

赵 昕,陈小颖,陈日昱. 玉米螟的分子连接性指数模糊聚类分析[J]. 江苏农业科学,2020,48(6):29-35.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2020.06.006

玉米螟的分子连接性指数模糊聚类分析

赵 昕², 陈小颖¹, 陈日昱¹

(1. 吉林农业大学信息技术学院, 吉林长春 130118; 2. 惠州学院数学与统计学院, 广西惠州 516007)

摘要:玉米螟危害多种作物,对我国玉米产量与质量的影响尤为明显,我国作为农业大国,防治玉米螟至关重要。为进一步研究不同种类玉米螟生长发育历程及习性,以达到更好地防治效果,利用遗传多样性分析和分子连接性指数模糊聚类方法对不同地理位置和不同寄主的玉米螟进行生物进化研究,分析玉米螟基于不同地理位置和不同寄主 2 种情况是否各自存在生物型分类。结果表明,在不同地理位置上玉米螟存在生物型分类,而在不同寄主上玉米螟不存在生物型分类。这一研究成果为玉米螟的分类研究和玉米螟防治提供了一种有效的方法。

关键词:玉米螟;DNA 序列;分子连接性指数;模糊聚类分析;遗传多样性

中图分类号:S435.132 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2020)06-0029-07

玉米螟,别称玉米钻心虫,属鳞翅目螟蛾科,是一种世界性害虫,在我国主要有亚洲玉米螟 [*Ostrinia furnacalis* (Guenée)] 和欧洲玉米螟 [*Ostrinia nubilalis* (Hübner)],其中亚洲玉米螟在我国是优势种^[1]。

玉米螟的分布非常广泛,在我国除了西藏和青海等省份未见报道外,其他省份均有发生,其中黄淮平原和北方地区发生最为严重。玉米螟除了分布广泛外,寄主植物的种类也很多,包括玉米、大豆、蔬菜等。相关调查结果显示,每年我国有 10 多个省份的农作物都受到玉米螟的危害,减产幅度达到 17.5%~51.0%。因此,玉米螟虫的防治对于我国农业生产乃至世界农业生产都至关重要^[1]。我国目前防治玉米螟的手段主要有化学防治、生物防治、农业防治等方法^[2]。这些措施的综合使用对玉米螟的防治虽然具有一定的效果,但还是没有从根本上解决玉米螟的危害问题,大部分玉米螟依然继续危害农作物。为更好地解决这一问题,国内外诸多研究人员把目光放在了对玉米螟的分类研究上,若玉米螟能够得到有效的种内分类,即可更好地研

究各个类别玉米螟生长发育习性,从而能够对玉米螟进行针对性的防治,优化防治效果。

由于目前国内外针对玉米螟的种内分类尚无明确标准,因此本研究试图利用模糊聚类方法对玉米螟的 *COI* 基因序列进行基于不同地理位置种群和不同寄主种群的遗传多样性和分子连接性指数聚类分析,探究玉米螟在不同地理位置和不同寄主上有无生物型分类。

1 材料与方法

1.1 样本获取

本研究所用样本是通过玉米螟性诱捕器捕获的 61 个秆野螟属玉米螟昆虫(诱捕器主要为水盆式诱捕器和黏板式诱捕器),其中包括捕自不同寄主和不同地区的 57 个亚洲秆野螟属玉米螟昆虫和 4 个欧洲秆野螟属玉米螟昆虫(表 1)。图 1 为玉米螟样本图。

1.2 数据获取

1.2.1 试验器材与试剂 (1)器材主要有研磨机、离心机、DC-800 涡旋混合器、水浴锅、PCR 仪、DYY-12C 型电泳仪,灭菌的 1.5 mL 离心管和 2 mL 收集、移液器、紫外分光光度仪等。(2)试剂主要有 Insect DNA Kit(50) D0926-01 DNA 提取试剂盒、PCR 引物、Mixture 试剂,均购于吉林省库美生物科技有限公司。

