

邓海娟,郑斯竹,高 渊,等. 基于 mtDNA *COI* 基因的皮蠹科三属的系统发育研究[J]. 江苏农业科学,2014,42(3):23-26.

基于 mtDNA *COI* 基因的皮蠹科三属的系统发育研究

邓海娟,郑斯竹,高 渊,陈云芳,赵毓郎,葛华林,詹国辉

(苏州出入境检验检疫局,江苏苏州 215021)

摘要:下载整理了 NCBI 上公布的相关序列,通过 mtDNA *COI* 基因 620 bp 片段序列对皮蠹科斑皮蠹属、皮蠹属、圆皮蠹属 3 个属共 30 个分析对象的 *COI* 基因序列进行分析并构建分子系统树,结合形态学特征分析这 3 个属的分子系统发育关系。结果显示,mtDNA *COI* 基因可以作为皮蠹科昆虫生物系统发育分子水平上的依据,为今后深入开展皮蠹科分子系统进化研究奠定一定的理论基础。

关键词:斑皮蠹属;皮蠹属;圆皮蠹属;mtDNA *COI* 基因;遗传距离;分子系统树

中图分类号: Q969.492.503 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2014)03-0023-04

皮蠹科(Dermestidae)隶属于鞘翅目皮蠹总科,包括 6 亚科 34 属,约 700 种,分布在世界各地,我国已知 8 属约 40 种,遍布全国各地。该科昆虫多为小型甲虫,生活隐蔽,繁殖力强,食性广,可取食动物尸体、羽毛、水产品、皮张、药材等各种储藏物,是具有重要检疫意义的储藏物害虫^[1-2]。昆虫的 mtDNA 是一种闭合的双链环状遗传物质,稳定性高,大小一般为 15.4~16.3 kb,以高拷贝数存在于线粒体内,检测样品无论是完整还是残缺,均可通过测定 mtDNA 序列进行鉴别^[3]。mtDNA 进化速率较核 DNA 更快,且为母系遗传,在遗传过程中不会发生基因重组、倒位、易变等突变,是动物种内不同地理种群间相对保守又有一定变异的序列,即使是亲缘关系很近的类群也存在几个百分比的差异,所以常被用来反映种群遗传变异信息,被广泛应用于不同分类阶元的分子系统学研究^[4]。皮蠹科昆虫是十分重要的储藏物害虫,我国口岸多有截获。该科昆虫分类地位一直存在争议,准确进行种类鉴定对检验检疫口岸工作具有重要意义。因此,本研究对

皮蠹科下斑皮蠹属(*Trogoderma*)、皮蠹属(*Dermestes*)、圆皮蠹属(*Anthrenus*)3 个属共计 30 个分析对象的 *COI* 基因序列进行分析,并构建出不同的分子系统发育树,以期在分子水平对这 3 个属的系统发育关系进行探讨。

1 材料与方法

1.1 分析对象及序列信息

分析对象共计 30 个,序列均从 GenBank 下载,信息见表 1。

1.2 DNA 序列数据的处理

应用 Mega 5.0 软件进行序列比对、拼接和剪切。将比对结果进行序列组成分析,基于 Kimura 2-parameter 模型计算各分类单元之间的遗传距离及其标准差、序列碱基组成、保守位点、变异位点、转换/颠换比值等^[5]。应用 Mega 5.0 软件,使用邻接法(NJ)、最大简约法(MP)和最大似然法(ML)分别构建分子系统树,1 000 次循环估计系统树中节点的自举置信水平,碱基转换和颠换赋予相同的加权值。

2 结果与分析

2.1 mtDNA *COI* 基因序列组成和变异

应用 Mega 5.0 软件对 30 个分析对象的 *COI* 基因序列进行比对剪裁,得到 620 bp 大小的序列片段进行分析。所有分析对象的 *COI* 基因的 620 个位点中没有插入、缺失现象,其中共有 104 个保守位点,502 个变异位点,265 个简约信

