

禹海鑫,安榆林,郭骁驹,等. 不同种类白条天牛基因条形码特征与系统发育初探[J]. 江苏农业科学,2017,45(13):90-94.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2017.13.025

不同种类白条天牛基因条形码特征与系统发育初探

禹海鑫¹, 安榆林², 郭骁驹¹, 孙氏琴¹, 徐 宁¹, 杨晓军², 徐 梅², 冉俊祥¹
(1. 南通出入境检验检疫局, 江苏南通 226004; 2. 江苏出入境检验检疫局, 江苏南京 210009)

摘要:白条天牛属的天牛是一类严重危害多种林木的蛀干害虫。为了丰富白条天牛属线粒体 *CO I* 基因数据库, 探索该属各种类的系统发育关系, 以利于用 *CO I* 基因作 DNA 条形码快速准确地鉴定白条天牛种类。应用 PCR 技术扩增 3 种白条天牛标本的 *CO I* 序列, 并与 GenBank 记录的 4 种白条天牛 *CO I* 序列进行比对, 以分析其序列组成变异及碱基替换规律, 最后利用 MEGA 5.0 构建系统进化树。结果显示, 白条天牛的亲缘关系与地理分布有关, 同一国家的白条天牛之间的亲缘关系较近, 不同国家的白条天牛之间的亲缘关系较远。

关键词:白条天牛; *CO I* 基因; 基因条形码; 系统发育关系

中图分类号: S433.5 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2017)13-0090-04

沟胫天牛亚科 (Laniinae) 隶属于鞘翅目 (Coleoptera) 天牛科 (Cerambycidae), 是天牛科种类数目最多的一个亚科, 全世界已知种类大约 20 000 种。其中白条天牛属 (*Batocera*) 昆虫是该亚科内十分重要的一类林木害虫, 它的幼虫钻蛀取食树木的树干及枝条的木质部、韧皮部, 可危害柳树、苹果树、栎树、杨树等多个阔叶树种, 给农林业生产造成极大的经济损失^[1-2]。全世界白条天牛种类约有 60 种, 广泛分布在非洲、澳大利亚、亚洲和东欧地区。我国约有 12 种, 包括锈斑白条天牛 (*B. numitor* Newman)、麻栎白条天牛 (*B. quercinea* Wang et Zhang) 等^[2-3]。除上述 12 种外, 余下约 50 种在我国是没有分布的, 被 2007 年发布的《进境植物检疫性有害生物名录》列为我国检疫性昆虫^[2]。

近年来, 随着我国外向型经济的持续发展, 原木和木质包装进出口数量剧增, 我国多个口岸在进境木材检疫查验中截获了白条天牛。例如, 2009 年乍浦口岸检疫人员从马来西亚进境原木中首次截获托氏白条天牛 (*B. thomsoni*)^[4]。2012 年张家港口岸从巴布亚新几内亚原木中截获白条天牛 *B. laena*^[5]。另据相关媒体报道, 2013 年张家港口岸从非洲原木中截获到白条天牛 *B. wylliei*^[6]。2014 年, 吴江口岸在进境原木中截获了婆罗白条天牛 (*B. tigris*)^[7]。

目前, 昆虫种类鉴定以形态学鉴定为主, 但可用于形态比较的特征数量有限且不稳定, 同时国门口岸截获的昆虫往往是以卵、幼虫、蛹或肢体残缺虫态出现, 传统的形态学鉴定方法显然不适用^[8]; 因此, 需要探索新方法来解决传统形态学鉴定中遇到的困境。随着分子试验技术的迅猛发展, 利用 DNA 序列研究遗传进化、系统发育及种类鉴定已经成为昆虫学研究的热点。其中, 基于线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I

(mtDNA *CO I*) 基因序列的 DNA 条形码技术是当前相对成熟的分子鉴定技术^[9]。花婧等通过此技术对大小蠹属 17 个种进行了分子鉴定^[10]。Stauffer 等利用该技术, 实现了对欧洲 7 种齿小蠹的快速鉴定^[11]。

