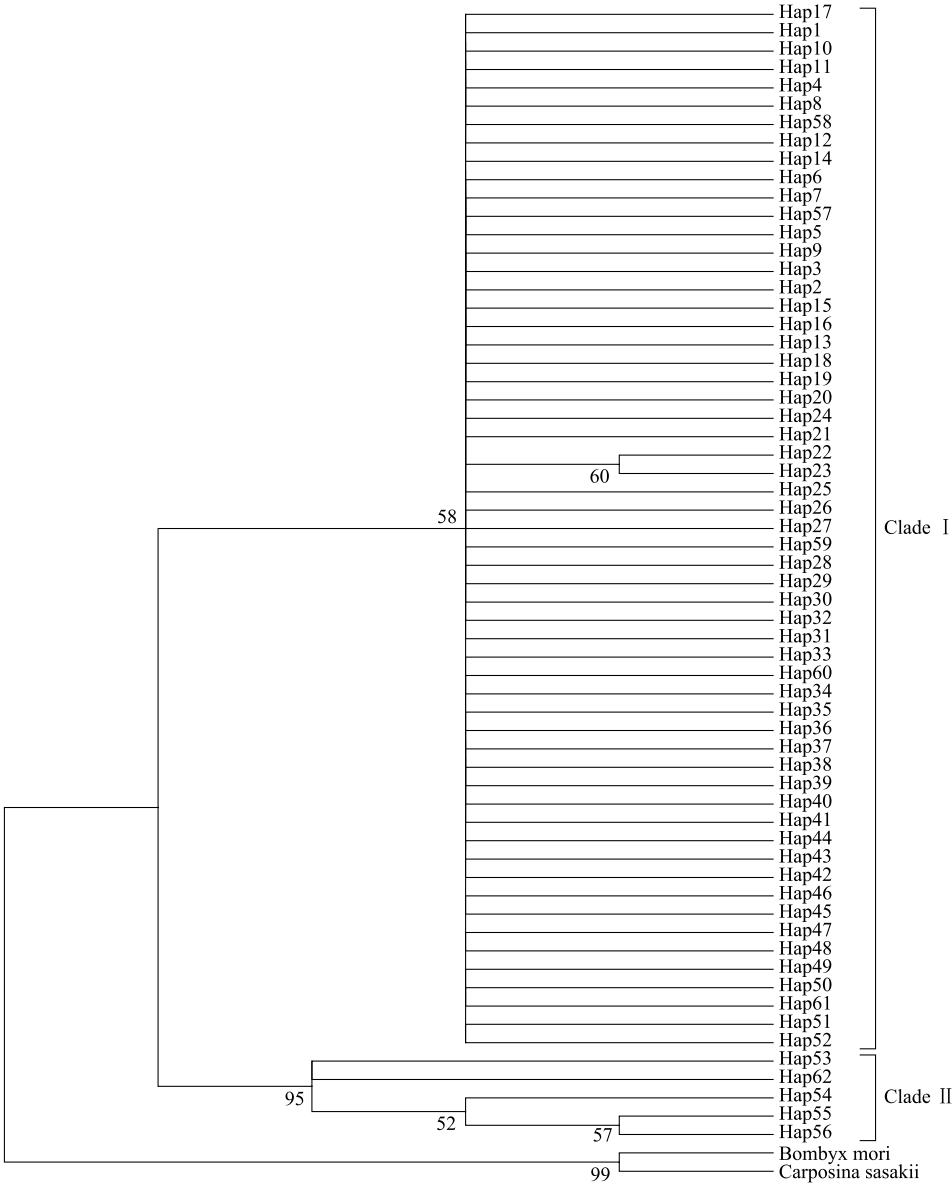


图 1 利用最大似然法 (ML) 构建的亚洲玉米螟不同地理种群 *COII* 单倍体型间的系统树

Fig.1 Maximum-likelihood phylogenetic tree of *O. furnacalis* based on *COII* haplotypes