收稿日期:2013-08-01

基金项目:国家科技支撑计划(编号:2012BAK11B03);江苏出入境检验检疫局科技项目(编号:2012KG55、2013KJ55)。

作者简介:邓海娟(1983—),女,内蒙古锡林浩特人,硕士,农艺师,从事森林保护学工作。Tel:(0512)62825386;E-mail:hajuan_deng@163.com。

通信作者:詹国辉(1976—),男,博士,从事进出境植物检疫技术工作。Tel:(0512)62825386;E-mail:zhangh2@jsci.gov.cn。

[14]石晓卫. 黄淮山羊骨形态发生蛋白 4(*BMP4*)基因的克隆与表达[D]. 兰州:甘肃农业大学,2008.

[15]马庆军,党耕町,马大龙,等. 人骨形态发生蛋白-2 的基因重组及其在大肠杆菌中的表达[J]. 中华医学杂志,1998,78(4):68-70.

[16]张宏斌,张 余,付 娜,等. 重组人 BMP-2 基因克隆及原核表达[J]. 医学分子生物学志,2008,5(6):512-514.

[17]Li C, Zhan X Q, Li M Y, et al. Proteomic comparison of two-dimensional gel electrophoresis profiles from human lung squamous carcinoma and normal bronchial epithelial tissues[J]. Beijing Genomics Institute, 2003, 1(1):58-67.

[18]李 荣. 内蒙古绒山羊 *BMP-4*, *BMP-1B* 基因 cDNA 的克隆及 *BMP-1B* 在皮肤毛囊中的表达[D]. 呼和浩特:内蒙古农

业大学,2007.

[19]Burt D W, Law A S. Evolution of the transforming growth factor- β superfamily[J]. Progress in Growth Factor Research, 1994, 5(1):99-107.

[20]石晓卫,刘 燕. 黄淮山羊骨形态发生蛋白 4 结构与功能分析[J]. 中国草食动物,2011,31(4):12-15.

[21]储明星,周文然,孙少华,等. 小尾寒羊 *BMP4* 基因多态性及其与高繁殖力关系的研究[J]. 农业生物技术学报,2008,16(2):237-241.

[22]徐业芬,李齐发,李二林,等. 湖羊 *BMP2*, *BMP4*, *BMP6* 和 *BMP7* 基因 mRNA 表达水平与排卵数关系的研究[J]. 中国农业科学,2009,42(10):3655-3661.

表 1 分析对象及其基因序列信息

名称	GenBank 登录号
秘鲁皮蠹(<i>D. peruvianus</i>)	HQ165220.1
谷斑皮蠹(<i>T. granarium</i>)	HQ419105.1
谷斑皮蠹(2)	HQ419105.1
谷斑皮蠹(3)	FJ589736.1
谷斑皮蠹(4)	HQ419089.1
谷斑皮蠹(5)	HQ419097.1
谷斑皮蠹(6)	JN872147.1
谷斑皮蠹(7)	HQ419089.1
谷斑皮蠹(8)	FJ589736.1
谷斑皮蠹(9)	JN872146.1
谷斑皮蠹(10)	JN872148.1
小圆皮蠹(<i>A. verbasci</i>)(3)	HQ165582.1
小圆皮蠹(4)	HQ419076.1
小圆皮蠹(6)	KC407714.1
地毯圆皮(<i>A. scrophulariae</i>)	EF213950.1
皮蠹属(2)	HQ419077.1
皮蠹属(3)	HQ419079.1
皮蠹属(4)	HQ419093.1
皮蠹属(5)	HQ419083.1
皮蠹属(6)	HQ419085.1
<i>Trogoderma</i> sp.(7)	HQ419087.1
皮蠹属(8)	HQ419091.1
皮蠹属(9)	HQ419100.1
皮蠹属(10)	HQ419109.1
皮蠹属(11)	HQ419099.1
皮蠹属(12)	HQ419095.1
皮蠹属(13)	HQ419081.1
皮蠹属(14)	HQ419101.1
花斑皮蠹(<i>T. variabile</i>)	HQ419111.1