本研究对已获得的 6 种白条天牛的 *CO I* 基因片段进行测序和对比, 分析这些 *CO I* 序列 (即 DNA 条形码) 的特征及遗传系统发育关系, 以获得能准确鉴定白条天牛种类的分子方法, 为研究其他天牛种类的分子鉴定方法提供有益参考^[12]。

1 材料与方法

1.1 昆虫标本

本试验所用的标本由南通出入境检验检疫局有害生物检疫实验室提供, 包括锈斑白条天牛 (*B. davidis*)、橙斑白条天牛 (*B. numitor*)、印尼白条天牛 (*B. celebiana*) 3 种白条天牛, 所有天牛标本均经国内天牛专家安榆林研究员鉴定。标本来源与采集时间如表 1 所示。另外, 从 GenBank 网站获得 4 种白条天牛共 7 条 *CO I* 序列 (表 2) 用于比对。其中, 印尼白条天牛 (*B. celebiana*) 是在我国没有分布的国外种类, 余下 3 种天牛在我国均有分布。

表 1 供试标本的来源及采集时间		
种类	来源	采集时间 (年-月)
锈斑白条天牛 (<i>B. numitor</i>)	云南	2014-10
橙斑白条天牛 (<i>B. davidis</i>)	广西	2014-04
印尼白条天牛 (<i>B. celebiana</i>)	印度尼西亚	2013-05

表 2 7 条白条天牛 <i>CO I</i> 序列 GenBank 登录号	
种名	GenBank 登录号
多斑白条天牛 (<i>B. horsfieldi</i> 1)	KF737820.1
多斑白条天牛 (<i>B. horsfieldi</i> 2)	DQ224240.1
多斑白条天牛 (<i>B. horsfieldi</i> 3)	JQ904874.1
云斑白条天牛 (<i>B. lineolata</i> 1)	FJ559067.1
云斑白条天牛 (<i>B. lineolata</i> 2)	JN986793.1
黄八星白条天牛 (<i>B. rubus</i>)	FJ559005.1
印尼白条天牛 (<i>B. celebiana</i>)	AB4391.37.1

收稿日期: 2016-03-18
基金项目: 江苏省出入境检验检疫局科技计划项目 (编号: 2014KJ48)。
作者简介: 禹海鑫 (1984—), 男, 河南泌阳人, 博士, 农艺师, 主要从事植物检疫、昆虫分类和昆虫分子化学生态学研究。Tel: (0513) 68588180; E-mail: haixin.007@163.com。

1.2 提取基因组 DNA

采用从北京金麦格生物技术有限公司购买的 GenMagBio 动物细胞组织/细胞基因组 DNA 磁珠提取试剂盒提取各样品的基因组 DNA。提取方法:用双蒸水冲洗 100% 乙醇浸泡的天牛肌肉组织(应少于 30 mg),转入 1.5 mL 离心管中,置于 MM400 球磨仪研磨 30 s (30 次/s)后,12 000 r/min 离心 10 min。离心后加 180 mL 裂解缓冲液及 20 mL Proteinase K,于 55 °C 水中温浴 10 min。再加 200 mL 无水乙醇、200 mL 缓冲液、20 mL 磁珠,用磁珠来吸附基因组 DNA,然后加 500 mL Wash Buffer 去杂。最后加 20 μ L Elution Buffer,静置 5 min 后洗脱磁珠即得样品的基因组 DNA 溶液^[10,13]。

