

甘肃省苹果蠹蛾不同地理种群遗传多样性分析

张大为, 罗进仓*, 周昭旭, 魏玉红, 刘月英

(甘肃省农业科学院植物保护研究所, 兰州 730070)

摘要 为探明苹果蠹蛾不同地理种群的遗传变异、种群分化及传播扩散情况, 利用 9 对微卫星引物对甘肃 9 个不同苹果蠹蛾地理种群的遗传多样性进行了研究。应用 POPGENE 1.32 和 NTSYSpc 2.1 软件分析表明: 9 对引物共检测到 21 个多样性位点, 多态性百分比为 95.45%; 9 个不同地理种群的观测等位基因为 1.954 5, 有效等位基因为 1.741 3, Nei 氏指数为 0.411 3, Shannon 指数为 $0.592 7 \pm 0.147 2$; 遗传相似度在 0.325 8~0.817 0 范围内。UPGMA 聚类分析表明甘州、金塔种群聚为一支, 与肃州种群合为一支; 临泽种群与总寨种群聚为一支; 七里河与敦煌种群聚为一支; 高台与民勤种群聚为一支, 各分支间的遗传分化系数 F_{st} 分别为 0.795 0、0.531 4、0.857 9、0.598 0。Mantel 检测表明, 种群间的遗传距离与地理距离无显著相关性。研究表明, 甘肃苹果蠹蛾种群的遗传多样性较低, 遗传变异主要来自种群内部, 种群之间的基因交流较少, 在甘肃省的传播以人为被动传播扩散为主。

关键词 苹果蠹蛾; 地理种群; 微卫星; 遗传多样性; UPGMA 聚类分析

中图分类号: S 433 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3969/j.issn.0529-1542.2015.05.016

Genetic diversity analysis of different geographical populations of the codling moth, *Cydia pomonella* (L.) in Gansu Province

Zhang Dawei, Luo Jincang, Zhou Zhaoxu, Wei Yuhong, Liu Yueying

(Institute of Plant Protection, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070, China)

Abstract In order to explore the genetic variation, population differentiation and dispersal pattern, nine pairs of primers were used to analyze the genetic diversity of nine different geographical populations of the codling moth, *Cydia pomonella* (L.), collected from Gansu. The analysis results with POPGENE 1.32 and NTSYSpc 2.1 programs showed that 21 polymorphic sites were detected from nine different geographical populations, with a polymorphism percentage, observed number of alleles, effective number of alleles, Nei's gene identity, Shannon index and genetic similarity of 95.45%, 1.954 5, 1.741 3, 0.411 3, $0.592 7 \pm 0.147 2$, and 0.325 8~0.817 0, respectively. UPGMA cluster analysis indicated that the populations from Ganzhou, Jinta and Suzhou gathered in one clade, the populations from Linze and Zongzhai in another; the populations from Qilihe and Dunhuang clustered in one clade, while the populations from Gaotai and Minqin gathered in another. The genetic differentiation coefficient (F_{st}) of each clade was 0.795 0, 0.531 4, 0.857 9 and 0.598 0, respectively. Mantel test indicated that the genetic distance and geographical distance had no significant correlation between different populations. The results showed that codling moth populations had lower genetic diversity, and genetic variation occurred within population; there was low gene flow between populations, and the mode of diffusion was anthropochory in Gansu Province.

Key words *Cydia pomonella*; geographical population; microsatellite; genetic diversity; UPGMA cluster

苹果蠹蛾 [*Cydia pomonella* (L.)] 属鳞翅目, 卷叶蛾科, 小卷蛾亚科, 以幼虫蛀食苹果、梨、桃、李、沙果等多种果树的果实, 造成大量落果, 是水果生产上的毁灭性检疫害虫。该虫寄主范围广、繁殖能力强、危害程度高、适应能力强, 是世界温带落叶果树的重要害虫^[1]。苹果蠹蛾最早起源于欧亚大陆中南部^[2],