本试验操作室为吉林农业大学中药材学院分子实验室。

1.2.2 基因提取 本研究所用数据为玉米螟的

收稿日期:2019-03-08

基金项目:惠州学院新进教授、博士科研启动项目(编号:20187B037)。

作者简介:赵 昕(1974—),男,吉林长春人,博士,教授,硕士生导师,主要从事微动力系统 and 数据挖掘与云计算研究。E-mail: zhaoxin@hzu.edu.cn。

通信作者:陈小颖,硕士研究生,主要从事数据挖掘与云计算研究。E-mail:1092852775@qq.com。

表 1 样本基本信息

样本号	寄主	采集地	样本号	寄主	采集地	样本号	寄主	采集地
1	玉米	美国	22	大豆	河南商丘	43	玉米	湖北武汉
2	大豆	美国	23	高粱	河南商丘	44	玉米	河南商丘
3	玉米	美国	24	甘蓝	河南商丘	45	甘蓝	吉林长春
4	大豆	美国	25	甘蓝	湖北武汉	46	甘蓝	河南商丘
5	甘蓝	吉林长春	26	大豆	湖北武汉	47	大豆	河南商丘
6	大豆	湖北武汉	27	玉米	河南商丘	48	玉米	湖北武汉
7	大豆	吉林长春	28	甘蓝	河南商丘	49	甘蓝	河南商丘
8	玉米	河南商丘	29	高粱	吉林长春	50	大豆	湖北武汉
9	大豆	吉林长春	30	大豆	河南商丘	51	高粱	吉林长春
10	大豆	吉林长春	31	大豆	吉林长春	52	甘蓝	河南商丘
11	玉米	河南商丘	32	大豆	吉林长春	53	甘蓝	河南商丘
12	玉米	河南商丘	33	玉米	吉林长春	54	高粱	广西南宁
13	大豆	吉林长春	34	甘蓝	吉林长春	55	高粱	湖北武汉
14	甘蓝	安徽合肥	35	玉米	河南商丘	56	大豆	河南商丘
15	高粱	湖北武汉	36	高粱	广西南宁	57	大豆	河南商丘
16	甘蓝	湖北武汉	37	高粱	河南商丘	58	玉米	吉林长春
17	甘蓝	吉林长春	38	高粱	广西南宁	59	高粱	吉林长春
18	大豆	吉林长春	39	高粱	河南商丘	60	高粱	河南商丘
19	大豆	广西南宁	40	大豆	安徽合肥	61	高粱	河南商丘
20	玉米	吉林长春	41	高粱	吉林长春			
21	高粱	吉林长春	42	甘蓝	河南商丘			

DNA 序列,因此采用 Insect DNA Kit(50) D0926 - 01 DNA 提取试剂盒对玉米螟进行 DNA 提取。称取单只玉米螟标本装入 1.5 mL 离心管中,并装入 2 颗小钢珠,放入液氮中,5 min 后取出,将离心管置于研磨机上研磨至标本粉碎,然后在 12 000 r/min 的离心机中离心 1 min;加入 350 μ L Buffer CTL 和 25 μ L OB 蛋白酶,涡旋均匀,于 60 $^{\circ}$ C 水浴箱中振荡孵育 30 min 后,加入 5 μ L RNaseA 混匀,于室温下放置 10 ~ 15 min,其他步骤参照 Insect DNA Kit(50) D0926 - 01 试剂盒说明。

完成操作步骤获取 DNA 溶液,对溶液进行浓度测定后,进行基因扩增等后续步骤,以获得 *COI* 基因序列。

1.2.2 引物设计与 PCR 扩增 根据所要提取的 *COI* 基因片段进行 PCR 引物设计,上下游引物分别设计为 YRS - 1:5' - TTATCGCTTAAATCTCAGC - 3',YRS - 2:5' - GACCTTCAAGTAGAAATCG - 3'^[3]。PCR 反应体系和反应程序分别见表 2 和表 3。

