

# 马拉硫磷对中华稻蝗种群遗传结构的作用

卢芙蓉<sup>1</sup>, 李翠兰<sup>1</sup>, 段毅豪<sup>2</sup>, 郭亚平<sup>1</sup>, 马恩波<sup>1</sup>

(1. 山西大学生命科学与技术学院, 太原 030006; 2. 山西大学环境与资源学院, 太原 030006)

**摘要:** 将中华稻蝗 (*Oxya chinensis*) 注射 1.5g/L 的马拉硫磷, 24h 后死亡率为 56%。用等位酶电泳确定死亡与存活个体在多态性基因座 *Pgm* 和 *Me* 上的基因型, 并比较各基因型的死亡率差异。结果表明: 在 *Pgm* 基因座上, 马拉硫磷对具有不同基因型的中华稻蝗个体存在选择性致死作用, 但是在 *Me* 基因座上未观察到类似选择性致死作用。在基因座 *Pgm* 上, *Pgm-ab* 基因型个体死亡率最高 (80%), *Pgm-bb* 和 *Pgm-bc* 基因型个体死亡率最低 (49%), 低于平均死亡率。卡方检验表明, 基因型 *Pgm-bb* 和 *Pgm-cc* 的死亡率之间存在显著差异。在存活个体中, 等位基因 *Pgm-b* 的频率显著增加。基于 Roger's 遗传距离的聚类分析表明, 马拉硫磷的急性致死作用会导致中华稻蝗种群遗传组成的变化。马拉硫磷是蝗虫防治中常用的杀虫剂, 研究显示, 不同基因型在死亡率上的差异也可能存在于田间。

**关键词:** 马拉硫磷; 中华稻蝗; 种群遗传结构; 死亡率差异; 等位酶

中图分类号: Q963

文献标识码: A

文章编号: 0253-9772(2004)05-0663-06

## Impacts of Malathion on Population Genetic Structure of *Oxya chinensis*

LU Fu-Ping<sup>1</sup>, LI Cui-Lan<sup>1</sup>, DUAN Yi-Hao<sup>2</sup>, GUO Ya-Ping<sup>1</sup>, MA En-Bo<sup>1</sup>

(1. College Of Life Science and Technology, Shanxi University, Taiyuan 030006, China;

2. Department of Environmental Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, China.)

**Abstract:** Allozyme electrophoresis was employed to compare the difference in mortality among the genotypes at two polymorphic loci of *Pgm* and *Me* of grasshopper *Oxya chinensis* individuals acutely exposed to 1.5g/L malathion which resulted in 56% mortality in 24 hours. The selective lethal effects were observed among the genotypes at *Pgm* locus but not at *Me* locus. It is noted that the genotype *Pgm-ab* experienced the highest mortality (80%), whereas *Pgm-bb* and *Pgm-bc* were 49%, lower than the average. The  $\chi^2$  tests showed significant difference in mortality between *Pgm-bb* and *Pgm-cc*. After exposure the allele frequency of *Pgm-b* showed a notable increase among surviving individuals. The cluster analysis based on Roger's genetic distance indicated that the acute exposure to malathion can cause differentiation in genetic composition at population level in *Oxya chinensis*. Because malathion is commonly used as the insecticide for grasshopper control, the data obtained in this study suggest that the similar genotype-mortality effects may occur in crop fields.

**Key words:** malathion; *Oxya chinensis*; population genetic structure; mortality difference; allozyme

中华稻蝗 (*Oxya chinensis*) 是一种重要的农业害虫, 广泛分布于中国、日本、亚洲东南部和俄罗斯

收稿日期: 2003-07-21; 修回日期: 2004-05-18

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (编号: 20177012, 30170612), 山西省自然科学基金资助项目 (编号: 20001022) [Supported by Natural Science Foundation of China (No. 20177012, 30170612) and Natural Science Foundation of Shanxi Province (No. 20001022)]

作者简介: 卢芙蓉 (1978—), 女, 硕士研究生。研究方向: 昆虫遗传毒理学

通讯作者: 马恩波 (1953—), 女, 教授, 博导。研究方向: 昆虫遗传学。Tel: 0351-7018871; E-mail: maenbo2003@sxu.edu.cn