1957 年在我国新疆首次被记录为害^[3], 2007 年和 2009 年分别被列入中华人民共和国进境植物检疫性有害生物名录和全国农业植物检疫性有害生物名单^[4-5]。苹果蠹蛾 1987 年传入甘肃省酒泉地区^[6], 后逐年向东扩散, 现已越过祁连山、乌鞘岭等天然屏障, 继续向东传播, 在甘肃兰州以西均有分布报道^[7-8]。

收稿日期: 2014-08-08

修订日期: 2014-12-17

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(200903042); 甘肃省科技支撑计划(097JKCA084)

* 通信作者 E-mail: jincang1964@sohu.com

目前,苹果蠹蛾有进一步东侵的趋势,在黑龙江、辽宁也有其发生为害报道,已对我国黄土高原和环渤海湾两大苹果优势产区形成东西夹攻之势,严重威胁我国的果品生产。

国内学者对苹果蠹蛾的研究,主要集中在生物学^[9-10]、生态学^[8,11-14]、综合防治^[15-19]及适生性^[7,20-21]等方面,有关苹果蠹蛾种群遗传多样性的研究还比较少。冯纪年等分析了 10 个苹果蠹蛾地理种群,认为已经存在一定程度的种群分化,在我国由西向东传播^[22];门秋雷等筛选了 6 个在中国苹果蠹蛾种群中可以稳定扩增的微卫星位点^[23];李玉婷等认为河西地区苹果蠹蛾种群遗传多样性较低,已经存在一定程度遗传分化^[24]。在国外,有学者认为,由于苹果蠹蛾自身活动能力限制,不同种群间存在遗传多样性的原因是种群之间缺乏基因交流^[25]。一些研究发现,同一个国家不同地理区域内的苹果蠹蛾种群之间并不存在显著的遗传分化^[26-28]。也有些研究发现,即使是在相隔距离小于 10

km 的两个苹果蠹蛾种群之间也存在显著的遗传分化^[29]。因此,为探明甘肃省境内苹果蠹蛾不同地理种群间的遗传分化及扩散路径,有必要对其分子遗传变异情况进行研究。本文利用 9 对引物对甘肃省 9 个不同地理种群的遗传多样性进行了研究,以明确甘肃苹果蠹蛾种群间的遗传变异、种群分化及传播扩散路径,为制定苹果蠹蛾的防控阻截策略提供可靠的理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试昆虫

试验用样本均采集于 2011 年 4—8 月,在甘肃省内苹果蠹蛾危害区选取有代表性的果园,于果树老翘皮下、枝干缝隙处及蛀果内采集苹果蠹蛾越冬代老熟幼虫及第 1 代 4~5 龄幼虫。采集完毕后,记录采样地点经纬度等信息(表 1)。采集样本在饥饿 24 h 后,单头浸泡于含无水乙醇的指形管内带回实验室,若液体变色则更换无水乙醇,所有样本保存于-20 ℃冰箱备用。

表 1 试验样本采集信息
Table 1 Sample collection information

种群代码 Population code	采样地点 Collection location	地理位置 Geographical location	采集时间/年-月 Collection time	试虫数量/头 Insect number
GZ	张掖甘州 Ganzhou, Zhangye	N38. 96; E100. 19	2011-07	25
LZ	张掖临泽 Linze, Zhangye	N38. 98; E100. 04	2011-07	25
GT	张掖高台 Gaotai, Zhangye	N39. 35; E99. 79	2011-07	25
JT	酒泉金塔 Jinta, Jiuquan	N39. 99; E98. 89	2011-04	25
ZZ	酒泉总寨 Zongzhai, Jiuquan	N39. 67; E98. 61	2011-07	25
SZ	酒泉肃州 Suzhou, Jiuquan	N39. 80; E98. 55	2011-07	25
DH	酒泉敦煌 Dunhuang, Jiuquan	N40. 74; E94. 42	2011-08	25
MQ	武威民勤 Minqin, Wuwei	N38. 79; E103. 28	2011-04	25
QLH	兰州七里河 Qilihe, Lanzhou	N36. 04; E103. 73	2011-07	25

1.2 引物筛选

各微卫星位点扩增所用的引物序列参考 Franck 等^[2]和 Zhou 等^[30]发表的微卫星序列(表 2),委托上海捷瑞生物工程技术有限公司合成。经过筛选,选取了 9 对扩增条带清晰、重复性较好的引物用于对苹果蠹蛾 DNA 样品扩增。