表 5 亚洲玉米螟不同支系线粒体基因 *COII* 的分子变异分析

Table 5 Analysis of molecular variance (AMOVA) of *mtCOII* sequences in clades of *O. furnacalis*

异来源 Source of variation	自由度 df	平方和 Sum of squares	方差组分 Variance components	方差比率 Percentage of variation	<i>P</i>
支系间 Among clades	1	20.097	4.78994 Va	79.42	< 0.0001
支系内 Within clades	124	153.903	1.24116 Vb	20.58	
总变异 Total	125	174.000	6.03109	100	
固定系数 Fixation index, <i>Fst</i> : 0.79421					

2.4 基于 PCR-RFLP 方法鉴别亚洲玉米螟 2 个支系

利用酶切位点在线查询的方法,发现 *PspFI* 内切酶(酶切位点为 CCCAGC)仅存在于支系 II 中,而支系 I 中不存在该酶切位点(图 2)。由 AF467260、NC_003368 可知,PCR 产物片段长度 824 bp,酶切位点位于 320

Hap1	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap2	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap3	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap4	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap5	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap6	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap7	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap8	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap9	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap10	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap11	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap12	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap13	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap14	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap15	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap16	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap17	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap18	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap19	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap20	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap21	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap22	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap23	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap24	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap25	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap26	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap27	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap28	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap29	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap30	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap31	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap32	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap33	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap34	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap35	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap36	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap37	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap38	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap39	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap40	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap41	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap42	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap43	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap44	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap45	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap46	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap47	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap48	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap49	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap50	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap51	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap52	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap57	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]
Hap58	CGATTTCTACTTGAAGGTCAAATAATTGAATTAATTTGAACAATTATCCAGCTATCACATTAATCTTTATTGCTTTA	[347]

图 2 亚洲玉米螟支系 II 的 *mtCOII* 基因序列中 *PspFI* 酶切位点位置

Fig. 2 Cutting site of *PspFI* within *mtCOII* sequences of *O. furnacalis* clade II

bp 左右,因此可以推测酶切片段为 500 bp 与 300 bp 左右。本研究表明通过 *PspFI* 内切酶对山东省支系 I 及支系 II 亚洲玉米螟扩增 *mtCOII* 基因 PCR 产物酶切显示,支系 II 中 JM1 种群的 2 个个体酶切后有 3 条带(分别约 800 bp、500 bp、300 bp),其他支系 I 种群个体只有 1 条带(约 800 bp)(图 3)。

3 讨论

Hoshizaki 等^[7] 基于 *mtCOII* 基因发现日本的亚洲玉米螟分为 2 个支系(支系 A 和 B),其中支系 A 在日本分布广泛,占绝对优势,在对日本 16 个采样种群检测中有 15 个点均含有支系 A;在被检测的中国样品中仅发现了支系 A;在菲律宾仅发现支系 B 个体。李菁等^[2] 利用 *mtCOII* 基因发现中国 17 个地理种群的亚洲玉米螟也存在 2 个较大的支系。本研究对目前全球亚洲玉米螟分析结果表明:全球的亚洲玉米螟具有 2 个遗传支系(Clade I 和 Clade II),与李菁等^[2] 结果是一致的;而 Hoshizaki 等^[7] 中的支系 A 和 B 均在支系 I (Clade I) 中,没有明显的遗传分化。近来研究表明,很多物种存在遗传分化,这些分化种群往往对环境的适应能力不同^[9-10]。例如 Brunner 等^[14] 研究发现,西花蓟马 2 个遗传支系(G 型和 L 型)对生存环境的适应性存在很大的差异,G 型常生活于高温干燥(hot-dry)地区,L 型大都生活在低温潮湿(cool-moist)地区。李菁等^[2] 与本文的研究表明,亚洲玉米螟支系 II 的个体比例较低,这些数据提示不同支系内亚洲玉米螟的生物学、生态学及生理学方面可能存在差异,进而影响该害虫种群的地理分布及其扩散。这些问题有待于进一步研究,相关研究结果对于该害虫的可持续控制具有重要的指导价值。