息位点,保守位点占 16.77%,变异位点占 80.97%,简约信息位点占 42.74%。A、T、C、G 的平均含量分别为 32.3%、31.7%、22.1%、13.9%,A + T 含量较高,为 64.0%。第 3 位点的 A + T 含量最高,达到 73.9%;G 的含量最低,平均为 4.0%,在不同种间差异也较大(1.1% ~ 13.6%);A 的含量最高,达到 47.9%,这表明密码子的碱基使用频率存在明显的偏向性,与典型的昆虫线粒体 DNA 碱基组成一致^[6]。

2.2 碱基替换分析

采用 Mega 5.0 软件对分析对象 *COI* 基因序列的替换数进行分析,由结果看出,分析对象 *COI* 基因 620 个核苷酸序列中,核苷酸替换主要发生在密码子第 3 位点上,全体转换/颠换(R)为 20.7。

2.3 遗传距离分析

采用 Mega 5.0,基于 Kimura 2-param eter 模型对分析对象(包括外群)之间的遗传距离进行分析,并采用 Bootstrap 重抽样 1 000 次进行检验,结果见表 2。由表 2 可知,总体平均遗传距离为 1.017,属间遗传距离介于 0.466 ~ 0.784 之间,各种之间遗传距离介于 0 ~ 0.875 之间,与外群之间的遗传距离较大,为 8.176 ~ 8.889,说明皮蠹科 3 个属之间的亲缘关系相对于外群更接近,且基于 *COI* 基因 3 个属间可得到有效区分。

2.4 皮蠹科系统发育树构建

以对粒材小蠹为外群,利用 Mega 5.0 系统发育分析软件对分析对象 mtDNA *COI* 序列进行 NJ、MP、ML 系统发育树构建(图 1、图 2、图 3)。

由构建的 NJ 树(图 1)来看,属于圆皮蠹属中的小圆皮蠹编号为 3、4、6 的 3 个对象位于系统树的一支;圆皮蠹属中的地毯圆皮蠹独立位于系统树的另一支;斑皮蠹属、皮蠹属的样品聚合成另一支,形成 3 大分支格局。从基因序列数据可以看出,圆皮蠹属中的地毯圆皮蠹和小圆皮蠹样品之间的遗传距离为 0.737,皮蠹属中的秘鲁皮蠹与斑皮蠹属各样品之间的最小遗传距离为 0.466,与圆皮蠹属各样品之间的最小遗传距离为 0.784。圆皮蠹属与斑皮蠹属各样品之间的平均遗传距离为 0.59 ~ 0.773。以上结果表明,秘鲁皮蠹与斑皮蠹属各样品之间的遗传距离较近,与圆皮蠹属各样品之间的遗传距离相对较远,这与 NJ 树构建结果相同,符合 NJ 树构建规律。

由构建的 MP、ML 树(图 2、图 3)可以发现,30 个分析对象构建的 MP、ML 系统发育树表现出一致的格局,在这 2 个树中,斑皮蠹属、皮蠹属样品、圆皮蠹属的小圆皮蠹样品聚在一起,圆皮蠹属的地毯圆皮蠹单独聚在另一支。圆皮蠹属位于系统发育树的最外缘,斑皮蠹属的谷斑皮蠹进化速率最快。

从前面的分析来看,昆虫的密码子表现出明显的 A + T 的含量偏向性,特别是在密码子第 3 位,A + T 含量很高,该位点的转换较频繁,并且碱基的替换也主要发生在第 3 位点上,但第 3 位点的转换虽频繁,却很少会引起氨基酸的改变,因此将线粒体 DNA *COI* 全序列翻译成氨基酸序列进行 2 次建树。

在氨基酸序列 NJ 系统发育树中,斑皮蠹属、皮蠹属、圆皮蠹属分别聚为一支,明显好于直接用 *COI* 序列构建的系统树。将各发育树进行比较发现结果基本一致,圆皮蠹属均聚于最外缘(图 4)。