1.3 基因组 DNA 的提取与检测

采用 Tiangen 公司 DP304-2 动物组织基因组 DNA 提取试剂盒提取单头苹果蠹蛾样本总 DNA,经 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳检测后,用尤尼柯(上海)仪器有限公司生产的 Unico 4802H 型紫外可见分光光度计检测,估算 DNA 的浓度与纯度,并稀释至 45 ng/ μ L,4 ℃保存备用。

1.4 PCR 扩增及产物检测

PCR 扩增反应在 PTC-100 PCR 仪(MJ Research

Company)上进行,反应体积为 25 μ L,其中 DNA 模板 1 μ L(45 ng/ μ L),10 $\times$ PCR buffer 2.5 μ L,上、下游引物各 0.5 μ L,Taq DNA 聚合酶 1 μ L,ddH₂O 17.5 μ L。PCR 反应程序为:94 ℃预变性 5 min;95 ℃变性 30 s,55~60 ℃(根据各引物退火温度有所不同)退火 30 s;72 ℃延伸 30 s,30 个循环;最后 72 ℃延伸 10 min。反应结束后,产物于 4 ℃保存备用。扩增产物通过 6%的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳(Native-PAGE)进行检测,采用 JY 600 十电泳仪和 DYC-30 型垂直电泳槽(北京六一仪器厂),电压 10 V/cm,约 2 h,在指示剂到达胶板最底端时,结束电泳,采取硝酸银染色法显色,然后根据标准分子量 marker(本研究采用 PBR322 DNA/MspI,北京天根生物技术有限公司生产)标示扩增条带大小,并根据结果读带,采用数码相机拍照,保存胶板图像。

表 2 试验所用 9 对微卫星引物
Table 2 Microsatellite primers used in this study

位点 Locus	序列片段 Sequence fragment	重复单元 Repeat unit	退火温度/℃ Annealing temperature	产物大小/bp Length of PCR product	GenBank 登录号 GenBank accession no.
Cp1. 62	F: GTGTTCCAAATTAAGCTGACG R: GACATCCGCGAGAAACC	(CT)13	57	244	AY640592
Cp2. 162	F: AGCGCCATGTAAGGACTTG R: GCGCCAACAGCGTAGTTAT	(AG)10	59	242	AY 640598
Cp3. 56	F: GCACCTCTTGGCACTCAACT R: GGTTGTGGTGGTATCCCTAGAC	(AC)8	60	180	AY 640600
Cp3. 108	F: ACACAGTCAGCAGGGATGG R: CGCGCTGTATTGTTTCGTC	(TG)6	60	156	AY 640602
Cp4. 56	F: CTATGGGCGACGGTAGTT R: AAGAGGAATTGAGGATGTAAGAA	(TG)5	56	219	AY 640608
Cp5. 24	F: AGTAGCAGAGCATCAGCAAGC R: CATTCCACGTCTTTGTGTGG	(AC)7	60	212	AY 640611
Cyd11	F: GCGGTGCTGTCAGTCTCCT R: TGCCCTGATGTTCTCCTTGA	(CA)30	57	113	AY 688625
Cyd16	F: TCACAAGTAGCTGGCGAGT R: TGCCAAAGAACCCATTAAA	(GTCR)5(GT)3	55	132	AY 688629
Cyd21	F: AGGTTGCGGGTGACTGAC R: CGTGCCATACAACGTGGT	(GCTGGT)2(GGR)5	57	147	AY 688634

1.5 数据统计和分析

假设群体处于 Hardy-Weinberg 平衡,排除模糊不清和无法准确识别的条带,对 SSR 扩增的多态性条带,按照电泳图谱中同一位置上 DNA 带进行量化统计,有条带的量化为 1,无条带的量化为 0,生成 0,1 二维矩阵。利用 POPGENE 1.32 软件对全部位点及全部种群和个体进行遗传参数分析,结合 NTSYSpc 2.1 软件进行遗传多样性评价^[31]。