西部等地。在中国,该种蝗虫除新疆、西藏等少数省外,大多数地区均有分布,主要取食禾本科植物,尤喜食水稻,对农业生产造成很大危害<sup>[1]</sup>。

近年来,对中华稻蝗的研究主要集中在形态分类<sup>[2]</sup>、生理与发育<sup>[3,4]</sup>、细胞分类学<sup>[5]</sup>和分子系统学<sup>[6]</sup>等方面。作为一种重要的农业害虫,在农药毒理学方面研究却很少,国内仅王保成、任竹梅等在这方面进行了一些研究工作。王保成等采用微量腹腔注射法测定了两种有机磷农药及其混配农药对中华稻蝗的毒力,分别求出了它们的 LD<sub>50</sub> 值<sup>[7]</sup>;任竹梅等通过微量腹腔注射法测得了藜芦、苦参和苏云金芽胞杆菌(*Bacillus thuringiensis*),即 B. t,对中华稻蝗蝗蛹和成虫的毒力<sup>[8,9]</sup>,求出了毒力回归方程,得出蝗蛹较成虫对药剂敏感并且药剂的致死剂量对时间存在依赖性的结论。此外,还进行了对中华稻蝗 5 龄蝗蛹精巢细胞染色体致畸变研究<sup>[9,10]</sup>,结果显示,B. t 可诱发蝗蛹一定比例的染色体畸变,其畸变类型主要是染色单体和染色体断裂,但对 B. t 致染色体畸变的分子机理未作探讨。为了进一步探讨农药毒性与中华稻蝗遗传结构之间的相关性,我们将等位酶分析方法引入该项研究,在等位酶基因型这一层次上探讨农药毒性与中华稻蝗之间是否存在相关关系。本研究选用磷酸葡糖变位酶(PGM)和苹果酸酶(ME)进行等位酶分析,一方面是因为它们具有多态性;另一方面,在蝗虫种群遗传结构研究中它们已被本实验室多次选用<sup>[11]</sup>,染色条件比较稳定,酶谱判读相对容易。

等位酶是指同一基因座的不同等位基因所编码的一种酶的不同形式,由于所带电荷的差异,可通过电泳分离辨别。由它们编码的多肽链构成的酶,经过组织化学染色后在凝胶上都能显色,从而没有显性或隐性之分,这就决定了等位酶电泳的结果具有广泛的可比性<sup>[12]</sup>。该分析方法已被广泛应用于蝗虫<sup>[11]</sup>及其他生物<sup>[13~18]</sup>不同分类阶元的研究中。

目前,等位酶分析被广泛应用于水生生物对环境压力的耐受性研究中<sup>[15]</sup>,但是应用于农药毒性与害虫基因型的相互关系研究中却极少见,国内李暄等对抗阿维菌素小菜蛾酯酶等位酶进行了研究<sup>[16]</sup>;国外,William 等将采得的不同品系小菜蛾在实验室中用马拉硫磷处理后研究其酯解异构酶与马拉硫磷抗药性相关的差异<sup>[17]</sup>,其他相关研究都是通过等位酶分析,对在田间已经产生抗药性的种群进行种群

间和种群内遗传变异程度及抗药性进化的研究,如 Martel 等对取食转 B. t 基因玉米,并产生 B. t 抗性的欧洲玉米螟(*Ostrinia nubilalis*)法国不同地理种群抗性进化在等位酶标记上的变异程度做了报道<sup>[18]</sup>,Raul 等用等位酶分析检测了抗有机磷杀虫剂的谷蠹(*Rhyzopertha dominica*)8 个巴西种群和 7 个美国种群,其在种群内和种群间的遗传多样性,以研究谷蠹对杀虫剂的抗性在两个国家间的扩散状况<sup>[19]</sup>。

一个物种或一个种群对环境压力的耐受能力最终取决于该物种或种群的遗传组成<sup>[15]</sup>,有研究表明,种群遗传多样性的保持对种群适应环境变化有着至关重要的意义<sup>[20]</sup>,因此,由遗传多样性机制所维持的酶的多样性,可以增加种群抵御自然和人为诱导的环境变化的能力。在蝗虫防治的实际应用中,通过等位酶分析比较农药处理后存活组与死亡组,以及初始组 3 者之间具有多态性的等位酶,其不同基因型之间和等位基因之间是否存在差异及其差异程度,可以将其作为一种监测蝗虫抗药性的生化标记,用以判断种群的抗药性水平,从而指导农业植保部门合理使用农药,以降低防治成本,减轻农药对环境的污染。