最后在 4 $^{\circ}$ C 下保存 PCR 产物。对 PCR 产物进行电泳分析并在紫外分光光度仪下检测其浓度。图 2 为部分 PCR 产物电泳结果。



图1 玉米螟样本

表 2 PCR 反应体系

物质	体积(μ L)
DNA	1.0
Mixture	12.5
上游引物	0.5
下游引物	0.5
ddH ₂ O	9.5
total	25.0

电泳条带大小为 1 612 bp(图 2)。将浓度高的 PCR 产物送到吉林省库美生物科技有限公司进行纯化测序,最终获得玉米螟 *COI* 基因序列。测序采

表 3 PCR 反应程序

温度 (℃)	时间
94	4 min
94	30 s
52	30 s
54	30 min
72	5 min

用荧光测序法进行正反向测通,测序引物与扩增引物一致^[3]。

1.3 玉米螟遗传研究

玉米螟的取食选择具有多样性,目前针对玉米螟寄主植物种类的研究较多,但对于玉米螟是否存在寄主分类的研究少之又少,本研究利用玉米螟 *COI* 基因探讨玉米螟基于不同寄主和不同地理位置的分类。

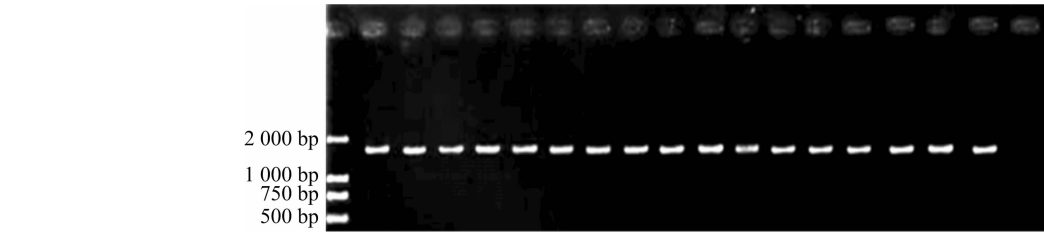


图2 部分PCR产物电泳条带

1.3.1 采自不同地理位置的玉米螟种群遗传研究
将玉米螟依据采集的地理位置不同划分为美国、吉林长春、河南商丘、广西南宁、湖北武汉、安徽合肥 6 个种群,讨论玉米螟是否存在基于不同地理位置的遗传分化。

由表 4 可知,除河南商丘种群外,其他 5 个种群

内部无显著遗传差异($P>0.1$),而河南商丘种群内部存在显著的遗传差异($P<0.01$)。然后进一步分析固定指数(F_{st})。

由表 5 可知,各地理位置种群间的 F_{st} 均大于 0.25,表明不同地理位置的种群之间存在遗传分化,之后利用聚类分析进一步验证。

表 4 各地理位置种群 *COI* 基因的单倍型、核苷酸多样性及中性检验

地理位置	单倍型数(个)	单倍型多样性	核苷酸多样性	核苷酸平均差异数	统计检验量	中性检验显著性
美国	3	0.833	0.001 88	3.167	-0.314 46	$P>0.10$
吉林长春	5	0.673	0.001 22	2.058	-0.699 84	$P>0.10$
河南商丘	10	0.826	0.001 17	1.960	-2.177 78	$P<0.01$
广西南宁	3	0.833	0.000 89	1.500	-0.754 45	$P>0.10$
湖北武汉	1	0.925	0.002 56	2.158	-0.674 91	$P>0.10$
安徽合肥	1	0.821	0.001 92	3.025	-0.577 30	$P>0.10$

注: $P<0.05$ 表示种群内部具有遗传差异。表 6 同。

表 5 各地理位置种群间的 F_{st}

地理位置	F_{st}				
	美国	长春	广西	河南	湖北
长春	0.911 97				
广西	0.937 78	0.766 80			
河南	0.930 61	0.725 01	0.804 0		
湖北	0.946 78	0.553 14	0.903 23	0.869 68	
安徽	0.946 78	0.553 14	0.903 23	0.869 68	0.792 9