2 结果与分析

2.1 不同苹果蠹蛾种群的遗传多样性分析

遗传多样性分析(表 3)表明,苹果蠹蛾 9 个地理种

群的观测等位基因 N_a 为 1.045 5~1.272 7,平均为 1.131 3,有效等位基因 N_e 为 1.032 1~1.192 8,平均为 1.092 8,Nei 氏基因多样性指数为 0.018 8~0.113 0,平均为 0.054 4,Shannon 指数为 0.027 5~0.164 9,平均为 0.106 9,多态位点百分率为 4.55%~27.27%,平均为 13.13%。可以看出 9 个种群中,兰州七里河和临泽种群遗传多样性较高,Shannon 指数分别为 0.164 9 和 0.137 4。

2.2 遗传相似度、遗传距离以及地理距离相关性

利用 POPGENE 1.32 软件对 9 个种群的遗传相似度和遗传距离(表 4)计算发现,相似度在 0.325 8~0.817 0 之间,其中高台种群和临泽种群遗传相似度最低,相互遗传相似度最高的是甘州种群和金塔种群。

表 3 甘肃不同地理种群苹果蠹蛾的遗传变异参数

Table 3 Genetic variation parameters of different geographical populations of the codling moth in Gansu

种群 Population	观测等位基因 N_a Observed number of alleles	有效等位基因 N_e Effective number of alleles	Nei 氏指数 H Nei's gene diversity	Shannon 指数 I Shannon's information index	多态位点数量 N_p Number of polymorphic loci	多态位点百分率 $P/\%$ Percentage of polymorphic loci
甘州 GZ	1.181 8	1.128 6	0.075 3	0.109 9	4	18.18
金塔 JT	1.045 5	1.032 1	0.018 8	0.027 5	1	4.55
临泽 LZ	1.227 3	1.160 7	0.094 1	0.137 4	5	22.73
总寨 ZZ	1.136 4	1.096 4	0.056 5	0.082 5	3	13.64
七里河 QLH	1.272 7	1.192 8	0.113 0	0.164 9	6	27.27
高台 GT	1.045 5	1.032 1	0.018 8	0.027 5	1	4.55
肃州 SZ	1.136 4	1.096 4	0.056 5	0.082 5	3	13.64
民勤 MQ	1.045 5	1.032 1	0.018 8	0.027 5	1	4.55
敦煌 DH	1.090 9	1.064 3	0.037 7	0.055 0	2	9.09
平均 Average	1.131 3	1.092 8	0.054 4	0.106 9	2.89	13.13

表 4 甘肃不同地理种群苹果蠹蛾遗传距离(左下)和遗传相似度(右上)

Table 4 Genetic distance (L+B) and genetic similarity (R+U) between pairwise geographical populations of codling moth in Gansu Province

种群 Population	甘州 GZ	金塔 JT	临泽 LZ	总寨 ZZ	七里河 QLH	高台 GT	肃州 SZ	民勤 MQ	敦煌 DH
甘州 GZ	****	0.817 0	0.660 2	0.667 0	0.702 6	0.451 7	0.646 9	0.471 4	0.521 8
金塔 JT	0.202 1	****	0.530 4	0.539 2	0.570 4	0.583 1	0.614 1	0.648 6	0.520 2
临泽 LZ	0.415 2	0.634 2	****	0.815 5	0.754 5	0.325 8	0.430 6	0.566 9	0.687 5
总寨 ZZ	0.404 9	0.617 6	0.204 0	****	0.540 5	0.527 8	0.606 3	0.716 7	0.451 5
七里河 QLH	0.352 9	0.561 4	0.281 7	0.615 2	****	0.404 1	0.581 7	0.432 6	0.758 3
高台 GT	0.794 8	0.539 5	1.121 5	0.639 1	0.906 2	****	0.594 6	0.768 4	0.481 5
肃州 SZ	0.435 6	0.487 5	0.842 6	0.500 3	0.541 8	0.519 9	****	0.480 5	0.387 4
民勤 MQ	0.752 0	0.433 0	0.567 6	0.333 0	0.837 9	0.263 5	0.732 9	****	0.481 5
敦煌 DH	0.650 5	0.653 5	0.374 7	0.795 2	0.276 6	0.730 9	0.948 3	0.730 9	****