## 1 材料和方法

### 1.1 供试农药

马拉硫磷,全名为 O, O-二甲基-S-(1,2-二乙氧羰基乙基)二硫代磷酸酯,是一种非内吸性低毒类有机磷杀虫剂,它可以利用昆虫与温血动物体内不同的代谢途径来显示其高效、低毒的特点<sup>[21]</sup>,是无公害农产品推荐农药品种之一<sup>[22]</sup>。本实验所用马拉硫磷原药(75%乳油)购自辽宁省葫芦岛农药厂。

### 1.2 样本采集及处理

中华稻蝗采自陕西省长安县杨桥镇(E109°33',N 34°25'),活体带回实验室,并用新鲜狗尾草饲喂。供试五龄若虫称得均重为 0.4220g/头,用稀释到 LD<sub>50</sub> 值(1.5g/L)<sup>[7]</sup>的马拉硫磷进行活体腹腔微量注射处理,注射剂量为 4 $\mu$ L/头。本实验共处理试虫 275 头,24h 后对活虫和死虫分别进行计数,并计算死亡率。每虫体单个分别包装,冻存于 -80℃ 冰箱保存待用。

### 1.3 等位酶电泳

采用水平切片淀粉凝胶电泳技术。凝胶浓度为

12.5%, 可溶性淀粉、马铃薯淀粉 (Sigma 公司 S-5651) 和精制定粉 3 种淀粉按照 2 : 1 : 1 混合而成<sup>[11]</sup>。实验采用磷酸缓冲系统 (0.05mol/L, pH8.0), 电极缓冲液与凝胶缓冲液的比例为 9 : 1, 凝胶模板大小为 235 × 135 × 8 mm。

取中华稻蝗后足股节肌肉, 加适量电极缓冲液冰浴研磨后放入滤纸芯子吸附, 上样, 在 4℃ 冰柜中进行电泳, 电压恒定在 250V。电泳完毕, 将凝胶水平切成两片进行染色, 每一片染一种酶, 染色方法为标准等位酶染色法<sup>[12,23,24]</sup>。染色深度满意时, 立即用凝胶成像系统拍照记录。酶谱判读将泳动最快的记为 *a*, 以后依次记为 *b*、*c*..., 并记录基因座和基因型。

## 1.4 数据处理

### 1.4.1 基因型与死亡率之间的相关性检验

对中华稻蝗多态基因座位的各基因型与死亡率进行 2 × 2 列联表  $\chi^2$  检验, 以了解基因型与马拉硫磷致死作用之间的相关性。在进行统计分析时, 各多态基因座位上的每个基因型为一组, 每组的个体数即为重复。

### 1.4.2 种群遗传结构分析

应用 BIOSYS-II<sup>[25]</sup> 软件计算存活组、死亡组及初始种群各基因座上的等位基因频率, 对 Hardy-Weinberg 平衡的符合度, 固定指数 (*F*), 每个基因座的多态性、杂合性和 Roger's 遗传距离, 并以此遗传距离为基础, 用非加权算术平均法 (unweighted paired group mean, UPGMA) 作聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 等位酶基因型死亡率差异比较

马拉硫磷处理 24h 后中华稻蝗死亡率为 0.56。通过等位酶电泳酶谱分析, 所得中华稻蝗 *Pgm* 和 *Me* 各基因座基因型和等位基因死亡率及其死亡率差异卡方检测见表 1、表 2 和表 3。从表 1 和表 2 中可以看出, *Pgm* 和 *Me* 各基因型的死亡率存在很大差异, 经 2 × 2  $\chi^2$  检测后, *Pgm* 基因座的 *Pgm-bb* 和 *Pgm-cc* 基因型死亡率之间存在显著差异 (表 2), *Pgm-bb* 的死亡率为 0.49, 而 *Pgm-cc* 的死亡率为 0.68 (表 1)。在 *Pgm* 基因座上不同等位基因对马拉硫磷毒性的反应见表 3, 如表 3 所示, 等位基因 *Pgm-b* 与 *Pgm-a*、*Pgm-c* 及 *Pgm-d* 之间均存在显著差异, *Pgm-b* 的死亡率为 0.49, 明显低于其他 3 个