李菁等^[2] 研究中分析的山东省亚洲玉米螟种群(1 个种群)属于支系 I (Clade I)。本研究中发现山东省亚洲玉米螟单倍体型分布于支系 I 与支系 II。这表明,样品的数量增加可以发现更多的具有遗传分化的个体。尽管如此,本研究中发现的支系 II 个体在山东省所有样品中的比例很低(1.9%)。同时,这些单倍体型在山东省的分布缺乏明显的地理分布格局,与全国分布格局类似^[2]。本研究发现,山东省亚洲玉米螟 *mtCOII* 基因存在丰富的单倍体型(20 个);在山东省,亚洲玉米螟种群 *Hd* (0.333—0.889) 与全国其他种群 *Hd* (0.424—0.862) 相似^[2]。山东省总群体的单倍体型多样性指数 *Hd* 为 0.695,略低于全国水平(0.811)^[2]。上述结果表明山东省亚洲玉米螟种群线粒体基因具有较高的多态性。其中, JM1 (即墨) 种群具有较高的遗传多样性,具有多种可能性,尚需进一步的分析。

PspFI 内切酶(酶切位点为 CCCAGC)对支系 I 与 II 的亚洲玉米螟 *mtCOII* 基因的 PCR 产物酶切结果表明,该酶能够有效鉴别 2 个支系:支系 II (JM1 种群的 2 个个体)有 3 条带(分别约 800 bp、500 bp、300 bp),支系 I 个体只有 1 条带(约 800 bp)。然而根据序列分析,支系 II (JM1 种群的 2 个个体)PCR 产物应该被切成 2 条带(分别约为 500 bp、300 bp),而本研究中尚有 PCR 产物(约 800 bp)不能完全切开,其原因有待于进一步分析。尽管如此,利用 *PspFI* 内切酶消化 *mtCOII* 基因的 PCR-RFLP 快速鉴别技术为亚洲玉米螟 2 支系的生物学及生态学进一步研究奠定了基础。

致谢: 美国斯坦福大学 Daniel Thomas Rogan 帮助修改英文摘要,特此致谢。

References:

- [1] Zhou D Y, He K L. Asian Corn Borer and Its Integrated Management. Beijing: Golden Shield Press, 1995: 1-102.
- [2] Li J, Zhang Y, Wang Z Y, He K L, Wang Q. Genetic differentiation and gene flow among different geographical populations of the Asian corn borer *Ostrinia furnacalis* (Guenée) (Lepidoptera Crambidae) in China estimated by mitochondrial *COII* gene sequences. Acta Entomologica Sinica, 2010, 53(10): 1135-1143.
- [3] Wang Z Y, Lu X, He K L, Zhou D R. Review of history, present situation and prospect of the Asian maize borer research in China. Journal of

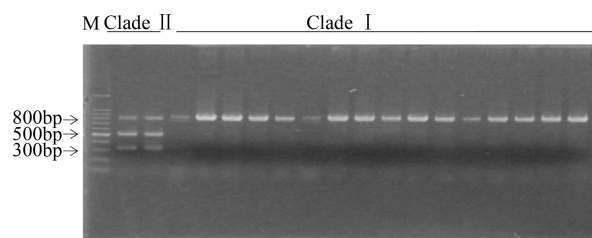


图 3 亚洲玉米螟支系 I 与 II 的 *mtCOII* 酶切结果

Fig. 3 *mtCOII* product of *O. furnacalis* clades I and II digested with *PspFI*
M, 100 bp marker

Shenyang Agricultural University, 2000, 31(5): 402-412.