1.3 CO I 片段扩增和测序

在 ProFlex™ PCR 仪(购自 ABI 公司)上进行 PCR 反应。反应采用 25 μ L 体系,其中 2 μ L MgCl₂ (25 mmol/L), 2.5 μ L 10 \times buffer, 1 μ L dNTPs (2.5 mmol/L), 0.4 μ L rTaq DNA 聚合酶(5 U/ μ L) (购自 TaKaRa 公司), 上、下游引物(10 μ mol/L) (由南京金斯瑞生物科技有限公司合成)各 0.5 μ L, 加灭菌水至 25 μ L。PCR 条件:94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 40 s, 55 °C 退火 30 s, 72 °C 保持 1 min, 设置 35 个循环; 最后在 72 °C 下延伸 10 min。反应完毕将 PCR 产物送到南京金斯瑞生物科技有限公司进行测序^[13-14]。本试验 PCR 反应采用巢式 PCR, 第 1 轮反应引物为 F1、R1, 第 2 轮 PCR 引物为 F2、R2^[13], 各引物序列如表 3 所示。本试验利用巢式 PCR 既降低了扩出多个非目标基因条带的可能性, 也提高了 PCR 检测的准确度和灵敏度^[13,15]。

表 3 巢式 PCR 所用引物序列

引物名称	引物序列(序列方向 5'→3')
F1	TAACACCACATGCTTTAGTA
R1	GGATTGCTCTGAGTATCGTGG
F2	GGAGCATTTGCAATTTCATTACTT
R2	CCCCGTAAAATTAATTATAAACTTC

1.4 序列分析和建树

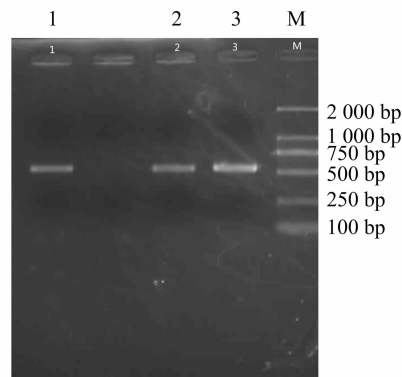
将测得的 CO I 序列导入 SeqMan 分析软件中进行拼接及校正^[16]。利用 NCBI 中的 Blast 工具搜索相似性序列, 以确认序列的方向和可信度。再将所测序列与从 GenBank 上获得的白条天牛序列共同载入 Clustal X 1.83 软件中进行比对^[17]。将序列比对结果导入 MEGA 5.05 软件中^[18]算出白条天牛种类间的转换/颠换(R)、变异位点(V)、保守位点(C)等^[12,14]。最后使用 MEGA 5.05 软件采用邻接法构建系统发

育树, 重复 1 000 次。

2 结果与分析

2.1 DNA 凝胶电泳结果

本试验对 3 种白条天牛样品基因组 DNA 进行巢式 PCR 扩增, 结果(图 1)表明, 3 个样品在 525 bp 处均有清晰明亮、特异性好的条带, 且没有非特异性条带出现, 可满足后续基因测序的需要。



1—锈斑白条天牛(*B. davidis*); 2—橙斑白条天牛(*B. numitor*); 3—印尼白条天牛(*B. celebiana*); M—DL2000 marker

图 1 白条天牛属昆虫标本 CO I 序列扩增结果

2.2 白条天牛 CO I 序列解析

2.2.1 CO I 序列特征 将各序列导入 MEGA 5.05 软件, 均切成同等长度(434 bp)的片段^[15]。结果发现, 共有变异位点、保守位点、自裔位点和简约信息位点分别为 314、120、117、195 个。另外, 统计所有位点碱基的平均含量, 结果显示, A 的平均含量为 29.5%, T 的平均含量为 33.8%, G 的平均含量为 19.0%, C 的平均含量为 17.7%^[12-14]。其中, A 和 T 的含量相当, 且 A + T 的含量为 63.3%, 明显高于 G + C 的含量(36.7%), 显示出了显著的 A + T 碱基偏嗜。这也与昆虫线粒体基因各碱基组成的基本规律相吻合^[15,19]。