利用 Google 地理距离计算器 Google maps distance calculator, 获得了 9 个采样点的直线地理距离, 通过 NTSYSpC 软件中的 MXCOMP 程序分析遗传距离与地理距离的相关性, 得到了地理距离与遗传距离的相关关系图(图 1), 图中可以看出, 数据分布散乱, 没有明显的规律性, Mantel 检测结果, 相关系数 $r = -0.078\ 9$, $P = 0.653\ 0$ ($P > 0.05$), 表明相关程度较低。由此可见, 甘肃 9 个苹果蠹蛾地理种群间的遗传距离与地理距离间无显著相关性。

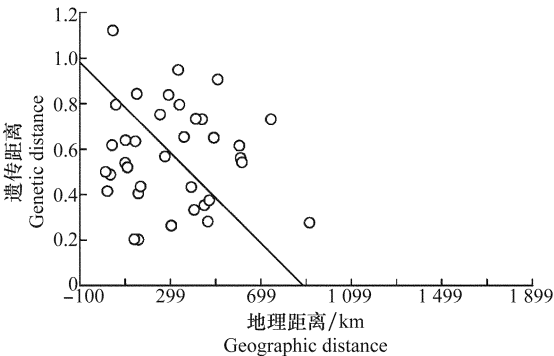


图 1 苹果蠹蛾 9 个地理种群之间遗传距离和地理距离相关性

Fig. 1 Correlation between genetic distance and geographic distance among 9 populations of the codling moth

2.3 聚类分析

2.3.1 UPGMA 遗传图谱

通过 POPGENE 1.32 软件得到种群间的遗传相似度, 利用 NTSYSpC 2.1 软件得到甘肃 9 个苹果蠹蛾种群的 UPGMA 聚类图(图 2)。可以看到, 甘州种群与金塔种群聚为一支, 两者与肃州种群合为一个分支; 临泽种群与总寨种群聚为一个分支; 七里河种群与敦煌种群聚为一支; 高台种群与民勤种群聚为一支。

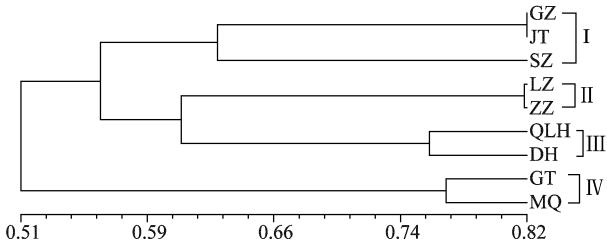


图 2 苹果蠹蛾种群 Nei 氏遗传相似度 UPGMA 聚类图
Fig. 2 UPGMA dendrogram of 9 geographical populations of the codling moth based on Nei's genetic identity

2.3.2 各分支遗传多样性统计

通过表 5 数据可以看出, 在甘肃苹果蠹蛾种群的 4 个分支中, 分支 I 即甘州、金塔、肃州种群分支的遗传多样性水平明显高于其他种群分支, 遗传多样性水平由高到低依次是分支 I > 分支 IV > 分支 II > 分支 III。

2.3.3 各分支间 F 统计及基因流

种群间分化系数 F_{st} 越大表明种群分化程度越高^[32], 表 6 可以看出, 甘肃省苹果蠹蛾 4 个种群分支的遗传分化系数平均为 0.695 6, 七里河和敦煌种群分支的遗传分化系数最高, 为 0.857 9, 最低为临泽与总寨种群分支的 0.531 4; 各分支的基因流在 0.082 8~0.441 0 之间, 平均为 0.247 2。

3 讨论

遗传多样性可以反映一个物种适应环境的能力, 多态信息含量、Shannon 指数及 Nei 氏基因多样性指数均是衡量种群遗传多样性的指标, 当多态信息含量 > 0.5 时^[33], 为高度多态位点, 本研究中 4 大分支的多态信息含量为 95.45%, 表明本研究所用的微卫星标记能够有效地反映苹果蠹蛾群体的遗传多样性变异情况。Nei 氏指数和 Shannon 指数表