- [4] The Ministry of Agriculture. Control scheme of corn borer in 2008. Rural Practical Technology, 2008, (5): 1-37.
- [5] Chu D, Zhang Y J, Wan F H. Application of molecular marker techniques in invasion ecology. Chinese Journal of Applied Ecology, 2007, 18(6): 1383-1387.
- [6] Bu Y, Zheng Z M. Roles and status of cytochrome oxidase II gene in the research of insect molecular systematics. Entomological Knowledge, 2005, 42(1): 18-22.
- [7] Hoshizaki S, Washimori R, Kubota S, Ohno S, Huang Y, Tatsuki S, Ishikawa Y. Two mitochondrial lineages occur in the Asian corn borer, *Ostrinia furnacalis* (Lepidoptera: Crambidae), in Japan. Bulletin of Entomological Research, 2008, 98(5): 519-526.
- [8] Li L L, Yu Y, Zhang A S, Zhang S C, Men X Y, Zhang J J. Investigation on the species of overwintering maize pests and parasitoids of overwintering Asian corn borer larvae in Shandong Province. Journal of Shandong Agricultural Science, 2009, (2): 75-77.
- [9] Scheffer S J, Lewis M L. Mitochondrial phylogeography of vegetable pest *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae): divergent clades and invasive populations. Annals of the Entomological Society of America, 2005, 98(2): 181-186.
- [10] Winkler G, Dodson J J, Lee C E. Heterogeneity within the native range: population genetic analyses of sympatric invasive and noninvasive populations of the freshwater invading copepod *Eurytemora affinis*. Molecular Ecology, 2008, 17(1): 415-430.
- [11] Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Molecular Biology and Evolution, 2011. doi: 10.1093/molbev/msr121.
- [12] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinformatics, 2009, 25(11): 1451-1452.
- [13] Excoffier LG, Laval S, Schneider S. Arlequin ver 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. Evol Bioinformatics, 2005, 1:47-50.
- [14] Brunner P C, Frey J E. Habitat-specific population structure in native western flower thrips *Frankliniella occidentalis* (Insecta, Thysanoptera). Journal of Evolutionary Biology, 2010, 23(4): 797-804.

参考文献:

- [1] 周大荣, 何康来. 玉米螟综合防治. 北京: 金盾出版社, 1995: 1-102.
- [2] 李菁, 张颖, 王振营, 何康来, 王强. 基于线粒体 DNA *COII* 基因的亚洲玉米螟中国不同地理种群遗传分化及基因流研究. 昆虫学报, 2010, 53(10): 1135-1143.
- [3] 王振营, 鲁新, 何康来, 周大荣. 我国研究亚洲玉米螟历史、现状与展望. 沈阳农业大学学报, 2000, 31(5): 402-412.
- [4] 农业部. 2008 年玉米螟防治方案. 农村实用技术, 2008, (5): 1-37.
- [5] 褚栋, 张友军, 万方浩. 分子标记技术在入侵生态学研究中的应用. 应用生态学报, 2007, 18(6): 1383-1387.
- [6] 卜云, 郑哲民. *COII* 基因在昆虫分子系统学研究中的作用和地位. 昆虫知识, 2005, 42(1): 18-22.
- [8] 李丽莉, 于毅, 张安盛, 张思聪. 山东省玉米越冬害虫种类及亚洲玉米螟越冬幼虫寄生性天敌调查. 山东农业科学, 2009, (2): 75-77.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 33, No. 14 Jul. ,2013 (Semimonthly)

CONTENTS

Frontiers and Comprehensive Review

A review of the researches on *Alectoris* partridge SONG Sen, LIU Naifa (4215)

Autecology & Fundamentals

Effects of precipitation and nitrogen addition on photosynthetically eco-physiological characteristics and biomass of four tree seedlings in Gutian Mountain, Zhejiang Province, China YAN Hui, WU Qian, DING Jia, et al (4226)

Effects of low temperature stress on physiological-biochemical indexes and photosynthetic characteristics of seedlings of four plant species SHAO Yiruo, XU Jianxin, XUE Li, et al (4237)