注:当 $F_{st} \in [0,0.05]$ 时,表示种群间遗传分化低;当 $F_{st} \in [0.05,0.15]$ 时,表示遗传分化水平中等;当 $F_{st} \in [0.15,0.25]$ 时,表示遗传分化水平较高;当 $F_{st} >0.25$ 时,表示遗传分化水平很大。表 7 同。

1.3.2 采自不同寄主的玉米螟种群遗传研究
根据样本信息依据不同寄主将玉米螟分为 4 个种群,分别为玉米、大豆、高粱、甘蓝等种群。由表 6 可知,

4 个种群内部整体无显著遗传差异($P>0.1$),且各个种群之间的单倍型多样性(H_d)和核苷酸多样性(P_i)相近,无显著规律可循。然后进一步分析固定

指数(F_{st})。由表 7 可知,各寄主种群间的 F_{st} 均趋近于 0,表明种群间分化水平非常低,可以认为,各

寄主种群间无遗传分化。之后进一步利用聚类分析进行验证。

表 6 各寄主种群 *COI* 基因的单倍型、核苷酸多样性及中性检验

寄主种群	单倍型数	单倍型多样性	核苷酸多样性	核苷酸平均差异数	统计检验量	中性检验显著性
玉米	9	0.936	0.007 81	13.000	0.037 96	$P>0.1$
甘蓝	8	0.912	0.002 90	4.912	0.810 20	$P>0.1$
大豆	10	0.895	0.006 17	10.351	-0.641 49	$P>0.1$
高粱	11	0.952	0.003 22	5.410	-0.092 63	$P>0.1$

表 7 各寄主种群间的 F_{st}

寄主种群	F_{st}		
	玉米	甘蓝	大豆
甘蓝	0.042 69		
大豆	-0.026 82	0.018 98	
高粱	0.040 65	-0.058 17	0.007 91

因此,以横轴为样本间遗传距离(P),纵轴为碱基转换距离(Ts)和颠换距离(Tv),构造散点图,当序列间分歧逐渐变大,坐标点呈线性分布时,表示序列间替换尚未达到饱和,序列能够进行后续的系统发育分析^[3]。

本研究采用统计学中的回归分析检验遗传距离与颠换距离、转换距离是否符合线性关系,使用 MATLAB 软件编程计算所得 *COI* 基因碱基替换拟合结果见图 3。

1.4 碱基饱和度检验

利用分子生物学构建系统发育树需要首先对碱基的饱和度进行检验,作为能否进行系统发育分析的判断依据。若分子生物学分析显示,分子数据不能构造系统发育树,那么,统计学中的聚类分析缺乏前提保障,得到的聚类结果在生物学领域没有意义,缺乏说服力。

生物学中的碱基饱和度分析与统计学中的回

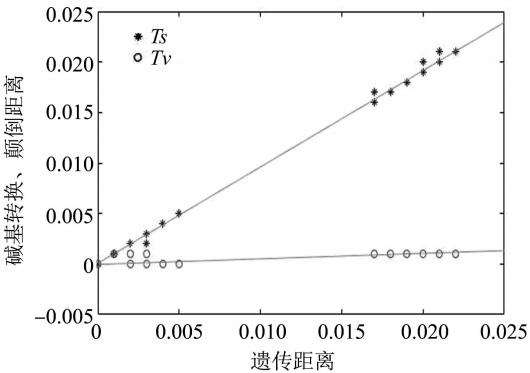


图3 *COI* 基因碱基替换拟合情况

归分析一致,即分析碱基间的遗传距离与碱基转换(transition)和颠换(transversion)距离是否构成线性相关关系。其中,遗传距离为多个性状基因型值构成的多维空间的几何距离,是评定物种间遗传差异程度的指标;颠换为异型碱基的置换,颠换距离为序列对之间发生的颠换位点数与序列长度的比值;而转换是同型碱基的置换,转换距离为序列对之间发生的转换位点数与序列长度的比值。其中碱基的类型分为 2 种,即嘌呤和嘧啶。