明,甘肃省苹果蠹蛾种群 4 大分支的遗传多样性较低,且敦煌与七里河两个种群分支遗传多样性最低,推测由于随着入侵过程、遗传漂变及瓶颈效应的共同影响,造成遗传多样性的下降,与李玉婷等^[24]研究结果一致。本研究中种群间的平均 F_{st} 值为 0.695 6,表明种群的遗传变异主要发生在种群间,种群内的遗传变异只占总变异的很少部分,与

Chen 和 Dorn^[29]、门秋雷等^[23]的研究结果一致。 F_{is} 、 F_{it} 的平均值分别为 0.054 9 和 0.181 4,表明研究的 4 大种群在各种群内部存在较严重的近交,基因流 N_m 为 0.247 2(<1)说明 4 个种群之间基因交流较少,与 Timm 等^[25]的研究结果一致,可能与苹果蠹蛾侵入甘肃时间较短,且自身飞行扩散能力较弱有关。

表 5 甘肃苹果蠹蛾各分支间遗传多样性统计
Table 5 Genetic diversity statistics of different codling moth clades in Gansu

种群分支 Population clade	观测等位基因数 N_a Observed number of alleles	有效等位基因数 N_e Effective number of alleles	Nei 氏指数 H Nei's gene diversity index	Shannon 指数 I Shannon's diversity index	多态位点数 N_p Number of polymorphic loci	多态位点百分率 $P/\%$ Percentage of polymorphic loci
I	1.636 4	1.429 8	0.244 9	0.360 1	14	63.64
II	1.409 1	1.283 3	0.160 7	0.235 9	9	40.91
III	1.272 7	1.258 4	0.132 5	0.185 1	6	27.27
IV	1.500 0	1.326 9	0.187 3	0.277 8	11	50.00
总体水平 Total level	1.954 5	1.741 3	0.411 3	0.592 7	21	95.45

表 6 甘肃苹果蠹蛾 4 个分支的 F 统计及基因流
Table 6 F -statistics and gene flow of four population clades of the codling moth in Gansu

种群分支 Population clade	总近交系数 F_{it} Total inbreeding	种群内近交系数 F_{is} Inbreeding with subpopulations	种群间分化系数 F_{st} Fixation index	基因流 N_m Estimation of gene flow
I	0.244 9	0.050 2	0.795 0	0.129 0
II	0.160 7	0.075 3	0.531 4	0.441 0
III	0.132 5	0.018 8	0.857 9	0.082 8
IV	0.187 3	0.075 3	0.598 0	0.336 1
平均值 Average	0.181 4	0.054 9	0.695 6	0.247 2

本研究发现甘肃省苹果蠹蛾种群分布呈现 4 大分支的格局,金塔、肃州、甘州种群聚为一支;兰州七里河种群和敦煌种群聚为一支;临泽、总寨种群聚为一支,此 3 个分支应为同一个入侵来源,其中敦煌与七里河种群遗传多样性最低,表明敦煌种群为最初入侵来源,七里河种群自敦煌传播而来;高台、民勤种群与其他 3 个种群遗传距离相对较远,独立为一支,怀疑为甘肃省苹果蠹蛾的另一个入侵来源,各分支的遗传关系有待于今后采集其他省份及国外种群样本进行遗传多样性分析验证。临泽与甘州、肃州与总寨种群采集点之间的直线距离都只有十几公里,然而几个种群均聚为不同的分支,遗传多样性显示出较大的差异,这与 Chen 和 Dorn^[29]的研究结果一致。Mantel 检测结果表明甘肃 9 个苹果蠹蛾地理种群间的遗传距离与地理距离间无显著相关性,与 Men 等^[34]和李玉婷等^[35]的研究结果一致。本研究采样点均分布在国道省道附近,敦煌与七里河种群地理距离最远,七里河种群发现报道最晚,两者遗传关系最近,推测两地是全省重要的旅游中心及交