3 结论与讨论

本研究通过下载整理皮蠹科 30 个分析对象的 mtDNA *COI* 序列并构建了不同分子系统发育树,其结果在一定程度上反映了各属之间的进化关系与亲缘关系,秘鲁皮蠹与斑皮蠹属各分析对象之间的遗传距离较近,与圆皮蠹属的遗传距离相对较远,斑皮蠹属较圆皮蠹属进化速率快。当利用 *COI* 基因建树后结果不很理想时,可将 mtDNA 中 *COI* 全序列翻译成氨基酸序列进行 2 次建树再次分析,以达到较好结果。另外,从形态学来看,地毯圆皮蠹复眼内缘凹入,鞘翅具 3 条狭窄的白色横带,翅上以黑色鳞片居多,沿翅缝两侧尚有红色鳞片形成的纵带。而小圆皮蠹复眼内缘不凹入,鞘翅上有 3 条由黄色及白色鳞片构成的波状横带,体背面密生长三角形端部钝的鳞片,二者虽同属,却差别明显,系统进化树同样也验证了这点,两者的遗传距离为 0.737 (>0.02),达到分子水平不同种的鉴定要求。

目前,NCBI 上公布的皮蠹科昆虫 mtDNA *COI* 基因较少,虽然本研究涉及的皮蠹种类不多,但其研究结果在一定程度上说明了 mtDNA *COI* 基因作为遗传标记应用于皮蠹科系统分类研究是可行的方法之一。在下一步的研究中可增加标本的数量,以增强分类单元的代表性,通过研究 mtDNA *COI* 基因全序列以及其他分子标记基因,使其包含更多的信息量,为皮蠹科不同阶元的分类提供更多的分子生物学证据。

表 2 皮蠹科 30 个分析对象 COI 基因 Kimura-2 参数校正距离(下三角)和标准差(上三角)