2.2.2 碱基替换规律分析 用 MEGA 5.05 软件分析序列各位点碱基替换规律^[20], 结果(表 4)表明, 位点转换主要出现在 C 与 T 之间, 颠换主要出现在 T 与 A 之间, R 的平均值为 0.78。对密码子各位点研究发现, 在第 2 位点上易发生转换和颠换, 且转换值与颠换值相近(R=0.77)。此外, 第 1、第 3 位点的 R 值分别为 0.67、0.91。此结果表明, 序列各位点 R 值均小于 2, 说明该序列转换与颠换未达饱和, 构建系统发育树要充分考虑转换和颠换的发生比率。

表 4 核苷酸碱基替换值

位点	相同碱基对	转换碱基对	颠换碱基对	R 值	TT	TA	TC	CC	TG	CG	CA	AG	AA	GG	CT	AT	AC	GT	GC	GA	总计
第 1 位点	107.00	14.00	21.00	0.67	45.00	5.00	5.00	17.00	4.00	3.00	2.00	3.00	25.00	20.00	3.00	2.00	2.00	2.00	1.00	4.00	142.67
第 2 位点	102.00	17.00	22.00	0.77	32.00	6.00	5.00	19.00	4.00	2.00	2.00	5.00	37.00	14.00	5.00	5.00	1.00	2.00	1.00	2.00	140.73
第 3 位点	102.00	19.00	21.00	0.91	30.00	5.00	4.00	21.00	2.00	2.00	2.00	5.00	33.00	18.00	6.00	6.00	1.00	1.00	1.00	3.00	142.64

2.2.3 CO I 序列比对 将上述白条天牛 CO I 序列录入 MEGA 5.05 软件进行比对, 结果(图 2)表明, 不同种类白条天牛同段 CO I 序列均存在着特定的特异性位点, 表明该序列适用于白条天牛种类的分子鉴定。

2.2.4 建立系统发育树 利用 MEGA 5.05 软件建立白条天牛属系统发育树, 由图 3 可知, *B. horsfieldi* 1 与 *B. horsfieldi* 2 聚为一小支, 且与 *B. horsfieldi* 3 聚为一支; *B. lineolata* 1 与 *B. lineolata* 2 聚为一小支。说明同种类白条天牛个体间均可

[illegible]

图2 白条天牛*COI*基因序列比对图谱

以分别聚为一支,因此,同种类白条天牛可以和其他种类白条天牛较好地区分开来,这也与形态学鉴定结果一致。从整体上看,我国已有分布的 5 种(8 头)白条天牛 *B. rubus*、*B. horsfieldi*、*B. davidis*、*B. lineolata*、*B. numitor* 聚为一大支,而我

国尚未有分布的 1 种(2 头)白条天牛 *B. celebiana* 聚为一支,2 支亲缘关系较远,互为姊妹群。结果表明,白条天牛的亲缘关系与地理分布有关,同一国家白条天牛种类之间的亲缘关系较近,但与其他国家白条天牛种类之间的亲缘关系较远。