由图 3、表 8 可知,遗传距离与碱基转换距离之间呈线性关系($P=0.037\ 309\ 063$),且拟合程度良好($r^2=0.999\ 450\ 238$),精确度高(标准误差小)。

表 8 $P-Ts$ 线性回归分析

项目	回归分析	残差	总计
离均差平方和	0.008 647 139	4.75648×10^{-6}	0.008 651 896
均方	0.008 647 139	3.5763×10^{-8}	
统计量	241 789.882 6		
显著性	1.1506×10^{-218}		
P 值	0.037 309 063		
相关系数 r	0.999 725 080		
r^2	0.999 450 238		
校正决定系数	0.999 446 104		
标准误差	0.000 189 111		

由图 3、表 9 可知,遗传距离与碱基颠换距离之间也符合线性关系($P = 0.037\ 309\ 063$),拟合程度

良好($r^2 = 0.765\ 011\ 279$),精确度高(标准误差小)。

表 9 $P-T_v$ 线性回归分析

项目	回归分析	残差	总计
离均差平方和	$1.5484\ 8 \times 10^{-5}$	$4.7564\ 8 \times 10^{-6}$	$2.024\ 13 \times 10^{-5}$
均方	$1.548\ 48 \times 10^{-5}$	$3.576\ 3 \times 10^{-8}$	
统计量	432.984 611		
显著性	$1.177\ 63 \times 10^{-43}$		
P 值	0.037 309 063		
相关系数 r	0.874 649 232		
r^2	0.765 011 279		
校正决定系数	0.763 244 446		
标准误差	0.000 191 670		

综上所述, T_s 与 P 之间呈良好线性关系,表明转换尚未饱和; T_v 伴随 P 的变化已趋于稳定状态,表明已饱和,但 T_v 与 P 依然呈线性关系,所以该批分子数据可以用来构造系统发育树,为后续聚类分析提供了前提保障。

1.5 聚类分析

1.5.1 分子连接性指数 本研究提取的特征向量为碱基的分子连接性指数,分子连接性指数通常应用于化学中分子的拓扑结构等的相关计算。分子连接性指数的前身为 Randic 指数,后由于处理有些分子和原子存在局限性,Kier 等对 Randic 指数进行了改进,并于 1976 年提出分子连接性指数,它完全以分子的拓扑结构为基础,并以原子数目、种类及周围环境的有关数值为参数,即用数值指数为参数,使之与分子的多种理化性质及生物学性质定量地联系起来,其优点在于建立的参数是以分子结构为基础的,并非实验值或经验值,且能处理含杂原子、不饱和键、环等分子结构^[4]。

分子连接性指数计算公式为

$$x_p = \sum (\delta_1 \delta_2 \delta_3 \cdots \delta_n \delta_{n+1})^{-1/2}。$$

式中: n 为非原子编号; δ_n 为相应编号下的非原子点价,本研究中 δ_n 为中心原子支化度序列相邻元素的乘积。支化度即支化点密度,2 相邻支化点间链的平均分子量,若中心原子支化度 δ_n 序列为 $x_1-x_2-x_3 \cdots x_n$,则 δ_n 的公式为

$$\delta_n = x_n \times x_{n+1}。$$

1.5.2 提取 DNA 序列的特征向量并标准化 (1)

随机在 16 种碱基对中选取碱基 CG,计算每条序列碱基对 CG 的中心位置。如果碱基 G 的位置为 m ,则碱基 C 的位置为 $m-1$,碱基 CG 的中心位置 D 为

$$D = \frac{m+m-1}{2} = m-0.5。$$

(2) 定义各序列每个碱基对 CG 的中心位置为变量 L ,则

$$L = \frac{m-0.5}{k}。$$

其中 k 为碱基对 CG 所在序列的总长度。

(3) 构建变量 L 的支化度序列 $L_1-L_2-L_3 \cdots L_n$,计算 δ_n

$$\delta_n = L_n \times L_{n+1}。$$

式中: n 为变量 L 的位置; δ_n 为支化度序列相邻元素的乘积。

(4) 计算各序列的分子连接性指数(x_p),构建特征向量。

表 10 即为求得的分子连接性指数。

对表 10 中的数据进行标准化处理,消除变量间的量纲关系:

$$x_{ij} = \frac{x_{ij} - \min \{x_{ij} | 1 \leq i \leq 61\}}{\max \{x_{ij} | 1 \leq i \leq 61\} - \min \{x_{ij} | 1 \leq i \leq 61\}},$$

($0 \leq j \leq 1$)。

式中: $\min \{x_{ij} | 1 \leq i \leq 61\}$ 表示第 j 列的最小值; $\max \{x_{ij} | 1 \leq i \leq 61\}$ 表示第 j 列的最大值。

表 11 为标准化后的数据。

1.5.3 模糊相似矩阵的建立 本研究利用处理后各样本的分子连接性指数计算样本间的相关程度,计算方法有距离法和相关系数法,具体方法视具体情况而定。本研究的数学模型为

$$r_{ij} = 1 - d(x_{pi}, x_{pj});$$

$$d(x_{pi}, x_{pj}) = |x_{pi} - x_{pj}| (1 \leq i \leq 61, 1 \leq j \leq 61)。$$

式中: $d(i, j)$ 表示特征向量 x_{pi} 和 x_{pj} 之间的距离; r_{ij} 表

表 10 DNA 序列分子连接指数

样本号	分子连接指数		样本号	分子连接指数		样本号	分子连接指数	
	CG	TA		CG	TA		CG	TA
1	28.674 19	1 901.923	22	37.730 69	1 908.273	43	32.345 66	1 993.145
2	28.874 79	2 400.455	23	37.395 95	1 663.531	44	37.747 21	1 909.283
3	28.817 97	1 784.497	24	37.588 84	2 167.914	45	36.748 69	1 793.722
4	28.758 51	1 907.517	25	32.345 66	1 993.145	46	37.827 3	2 073.999
5	36.413 27	2 171.204	26	32.402 44	1 996.646	47	37.966 75	1 792.104
6	32.615 35	2 080.945	27	37.510 50	1 992.573	48	32.561 48	1 912.571
7	36.964 65	1 801.224	28	37.510 50	1 992.573	49	37.510 5	1 992.573
8	37.588 84	2 162.187	29	36.271 23	1 993.145	50	32.274 68	1 869.149
9	36.651 72	2 077.288	30	37.432 61	1 865.868	51	36.526 04	2 007.148
10	36.708 43	1 792.910	31	36.193 51	1 869.411	52	37.432 61	1 865.868
11	37.588 84	2 166.824	32	36.490 03	1 884.409	53	43.967 49	1 119.147
12	37.752 06	1 992.588	33	36.411 67	2 167.395	54	37.510 5	1 989.862
13	36.748 69	1 793.722	34	36.785 81	1 931.209	55	38.659 78	1 660.937
14	32.856 76	1 932.599	35	37.432 61	1 865.868	56	32.417 07	2 167.395
15	32.345 66	1 993.121	36	38.573 78	1 579.543	57	37.510 5	1 989.862
16	32.345 66	1 993.121	37	37.827 30	2 092.256	58	37.498 32	1 869.143
17	36.207 49	1 993.121	38	38.674 60	1 870.441	59	36.626 2	2 164.306
28	36.349 39	2 167.395	39	37.510 50	1 991.067	60	36.470 55	2 183.901
29	38.511 12	2 058.143	40	32.839 94	1 979.884	61	37.510 5	1 989.862
20	36.269 65	1 993.121	41	36.271 23	1 993.145			
21	36.748 40	1 793.722	42	37.989 01	1 790.432			