属名、种名	校正距离(下三角)和标准差(上三角)															花斑皮蠹															
	谷斑皮蠹(10)	秘鲁皮蠹	小圆皮蠹(6)	小圆皮蠹(4)	小圆皮蠹(3)	地毯圆皮蠹	谷斑皮蠹(2)	谷斑皮蠹(1)	谷斑皮蠹(3)	谷斑皮蠹(4)	谷斑皮蠹(5)	谷斑皮蠹(6)	谷斑皮蠹(7)	谷斑皮蠹(8)	谷斑皮蠹(9)		皮蠹属	皮蠹属(2)	皮蠹属(3)	皮蠹属(4)	皮蠹属(5)	皮蠹属(6)	皮蠹属(7)	皮蠹属(8)	皮蠹属(9)	皮蠹属(10)	皮蠹属(11)	皮蠹属(12)	皮蠹属(13)	皮蠹属(14)	花斑皮蠹
对材料小蠹	36.759	29.630	28.628	28.628	28.628	28.064	36.647	36.647	36.647	36.759	36.759	36.759	36.643	36.643	36.647	29.930	36.166	28.845	29.930	29.855	36.487	33.340	33.340	36.920	29.905	37.636	33.269	34.552	35.082	38.894	
谷斑皮蠹(10)	8.649	2.560	2.509	2.509	2.724	0.006	0.006	0.006	0.003	0.003	0.003	0.003	0.004	0.004	0.005	2.013	1.855	2.166	2.013	2.008	1.847	1.777	1.777	1.582	2.152	1.964	1.779	2.136	1.722	1.695	
秘鲁皮蠹	8.411	0.656	3.002	3.002	3.469	2.558	2.558	2.556	2.556	2.557	2.557	2.557	2.557	2.557	2.557	2.208	2.719	2.474	2.208	2.203	2.256	2.848	2.848	2.570	2.209	2.563	2.860	2.400	2.404	2.441	
小圆皮蠹(6)	8.176	0.691	0.784	0.000	0.000	2.797	2.512	2.512	2.512	2.512	2.512	2.512	2.513	2.513	2.513	2.523	2.687	2.691	2.523	2.519	2.428	2.270	2.270	2.436	2.382	2.272	2.255	2.697	2.887	2.535	
小圆皮蠹(4)	8.176	0.691	0.784	0.000	0.000	2.797	2.512	2.512	2.512	2.512	2.512	2.512	2.513	2.513	2.513	2.523	2.687	2.691	2.523	2.519	2.428	2.270	2.270	2.436	2.382	2.272	2.255	2.697	2.887	2.535	
小圆皮蠹(3)	8.176	0.691	0.784	0.000	0.000	2.797	2.512	2.512	2.512	2.512	2.512	2.512	2.513	2.513	2.513	2.523	2.687	2.691	2.523	2.519	2.428	2.270	2.270	2.436	2.382	2.272	2.255	2.697	2.887	2.535	
地毯圆皮蠹	8.231	0.756	0.874	0.737	0.737	2.722	2.722	2.722	2.722	2.722	2.721	2.721	2.722	2.722	2.722	3.102	2.946	2.699	3.102	3.098	2.880	2.714	2.714	2.839	2.680	3.018	2.715	2.954	3.285	2.864	
谷斑皮蠹(2)	8.644	0.014	0.643	0.723	0.723	0.743	0.000	0.000	0.004	0.004	0.004	0.003	0.003	0.002	0.002	2.011	1.856	2.169	2.011	2.005	1.843	1.774	1.774	1.584	2.155	1.966	1.777	2.138	1.725	2.814	
谷斑皮蠹	8.644	0.014	0.643	0.723	0.723	0.743	0.000	0.000	0.004	0.004	0.004	0.003	0.003	0.002	0.002	2.011	1.856	2.169	2.011	2.005	1.843	1.774	1.774	1.584	2.155	1.966	1.777	2.138	1.725	2.814	