通枢纽,也进一步印证了苹果蠹蛾更多是通过借助外力进行点对点传播扩散的可能性。

综上,可以判定 9 个苹果蠹蛾种群在甘肃省内已经形成一定程度的遗传分化,入侵扩散以人为传播为主,总体趋势并非自西向东,而是随外部介质的点对点的随机传播扩散。目前,甘肃省河西地区果品产业规模相对较小,东部果区作为黄土高原苹果优势产区之一,在当地已经形成区域特色支柱产业,在兰州以东尚未有苹果蠹蛾发生的相关报道,因此,苹果蠹蛾的防控阻截显得尤为重要,应该遵循以下策略:在苹果蠹蛾危害区,进一步强化果农对苹果蠹蛾危害严重性的认识与宣贯,做到发现疫情消灭疫情;全省范围内开展苹果蠹蛾在其他寄主上发生的监测与测报;进一步强化疫区果品运输的检验检疫,严防苹果蠹蛾进入非疫区。

参考文献

[1] Shel'deshova G G. Ecological factors determining distribution of the codling moth *Laspeyresia pomonella* L. in the Northern

- and Southern Hemispheres [J]. *Entomological Review*, 1967, 46: 349–361.
- [2] Franck P, Reyes M, Olivares J, et al. Genetic differentiation in the codling moth: comparison between microsatellite and insecticide resistant markers [J]. *Molecular Ecology*, 2007, 16: 3554–3564.
- [3] 张学祖. 苹果蠹蛾(*Carpocapsa pomonella* L.)在我国的新发现[J]. *昆虫学报*, 1957, 7(4): 467–472.
- [4] 王春林, 王福祥. 苹果蠹蛾疫情防控阻截动态及思考[J]. *植物保护*, 2009, 35(2): 102–104.
- [5] 中华人民共和国农业部. 第 1216 号:《全国农业植物检疫性有害生物名单》和《应施检疫的植物及植物产品名单》[EB/OL]. http://www.moa.gov.cn/ztl/gjzwbhgy/tjxx/201205/t20120506_2617762.htm, (2012–05).
- [6] 蔡青年, 赵欣, 胡远. 苹果蠹蛾入侵的影响因素及检疫调控措施[J]. *中国农学通报*, 2007, 23(11): 279–283.
- [7] 杨瑞. 苹果蠹蛾 *Cydia pomonella* (L.) 在中国的适生性研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2008.
- [8] 魏玉红, 罗进仓, 周昭旭, 等. 甘肃省苹果蠹蛾卵的空间分布格局[J]. *应用昆虫学报*, 2012, 49(1): 49–53.
- [9] 周昭旭, 罗进仓, 陈明. 苹果蠹蛾的生物学特性及消长动态[J]. *植物保护*, 2008, 34(4): 111–114.
- [10] 杨富银, 陈明, 罗进仓, 等. 不同食料对苹果蠹蛾生长发育和繁殖的影响[J]. *植物保护*, 2009, 35(5): 62–64.
- [11] 刘月英, 罗进仓, 周昭旭, 等. 甘肃张掖地区苹果蠹蛾发育起点温度和有效积温的研究[J]. *植物保护*, 2011, 37(6): 183–185.
- [12] 林伟, 林长军, 庞金. 生态因子在苹果蠹蛾地理分布中的作用[J]. *植物检疫*, 1996, 10(1): 1–7.
- [13] 林伟丽, 于江南, 薛光华. 苹果蠹蛾空间分布型及数学消长模型研究[J]. *新疆农业大学学报*, 2007, 30(1): 40–43.
- [14] 朱银飞, 马荣, 张卫星, 等. 苹果蠹蛾成虫对不同波长黑光灯的趋性研究初探[J]. *新疆农业大学学报*, 2010, 33(6): 506–508.
- [15] 徐婧, 杜磊, 秦天军, 等. 苹果蠹蛾成虫在苹果园中的动态分布[J]. *应用昆虫学报*, 2012, 49(1): 80–88.
- [16] 石磊, 陈明, 罗进仓. 3 种性诱捕器诱捕苹果蠹蛾效果比较及成虫的时序动态变化[J]. *甘肃农业大学学报*, 2009, 44(1): 115–117.
- [17] 杨建强, 赵骁, 严勇敢, 等. 7 种药剂对苹果蠹蛾的防治效果[J]. *西北农业学报*, 2011, 20(9): 194–196.
- [18] 阿地力·沙塔尔, 陶万强, 张新平, 等. 5 种引诱剂田间诱捕苹果蠹蛾效果比较[J]. *西北农业学报*, 2011, 20(3): 203–206.
- [19] 郑春寒, 刘强, 李坚, 等. 苹果蠹蛾颗粒体病毒张掖株(CypoGV-zy)的室内毒力测定[J]. *西北林学院学报*, 2011, 26(3): 121–123.
- [20] 蔡明. 苹果蠹蛾传入辽宁省的风险及阻截对策[J]. *植物检疫*, 2010, 24(2): 34–36.
- [21] 张丽, 杨勤民, 张福进, 等. 苹果蠹蛾对山东苹果主产区潜在风险分析[J]. *中国植保导刊*, 2011, 31(11): 45–47.
- [22] 冯纪年, 门秋雷, 董昆. 基于 CO I 基因的苹果蠹蛾 *Cydia pomonella* (L.) 地理种群遗传差异及扩散路径研究[C]//第三届全国生物入侵大会论文摘要集“全球变化与生物入侵”海南海口[出版者不详], 2010: 55.