表 11 标准化的 DNA 序列分子连接指数

样本号	分子连接指数		样本号	分子连接指数		样本号	分子连接指数	
	CG	TA		CG	TA		CG	TA
1	0.055 890	0.610 919	22	0.415 935	0.615 875	43	0.201 851	0.682 114
2	0.063 865	1.000 000	23	0.402 627	0.424 865	44	0.416 592	0.616 664
3	0.061 606	0.519 274	24	0.410 295	0.818 512	45	0.376 895	0.526 474
4	0.059 242	0.615 285	25	0.201 851	0.682 114	46	0.419 775	0.745 216
5	0.363 560	0.821 08	26	0.204 108	0.684 846	47	0.425 319	0.525 211
6	0.212 572	0.750 638	27	0.407 181	0.681 667	48	0.210 431	0.619 229
7	0.385 480	0.532 329	28	0.407 181	0.681 667	49	0.407 181	0.681 667
8	0.410 295	0.814 043	29	0.357 913	0.682 114	50	0.199 029	0.585 341
9	0.373 040	0.747 783	30	0.404 085	0.582 780	51	0.368 043	0.693 043
10	0.375 294	0.525 840	31	0.354 824	0.585 545	52	0.404 085	0.582 780
11	0.410 295	0.817 662	32	0.366 612	0.597 251	53	0.663 881	0.000 000
12	0.416 784	0.681 679	33	0.363 497	0.818 108	54	0.407 181	0.679 551
13	0.376 895	0.526 474	34	0.378 371	0.633 775	55	0.452 871	0.422 841
14	0.222 170	0.634 860	35	0.404 085	0.582 780	56	0.204 69	0.818 108
15	0.201 851	0.682 095	36	0.449 452	0.359 317	57	0.407 181	0.679 551
16	0.201 851	0.682 095	37	0.419 775	0.759 465	58	0.406 697	0.585 336
17	0.355 379	0.682 095	38	0.453 460	0.586 349	59	0.372 025	0.815 697
18	0.361 021	0.818 108	39	0.407 181	0.680 492	60	0.365 837	0.830 99
19	0.446 961	0.732 842	40	0.221 501	0.528 941	61	0.407 181	0.679 551
20	0.357 850	0.682 095	41	0.357 913	0.682 114			
21	0.376 883	0.526 474	42	0.426 204	0.523 906			

示样本 i 和样本 j 之间的相关程度,且 $r_{ij} \in [0,1]$ 。

由上式可以得到 61 个样本间的相似关系,从而得到模糊相似矩阵。

1.5.4 模糊等价矩阵的构建 由于“1.5.3”节中所求得的矩阵 (R) 是否具有传递性尚不明确,因此为了分类,需根据 (R) 构造模糊等价矩阵 (R^*) 。本

研究采用平方法构建 $(R)^*$ 。

当 k 使 $(R)^{2k} = (R)^{2k+1}$ 时,此时的 $(R)^{2k}$ 即为所求的模糊等价矩阵 R^* ,即 $(R)^* = (R)^{2k}$ 。