谷斑皮蠹(3)	8.644	0.014	0.643	0.723	0.723	0.743	0.000	0.000	0.004	0.004	0.004	0.003	0.003	0.002	0.002	2.011	1.856	2.169	2.011	2.005	1.843	1.774	1.774	1.584	2.155	1.966	1.777	2.138	1.725	2.814	
谷斑皮蠹(4)	8.649	0.006	0.640	0.707	0.707	0.739	0.009	0.009	0.009	0.009	0.009	0.000	0.000	0.002	0.002	2.011	1.857	2.169	2.011	2.005	1.844	1.775	1.775	1.584	2.155	1.967	1.777	2.138	1.726	2.814	
谷斑皮蠹(5)	8.649	0.006	0.640	0.707	0.707	0.739	0.009	0.009	0.009	0.009	0.000	0.000	0.002	0.002	0.003	2.011	1.857	2.169	2.011	2.005	1.844	1.775	1.775	1.584	2.155	1.967	1.777	2.138	1.726	2.814	
谷斑皮蠹(6)	8.649	0.006	0.640	0.707	0.707	0.739	0.009	0.009	0.009	0.009	0.000	0.000	0.002	0.002	0.003	2.011	1.857	2.169	2.011	2.005	1.844	1.775	1.775	1.584	2.155	1.967	1.777	2.138	1.726	2.814	
谷斑皮蠹(7)	8.647	0.009	0.649	0.717	0.717	0.749	0.006	0.006	0.006	0.006	0.003	0.003	0.003	0.000	0.000	2.011	1.857	2.169	2.011	2.006	1.844	1.774	1.774	1.584	2.155	1.967	1.777	2.139	1.726	2.814	
谷斑皮蠹(8)	8.647	0.009	0.649	0.717	0.717	0.749	0.006	0.006	0.006	0.006	0.003	0.003	0.003	0.000	0.002	2.011	1.857	2.169	2.011	2.006	1.844	1.774	1.774	1.584	2.155	1.967	1.777	2.139	1.726	2.814	
谷斑皮蠹(9)	8.644	0.011	0.649	0.717	0.717	0.743	0.003	0.003	0.003	0.006	0.006	0.006	0.003	0.003	2.011	1.857	2.169	2.011	2.006	1.844	1.775	1.775	1.584	2.155	1.967	1.777	2.139	1.726	2.815		
皮蠹属	8.389	0.588	0.584	0.667	0.667	0.760	0.588	0.588	0.588	0.574	0.574	0.574	0.582	0.582	2.078	1.946	0.002	0.003	2.170	1.952	1.952	1.952	1.857	2.157	2.304	1.949	2.282	1.812	2.111		
皮蠹属(2)	8.635	0.473	0.690	0.653	0.653	0.727	0.480	0.480	0.480	0.475	0.475	0.475	0.475	0.475	0.584	2.227	2.074	2.069	2.195	1.814	1.814	1.814	1.814	2.270	2.414	2.126	1.826	2.225	2.120	2.255	
皮蠹属(3)	8.446	0.534	0.549	0.696	0.696	0.656	0.549	0.549	0.549	0.536	0.536	0.544	0.544	0.544	0.535	1.946	1.939	31.433	1.545	1.545	1.545	1.545	1.457	37.147	1.704	1.397	1.966	1.534	2.124		
皮蠹属(4)	8.389	0.588	0.584	0.667	0.667	0.760	0.588	0.588	0.588	0.574	0.574	0.574	0.582	0.582	2.078	1.946	0.002	0.003	2.170	1.952	1.952	1.952	1.857	2.154	2.304	1.953	2.282	1.812	2.111		