- [23] 门秋雷, 陈茂华, 张雅林, 等. 中国疫区内苹果蠹蛾微卫星位点的扩增稳定性及遗传多样性[J]. *植物保护学报*, 2012, 39(4): 341–346.
- [24] 李玉婷, 王康, 郑燕, 等. 甘肃河西走廊苹果蠹蛾种群遗传分化研究—基于 CO I 基因序列分析[J]. *西北农林科技大学学报* (自然科学版), 2013, 41(9): 85–90.
- [25] Timm A E, Geertsema H, Warnich L. Gene flow among *Cydia pomonella* (Lepidoptera: Tortricidae) geographic and host populations in South Africa [J]. *Journal of Economic Entomology*, 2006, 99(2): 341–348.
- [26] Espinoza J L, Fuentes-Contreras E, Barros W, et al. Utilización de microsatélites para la determinación de la variabilidad genética de la polilla de la manzana *Cydia pomonella* L. (Lepidoptera: Tortricidae) en Chile central [J]. *Agricultura Técnica (Chile)*, 2007, 67: 244–252.
- [27] Franck P, Guérin F, Loiseau A, et al. Isolation and characterization of microsatellite loci in the codling moth *Cydia pomonella* L. (Lepidoptera, Tortricidae) [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2005, 5(1): 99–102.
- [28] Fuentes-Contreras E, Espinoza J L, Lavandero B, et al. Population genetic structure of codling moth (Lepidoptera: Tortricidae) from apple orchards in central Chile [J]. *Journal of Economic Entomology*, 2008, 101(1): 190–198.
- [29] Chen M H, Dorn S. Microsatellites reveal genetic differentiation among populations in an insect species with high genetic variability in dispersal, the codling moth, *Cydia pomonella* (L.) (Lepidoptera: Tortricidae) [J]. *Bulletin of Entomological Research*, 2010, 100(1): 75–85.
- [30] Zhou Y, Gu H N, Dorn S. Isolation of microsatellite loci in the codling moth, *Cydia pomonella* (Lepidoptera: Tortricidae) [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2005, 5(2): 226–227.
- [31] Rohlf F J. NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. [M]. Version 2.1 New York: Exeter Publishing, Setauket, 2001.
- [32] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. *American Journal of Human Genetics*, 1980, 32(3): 314–331.
- [33] Wright S. Evolution and the genetics of populations. Volume 4: Variability within and among natural populations [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978.
- [34] Men Qiulei, Chen Maohua, Zhang Yalin, et al. Genetic structure and diversity of a newly invasive species, the codling moth, *Cydia pomonella* (L.) (Lepidoptera: Tortricidae) in China [J]. *Biological Invasions*, 2013, 15(2): 447–458.
- [35] 李玉婷. 基于线粒体基因标记的我国苹果蠹蛾遗传多样性与入侵来源分析[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2013.

(责任编辑: 杨明丽)