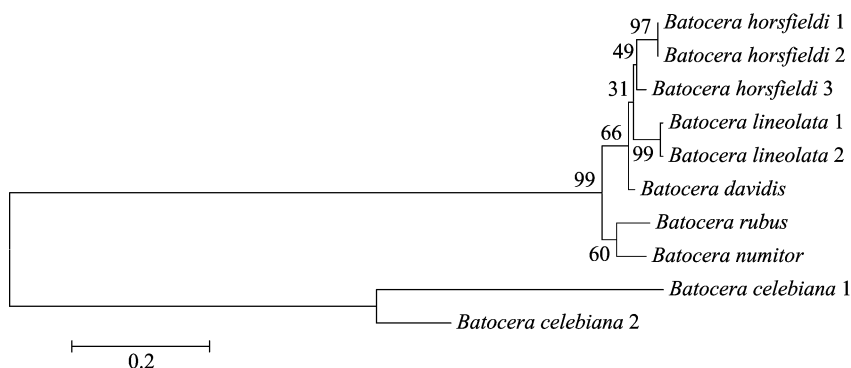


图3 邻接法构建白条天牛属部分种类系统发育树

3 结论与讨论

线粒体 *CO I* 基因含有较多既相对保守又有足够变异的遗传信息位点,常被当作 DNA 条形码用于物种鉴定及系统发育学研究中^[21]。黄丽莉等利用 *CO I* 基因实现了对 6 个不同地理种群茶黄蓟马与其他 4 种常见蓟马的快速鉴定^[22]。李京通过对天牛科 66 种天牛线粒体 *CO I* 基因序列特征及系统发育的研究,初步弄清楚了各类群间亲缘关系的远近^[23]。郑丝竹也对天牛科 5 亚科 160 种天牛进行了 *CO I* 基因序列特征数据库构建,并由此建立了 160 种天牛快速分子鉴定的技术体系^[24]。

近年来,随着我国外向型经济水平的持续提升,各口岸进出口货物量剧增。我国口岸从进口货物中截获的天牛科昆虫种类、数量增多,但这些天牛多以卵、幼虫及蛹虫态和肢体残缺的成虫等形态出现,用传统的形态学方法鉴定存在较大困难。用线粒体 *CO I* 基因片段作 DNA 条形码用于昆虫种类的分子鉴定,极大程度上克服了传统形态学鉴定的缺陷^[25];但是,目前该方法在白条天牛种类鉴定中的应用还未见报道。

本研究通过对 3 种白条天牛 *CO I* 基因序列与 GenBank 中已公开的白条天牛 *CO I* 基因序列进行比对分析,发现该序列既可有效区分白条天牛种类,又能提供丰富的物种亲缘关系信息。建立的系统发育进化树中包含的信息与传统的形态学鉴定结果相符,同时也证实了白条天牛种类间的亲缘关系与地理分布有关。本试验的结果不仅对白条天牛 *CO I* 基因序列的数据库进行了补充和完善,也为下一步将 *CO I* 基因分析方法应用于口岸多种检疫性天牛的种类鉴定及系统发育学研究提供基础。值得关注的是,由于不同的基因含有不同的遗传进化信息,也具有不同的遗传进化速率,因此,在后续的检疫性天牛系统发育学研究中,为了得到更精确的系统发育进化树,还需要在结合多个基因分析、多种成虫、幼虫形态特征及多种建树方法等方面努力。

参考文献:

[1] 刘莹,熊赛,任杰群,等. 中国白条天牛属比较形态学研究(鞘翅目、天牛科、沟胫天牛亚科、白条天牛族)[J]. 动物分类学

报,2012,37(4):701-711.
 [2] 陈乃中. 中国进境植物检疫性有害生物(昆虫卷)[M]. 北京:中国农业出版社,2009:186-194.
 [3] 刘莹. 中国白条天牛族分类及比较形态学研究[D]. 重庆:西南大学,2013.
 [4] 张红英,王学,王凯,等. 马来西亚原木上截获的托氏白条天牛[J]. 植物检疫,2009,23(3):32-34.
 [5] 郑庆伟. 江苏口岸在国内首次截获一种检疫性白条天牛[J]. 农药市场信息,2012(29):1-3.
 [6] 陆军. 江苏省张家港口岸再次截获白条天牛属 *Batocera wyllei* 天牛[EB/OL]. [2016-01-02]. <http://www.cqn.com.cn/news/zjpd/fdt/726446.html>,2013-06-14.
 [7] 刘勇. 吴江国内首次截获检疫性害虫婆罗白条天牛[EB/OL]. [2016-01-02]. http://www.js.xinhuanet.com/2014-08/29/c_1112288094.htm,2014-08-29.
 [8] 刘勇,宋毓,李晓宇. 基于线粒体 *CO I* 基因的 DNA 条形码技术在昆虫分子鉴定中的应用[J]. 植物检疫,2010(2):46-47.
 [9] Hebert P D, Cywinska A, Ball S L, et al. Biological identifications through DNA barcodes[J]. Proceedings Biological Sciences, 2003, 270(1512):313-321.
 [10] 花婧,郑斯竹,安榆林,等. 基于线粒体 *COI* 基因的大小蠹属昆虫 DNA 条形码研究[J]. 江苏农业科学,2014,42(3):30-32.
 [11] Stauffer C. A molecular method for differentiating sibling species within the genus *Ips* [R]. USDA Forest Service General Technical Report,1997:87-91.
 [12] 常虹,郝德君,肖荣堂,等. 基于线粒体 *COI* 基因的齿小蠹属昆虫 DNA 条形码研究[J]. 昆虫学报,2012,55(9):1075-1081.
 [13] 常虹. 口岸截获小蠹科昆虫 DNA 条形码技术研究[D]. 南京:南京林业大学,2013:10-26.
 [14] 常虹,郝德君,肖荣堂,等. 基于线粒体 *CO I* 基因的齿小蠹属昆虫 DNA 条形码研究[J]. 昆虫学报,2012,55(9):1075-1081.
 [15] 郑斯竹,张凯,杨晓军,等. 墨天牛属昆虫 *CO I* 基因比较及系统学初步研究[J]. 应用昆虫学报,2015,52(2):370-381.
 [16] Parchman T L, Geist K S, Grahnen J A, et al. Transcriptome sequencing in an ecologically important tree species: assembly, annotation, and marker discovery[J]. BMC Genomics,2010,11:180.
 [17] Chenna R, Sugawara H, Koike T, et al. Multiple sequence alignment

付佑胜,陈国奇,张惠,等. 丁草胺对水稻后茬作物幼苗生长的影响[J]. 江苏农业科学,2017,45(13):94-96.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2017.13.026

丁草胺对水稻后茬作物幼苗生长的影响

付佑胜¹, 陈国奇^{2,3}, 张惠^{2,3}, 董立尧^{2,3}

(1. 江苏徐淮地区淮阴农业科学研究所,江苏淮安 223001;

2. 南京农业大学植物保护学院,江苏南京 210095; 3. 华东作物有害生物综合治理农业部重点实验室,江苏南京 210095)

摘要:研究了我国稻田常用的酰胺类土壤处理除草剂丁草胺对水稻 (*Oryza sativa*) 后茬作物小麦 (*Triticum aestivum*)、油菜 (*Brassica napus*)、萝卜 (*Raphanus sativus*) 幼苗生长的影响。通过 Logistic 曲线拟合得到丁草胺对小麦、油菜、萝卜幼苗根长抑制率 50% (GR₅₀) 的剂量分别为 35.39、27.50、42.47 mg/L,对小麦、油菜、萝卜幼苗芽长 GR₅₀ 的剂量分别为 19.59、33.29、77.69 mg/L。由此可知,稻田正常使用丁草胺不会对后茬的这 3 种作物产生残留药害。

关键词:丁草胺;幼苗生长;抑制中剂量;毒力回归曲线;后茬作物

中图分类号:S482.4⁺6 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2017)13-0094-03

丁草胺分子式 C₁₇H₂₆ClNO₂,是一种高效、选择性、用于芽前处理的酰胺类除草剂^[1]。酰胺类除草剂在全球范围内被广泛应用,其主要作用机理是抑制植株的呼吸作用,干扰植物体的蛋白质生物合成,影响生物膜的完整性。酰胺类除草剂具有较强的选择性,除草活性高,药剂在植物体内易于降解,对哺乳动物毒性低,使用较安全。酰胺类除草剂多用于水稻、大豆、玉米、花生、十字花科作物等,可用于作物播前或播后、苗前土壤处理,防除多种禾本科杂草和阔叶杂草,此类除草剂在近代农田化学除草中一直占据重要地位,目前已有 53 个品种商品化^[2]。自孟山都公司于 1956 年成功开发酰胺类除草剂的第 1 个品种——二丙烯草胺问世以来,大量选择性强、活性高的酰胺类除草剂被相继开发^[3]。目前,丁草胺已经成为我国稻田用量最大的土壤封闭处理除草剂之一,也是我国用量最大的除草剂之一,与丁草胺相关的除草剂登记种类数