皮蠹属(5)	8.349	0.579	0.574	0.662	0.662	0.747	0.579	0.579	0.579	0.565	0.565	0.565	0.573	0.573	2.166	1.950	1.950	1.852	1.852	1.852	1.852	1.852	1.852	1.852	1.852	1.852	1.852	1.852	1.852	2.106	
皮蠹属(6)	8.811	0.510	0.466	0.661	0.661	0.687	0.495	0.495	0.495	0.497	0.497	0.497	0.490	0.490	0.490	0.521	0.501	0.366	0.521	0.513	1.617	1.617	1.617	3.945	1.969	1.738	1.636	1.829	2.245	1.935	
皮蠹属(7)	8.476	0.511	0.763	0.604	0.604	0.632	0.491	0.491	0.491	0.498	0.498	0.498	0.491	0.491	0.486	0.533	0.496	0.426	0.541	0.532	0.413	0.000	0.000	2.683	1.878	1.261	0.005	1.404	1.490	2.150	
皮蠹属(8)	8.476	0.511	0.763	0.604	0.604	0.632	0.491	0.491	0.491	0.498	0.498	0.498	0.491	0.491	0.486	0.533	0.496	0.426	0.541	0.532	0.413	0.000	2.683	1.878	1.261	0.005	1.404	1.490	2.150		
皮蠹属(9)	8.769	0.499	0.608	0.619	0.619	0.692	0.501	0.501	0.501	0.501	0.501	0.501	0.501	0.501	0.495	0.447	0.557	0.365	0.447	0.439	0.372	0.388	0.388	1.950	1.464	1.274	1.967	0.530	2.570		
皮蠹属(10)	8.584	0.627	0.529	0.576	0.576	0.713	0.650	0.650	0.650	0.650	0.636	0.636	0.644	0.644	0.644	0.542	0.617	0.398	0.534	0.535	0.477	0.482	0.482	0.472	2.975	1.880	2.562	2.090	2.061		
皮蠹属(11)	8.913	0.556	0.723	0.581	0.581	0.735	0.571	0.571	0.571	0.558	0.558	0.558	0.566	0.566	0.566	0.497	0.508	0.384	0.497	0.488	0.465	0.421	0.421	0.422	0.350	1.261	0.306	1.841	2.118		
皮蠹属(12)	8.473	0.511	0.785	0.579	0.579	0.632	0.491	0.491	0.491	0.498	0.498	0.498	0.491	0.491	0.486	0.526	0.510	0.420	0.533	0.525	0.439	0.011	0.011	0.388	0.482	0.421	1.374	1.493	2.148		
皮蠹属(13)	8.889	0.557	0.644	0.684	0.684	0.785	0.573	0.573	0.573	0.559	0.559	0.559	0.567	0.567	0.567	0.630	0.617	0.493	0.630	0.641	0.500	0.478	0.478	0.549	0.447	0.390	0.471	1.591	2.302		
皮蠹属(14)	8.523	0.403	0.590	0.739	0.739	0.739	0.875	0.409	0.409	0.409	0.404	0.404	0.404	0.404	0.404	0.505	0.481	0.380	0.505	0.497	0.358	0.388	0.388	0.368	0.525	0.477	0.382	0.448	1.541		
花斑皮蠹	8.486	0.436	0.589	0.727	0.727	0.727	0.703	0.430	0.430	0.430	0.430	0.430	0.430	0.430	0.425	0.587	0.404	0.500	0.587	0.577	0.421	0.513	0.513	0.408	0.612	0.543	0.513	0.602	0.446		