Decomposition characteristics of maize roots derived from different nitrogen fertilization fields under laboratory soil incubation conditions CAI Miao, DONG Yanjie, LI Baijun, et al (4248)

The responses of leaf osmoregulation substance and protective enzyme activity of different peanut cultivars to non-sufficient irrigation ZHANG Zhimeng, SONG Wenwu, DING Hong, et al (4257)

Interannual variation of soil seed bank in *Picea schrenkiana* forest in the central part of the Tianshan Mountains LI Huadong, PAN Cunde, WANG Bing, et al (4266)

Physiological & ecological effects of companion-planted grow seedlings of two crops in the same hole LI Lingli, GUO Hongxia, HUANG Genghua, et al (4278)

Effects of magnesium, manganese, activated carbon and lime and their interactions on cadmium uptake by wheat ZHOU Xiangyu, FENG Wenqiang, QIN Yusheng, et al (4289)

Effects of increased concentrations of gas CO₂ on mineral ion uptake, transportation and distribution in *Phyllostachys edulis* ZHUANG Minghao, CHEN Shuanglin, LI Yingchun, et al (4297)

Effects of pH, Fe and Cd concentrations on the Fe and Cd adsorption in the rhizosphere and on the root surfaces of rice LIU Danqing, CHEN Xue, YANG Yazhou, et al (4306)

Effects of low-light stress on maize ear development and endogenous hormones content of two maize hybrids (*Zea mays* L.) with different shade-tolerance ZHOU Weixia, LI Chaohai, LIU Tianxue, et al (4315)

Effects of maize || peanut intercropping on photosynthetic characters and yield forming of intercropped maize JIAO Nianyuan, NING Tangyuan, YANG Mengke, et al (4324)

Cloning root system distribution and architecture of different forest age *Populus euphratica* in Ejina Oasis HUANG Jingjing, JING Jialin, CAO Dechang, et al (4331)

Impact of vegetation interannual variability on evapotranspiration CHEN Hao, ZENG Xiaodong (4343)

Mating behavior of *Pachycrepoides vindemmiae* and the effects of male mating times on the production of females SUN Fang, CHEN Zhongzheng, DUAN Bisheng, et al (4354)

Component analysis and bioactivity determination of fecal extract of *Locusta migratoria tibetensis* (Chen) WANG Haijian, LI Yili, LI Qing, et al (4361)

Effects of different rice varieties on larval development, survival, adult reproduction, and flight capacity of *Cnaphalocrocis medinalis* (Guenée) LI Xia, XU Xiuxiu, HAN Lanzhi, et al (4370)

Population, Community and Ecosystem

Genetic structure of the overwintering Asian corn borer, *Ostrinia furnacalis* (Guenée) collections in Shandong of China based on *mtCOII* gene sequences LI Lili, YU Yi, GUO Dong, TAO Yunli, et al (4377)

The structure and diversity of insect community in Taihu Wetland HAN Zhengwei, MA Ling, CAO Chuanwang, et al (4387)

Annual variation pattern of phytoplankton community at the downstream of Xijiang River WANG Chao, LAI Zini, LI Xinhui, et al (4398)

Effect of species dispersal and environmental factors on species assemblages in grassland communities WANG Dan, WANG Xiao'an, GUO Hua, et al (4409)