根据求得 $(R)^*$ 后可知,在不同的分类水平 (λ) 上,所得到的截矩阵不同,从而获取的分类情况也不同。图 4 为模糊聚类分析动态聚类谱系图。

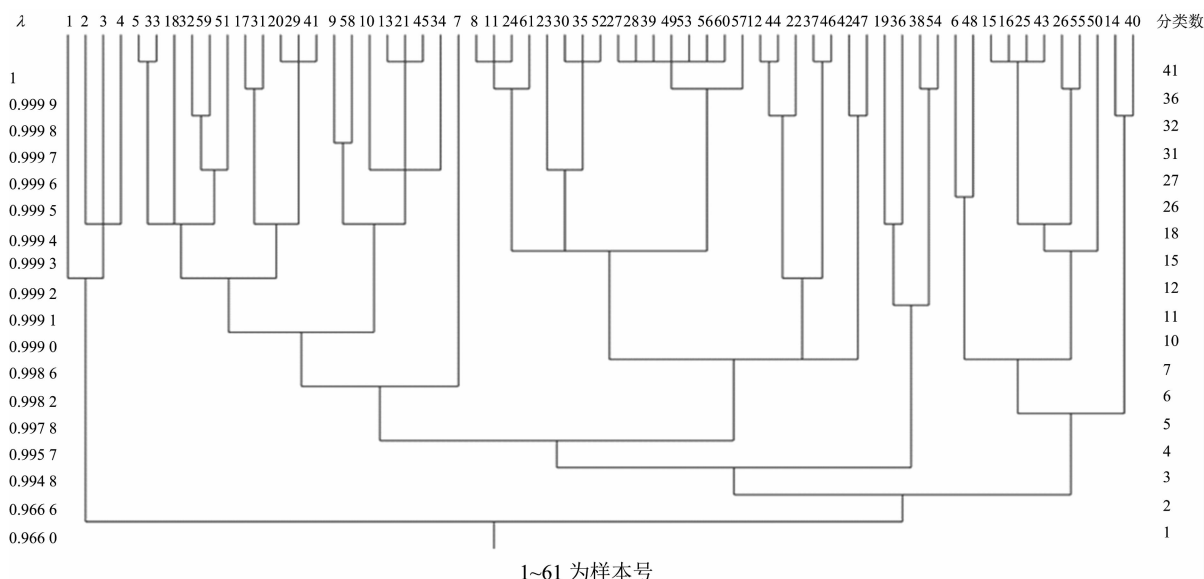


图4 动态聚类谱系

由图 4 可知,不同的分类水平,有不同的分类数与之对应。当 $\lambda = 0.998\ 2$ 时,美国、吉林长春、河南商丘、广西南宁、湖北武汉、安徽合肥 6 个种群都单独聚在一起,即河南商丘种群包括 8、11、24、61、23、30、35、52、27、28、39、49、53、56、60、57、12、44、22、37、46、42、47,美国种群包括 1、2、3、4,吉林长春种群包括 5、33、18、32、59、51、17、31、20、29、41、9、58、10、13、21、45、34、7,广西南宁包括 19、36、38、54,湖北武汉包括 6、48,安徽合肥包括 14、40,当 $\lambda = 0.966\ 6$ 时,样本得到不同的国家分类,分为欧洲和亚洲 2 个类别,也属于依据不同的地理位置范畴,说明各个不同地理位置种群之间具有种类区别。

2 结论与讨论

对 6 个不同地理位置种群和 4 个不同寄主种群进行生物型分类研究,针对不同地理位置种群,遗传多样性分析结果显示,除河南商丘种群外,其他 5 个种群内部无显著遗传差异现象,河南商丘种群内存在显著的遗传差异,并且各个种群间的遗传分化水平很大,聚类结果存在同一地理位置的种群均

聚在同一分支的分类情况,表明不同地理位置种群存在生物型分类,形成这种现象的原因是不同地理位置的种群由于地理隔离需要适应各自的地理环境和生存环境,经过长时间的物种进化形成基于地理位置的种群差异。针对不同寄主植物种群,遗传多样性分析结果显示,4 个不同寄主种群内部也不存在遗传差异现象且种群间遗传分化水平低,说明种群内部基因交流现象频繁,聚类结果中不同寄主的标本交叉存在,没有将相同寄主种群聚为独立分支,表明基于不同寄主的种群不存生物型分类。

参考文献:

- [1] 崔 丽. 氟苯虫酰胺和 NK130102 对亚洲玉米螟的分子作用机理研究[D]. 北京:中国农业科学院,2014.
- [2] 刘明华,黄巧云. 玉米螟综合防治技术[J]. 上海农业科技,2018 (6):134,141.
- [3] 杨瑞生,王振营,何康来,等. 中国秆野螟属昆虫线粒体 *COI* 基因遗传多样性及其分子系统学研究(鳞翅目:草螟科)[J]. 南京农业大学学报,2011,34(5):73-80.
- [4] 单俐经. 分子连接性指数计算软件制作及应用[D]. 上海:华东理工大学,2011.