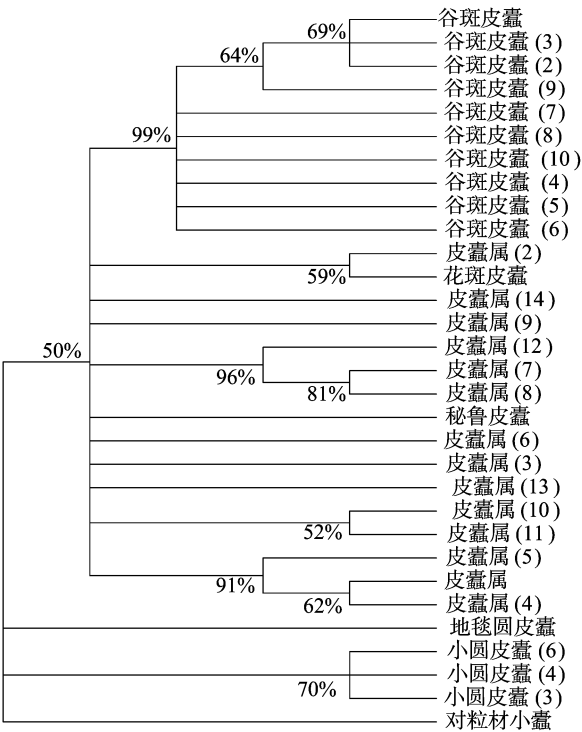


图1 皮蠹科 30 个分析对象 mtDNA COI/序列 NJ 系统发育树

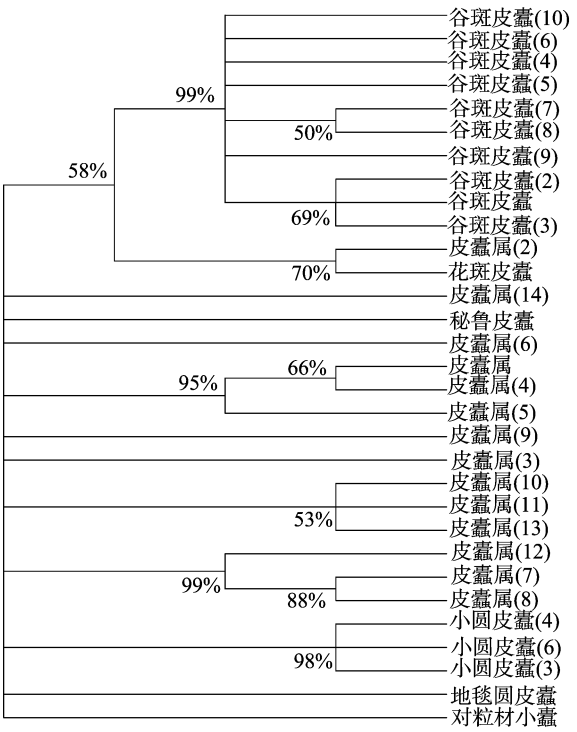


图3 皮蠹科 30 个分析对象 mtDNA COI/序列 ML 系统发育树

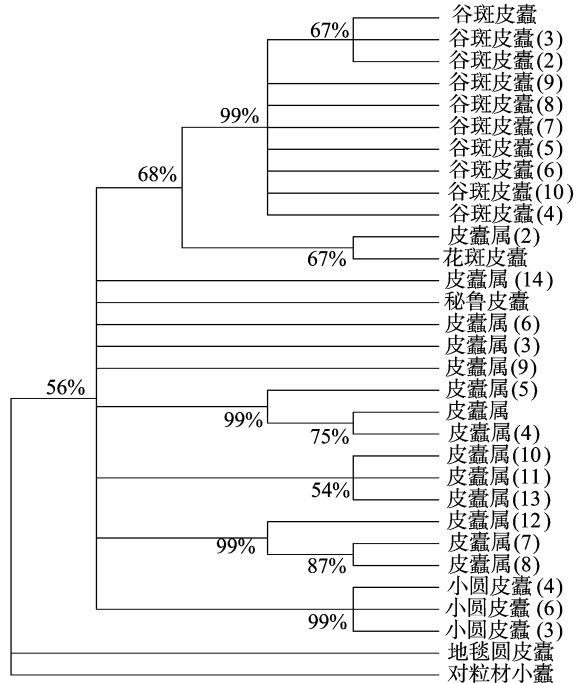


图2 皮蠹科 30 个分析对象 mtDNA COI/序列 MP 系统发育树

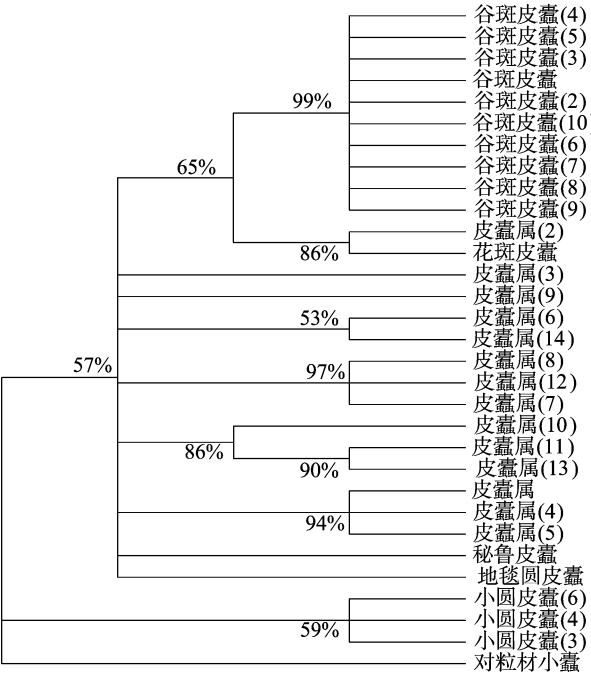


图4 皮蠹科 30 个分析对象 mtDNA COI/氨基酸序列 NJ 系统发育树

参考文献:

[1] 张生芳, 陈洪俊, 薛光华. 储藏物甲虫彩色图鉴[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2008: 20.

[2] 张生芳, 刘永平, 武增强. 中国储藏物甲虫[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 1998: 100 - 101.

[3] 刘 聪, 蒋 湘, 班丽萍. 斑皮蠹属害虫鉴别方法研究进展[J]. 植物检疫, 2012, 26(4): 60 - 64.

[4] 王银竹, 余道坚, 张润杰, 等. 基于 mtDNA COI 基因的十种长小蠹分子系统进化研究[J]. 昆虫学报, 2010, 53(4): 457 - 463.

[5] Tamura K, Peterson D, Peterson N, et al. Mega5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(10): 2731 - 2739.

[6] Liu H, Beckenbach A T. Evolution of mitochondrial cytochrome oxidase II gene among the orders of insects[J]. Mol Phylogene Evol, 1992, 1(1): 41 - 52.