- Cyanobacteria diversity in biological soil crusts from different erosion regions on the Loess Plateau: a preliminary result YANG Lina, ZHAO Yunge, MING Jiao, et al (4416)
- Landscape, Regional and Global Ecology**
- Zoning for regulating of construction land based on landscape security pattern WANG Siyi, OU Minghao (4425)
- Fragmentation process of wetlands landscape in the middle reaches of the Heihe River and its driving forces analysis ZHAO Ruifeng, JIANG Penghui, ZHAO Haili, et al (4436)
- Analysis on grassland degradation in Qinghai Lake Basin during 2000—2010 LUO Chengfeng, XU Changjun, YOU Haoyan, et al (4450)
- Research on soil erosion based on Location-weighted landscape index (LWLI) in Guanchuanhe River basin, Dingxi, Gansu Province LI Haifang, WEI Wei, CHEN Jin, et al (4460)
- Effects of host density on parasitoids and hyper-parasitoids of cereal aphids in different agricultural landscapes GUAN Xiaoqing, LIU Junhe, ZHAO Zihua (4468)
- Effects of interactive CO₂ concentration and precipitation on growth characteristics of *Stipa breviflora* SHI Yaohui, ZHOU Guangsheng, JIANG Yanling, et al (4478)
- Resource and Industrial Ecology**
- Eco-service efficiency assessment method of urban land use: a case study of Changzhou City, China YANG Wenrui, LI Feng, WANG Rusong, et al (4486)
- Changes in phosphorus consumption and its environmental loads from food by residents in Xiamen City WANG Huina, ZHAO Xiaofeng, TANG Lina, et al (4495)
- Research Notes**
- Intercropping enhances the farmland ecosystem services SU Benying, CHEN Shengbin, LI Yonggeng, et al (4505)
- Assessment indicator system of eco-industry in mining area WANG Guangcheng, WANG Huanhuan, TAN Lingling (4515)

《生态学报》2013 年征订启事

《生态学报》是由中国科学技术协会主管,中国生态学学会、中国科学院生态环境研究中心主办的生态学高级专业学术期刊,创刊于 1981 年,报道生态学领域前沿理论和原始创新性研究成果。坚持“百花齐放,百家争鸣”的方针,依靠和团结广大生态学科工作者,探索生态学奥秘,为生态学基础理论研究搭建交流平台,促进生态学研究深入发展,为我国培养和造就生态学科人才和知识创新服务、为国民经济建设和发展服务。

《生态学报》主要报道生态学及各分支学科的重要基础理论和应用研究的原始创新性科研成果。特别欢迎能反映现代生态学发展方向的优秀综述性文章;研究简报;生态学新理论、新方法、新技术介绍;新书评价和学术、科研动态及开放实验室介绍等。

《生态学报》为半月刊,大 16 开本,300 页,国内定价 90 元/册,全年定价 2160 元。

国内邮发代号:82-7,国外邮发代号:M670

标准刊号:ISSN 1000-0933 CN 11-2031/Q

全国各地邮局均可订阅,也可直接与编辑部联系购买。欢迎广大科技工作者、科研单位、高等院校、图书馆等订阅。

通讯地址:100085 北京海淀区双清路 18 号 电 话:(010)62941099; 62843362

E-mail: shengtaixuebao@rcees.ac.cn 网 址: www.ecologica.cn

本期责任副主编 骆世明

编辑部主任 孔红梅

执行编辑 刘天星 段 靖

生 态 学 报

(SHENGTAI XUEBAO)

(半月刊 1981 年 3 月创刊)

第 33 卷 第 14 期 (2013 年 7 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 14 (July, 2013)

编 辑	《生态学报》编辑部 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085 电话:(010)62941099 www.ecologica.cn shengtaixuebao@rcees.ac.cn	Edited by	Editorial board of ACTA ECOLOGICA SINICA Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China Tel:(010)62941099 www.ecologica.cn shengtaixuebao@rcees.ac.cn
主 编	王如松	Editor-in-chief	WANG Rusong
主 管	中国科学技术协会	Supervised by	China Association for Science and Technology
主 办	中国生态学学会 中国科学院生态环境研究中心 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085	Sponsored by	Ecological Society of China Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
出 版	科 学 出 版 社 地址:北京东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717	Published by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷	北京北林印刷厂	Printed by	Beijing Bei Lin Printing House, Beijing 100083, China
发 行	科 学 出 版 社 地址:东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717 电话:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net
订 购	全国各地邮局	Domestic	All Local Post Offices in China
国外发行	中国国际图书贸易总公司 地址:北京 399 信箱 邮政编码:100044	Foreign	China International Book Trading Corporation Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China
广告经营 许 可 证	京海工商广字第 8013 号		



ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 90.00 元