量繁多,各种制剂和复配剂层出不穷,多用于稻田杂草防控^[4]。目前关于丁草胺对稻田后茬作物影响的研究较为缺乏,研究重点集中在丁草胺对稻田当茬作物的影响。曹仁林等采用盆栽法未观察到丁草胺对小白菜植株生长的影响及其在植物体内的残留,表明丁草胺适用于小白菜前茬或当茬作物杂草防除^[5]。陈军等采用室内盆栽法,将 3 种酰胺类除草剂丁草胺、乙草胺、异丙甲草胺与尿素混用,结果表明,尿素与丁草胺混用后对 1 叶 1 心期水稻的安全性显著提高^[6]。韩玉军等通过盆栽试验,探讨丁草胺不同施药剂量对水稻安全性影响,结果表明,不同剂量丁草胺于不同时期施药对水稻的安全性不同^[7]。目前对于轻型栽培稻田使用丁草胺后对后茬作物的安全性尚未有相关报道^[4,8]。本研究探讨了丁草胺对水稻 (*Oryza sativa*) 后茬作物小麦 (*Triticum aestivum*)、油菜 (*Brassica napus*)、萝卜 (*Raphanus sativus*) 幼苗主根长度和芽长的影响,并结合丁草胺在土壤中的降解情况,判断稻田施用丁草胺后对 3 种后茬作物的安全性,旨在为丁草胺在机插秧等轻型栽培稻田杂草防除的开发利用提供科学依据。

1 材料与与方法

1.1 供试药剂和作物

供试药剂为湖南农大海特农化有限公司的 60% 丁草胺乳油,登记用于水稻移栽田毒土法施药防治一年生杂草,推荐用药剂量为 900~1 350 g a. i./hm²。3 种供试水稻后茬作物

with the Clustal series of programs[J]. Nucleic Acids Research, 2003,31(13):3497-3500.

[18] Kumar S, Nei M, Dudley J, et al. MEGA: a biologist - centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences[J]. Briefings in Bioinformatics, 2008,9(4):299-306.

[19] Liu H, Beckenbach A T. Evolution of the mitochondrial cytochrome oxidase II gene among 10 orders of insects [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 1992,1(1):41-52.

[20] 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.

[21] 余道坚,邓中平,陈志舜,等. 昆虫分子标记基因和序列及应用[J]. 植物检疫,2003,17(3):156-159.

[22] 黄丽莉,阙海勇,车飞. 茶园茶黄蓟马及其近似种的 DNA 条形码鉴定[J]. 植物检疫,2014,28(6):68-72.

[23] 李京. 天牛科线粒体基因特征与形态发育初步研究[D]. 郑州:河南农业大学,2013:19-53.

[24] 郑丝竹. 天牛科基因条形码构建及分子快速鉴定技术研究[D]. 南京:南京林业大学,2012:35-84.

[25] 彭居刚,王绪桢,何舜平. DNA 条形码技术的研究进展及其应用[J]. 水生生物学报,2008,32(6):916-919.

收稿日期:2016-02-21

基金项目:公益性行业(农业)科研专项(编号:201303031);江苏省淮安市科技局项目(编号:SN13066)。

作者简介:付佑胜(1980—),男,湖北洪湖人,硕士,副研究员,主要从事农田杂草防控及农药减量喷施技术研究。E-mail:youshengfu@163.com。

通信作者:董立尧,教授,主要从事农田杂草防控及农药减量喷施技术研究。Tel:(025)84395672;E-mail:dly@njau.edu.cn。