等位基因。

表 1 马拉硫磷处理后中华稻蝗两个多态性基因座 *Pgm* 和 *Me* 各基因型死亡率

Table 1 Genotype effects on the probability of the two polymorphic loci *Pgm* and *Me* in *Oxya chinensis* population treated with malathion

基因座 Locus	<i>aa</i>	<i>ab</i>	<i>ac</i>	<i>bb</i>	<i>bc</i>	<i>cc</i>	<i>dd</i>
<i>Pgm</i>	0.75 (12)	0.80 (5)	--	0.49 (167)	0.49 (39)	0.68 (38)	1.00 (2)
<i>Me</i>	0.54 (57)	0.58 (26)	0.48 (61)	0.59 (27)	0.68 (31)	0.56 (66)	0.57 (7)

注: 括号中为具有相应基因型的个体数, 包括存活和死亡个体总数。

Note: The numbers in parenthesis were the total numbers including surviving and dead individuals possessing of the corresponding genotype.

表 2 马拉硫磷处理后中华稻蝗 *Pgm* 各基因型死亡率差异卡方检测

Table 2  $\chi^2$  tests for the mortality difference between *Pgm* genotypes of *Oxya chinensis* treated with malathion

基因型 Genotype	<i>Pgm</i>				
	<i>aa</i>	<i>ab</i>	<i>bb</i>	<i>bc</i>	<i>cc</i>
<i>ab</i>	0.0490				
<i>bb</i>	3.0045	1.8539			
<i>bc</i>	2.5600	1.7383	0.0019		
<i>cc</i>	0.1880	0.2809	4.6349*	3.0764	
<i>dd</i>	0.6364	0.4667	2.0480	2.0024	0.9023

\*  $P < 0.05$  (2 × 2 卡方检验)。

\*  $P < 0.05$  (2 × 2  $\chi^2$  tests)。

表 3 马拉硫磷处理后中华稻蝗 *Pgm* 和 *Me* 各等位基因死亡率在存活组和死亡组间差异的卡方检测

Table 3  $\chi^2$  tests for the mortality difference between *Pgm* and *Me* alleles of surviving and dead group of *Oxya chinensis* treated with malathion

基因座 Locus	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	<i>d</i>
<i>Pgm</i>	0.76 <sup>a</sup>	0.49 <sup>b</sup>	0.62 <sup>a</sup>	1.00 <sup>a</sup>
<i>Me</i>	0.53	0.61	0.55	0.57

注: 在每一个基因座, 等位基因之间具有不同字母的致死率具有显著差异 (a 和 b)。

Note: Within each locus, the mortality among alleles not sharing the same letter are significantly different (a and b)。

## 2.2 各实验组中华稻蝗遗传背景比较分析

表 4 和表 5 为各实验组中华稻蝗在 PGM 和 ME 两种酶上所显示的基本遗传学数据。在本实验中所考察的两种酶两个基因座,其基因型频率均在很大程度上偏离了哈代-温伯格(H-W)平衡, $F$  值存活组

最低,尤其是在 *Pgm* 基因座(表 4)。Roger's 遗传距离值在存活组与死亡组之间最高,为 0.084,存活组与初始组之间为 0.046,死亡组与初始组之间为 0.039,直观的显示见图 1。

表 4 马拉硫磷处理后各组中华稻蝗 *Pgm* 和 *Me* 基因座等位基因频率及哈代-温伯格(H-W)平衡检测

Table 4 Allele frequency and tests for Hardy-Weinberg (H-W) expectations at *Pgm* and *Me* loci of *Oxya chinensis* treated with malathion.

等位基因 Alleles	<i>Pgm</i>			<i>Me</i>		
	存活组 Alive	死亡组 Dead	初始组 Initial	存活组 Alive	死亡组 Dead	初始组 Initial
样本数 Sample size	121	142	263	122	153	275
<i>a</i>	0.029	0.077	0.055	0.389	0.346	0.365
<i>b</i>	0.789	0.658	0.719	0.176	0.222	0.202
<i>c</i>	0.182	0.250	0.219	0.410	0.405	0.407
<i>d</i>	0.000	0.014	0.008	0.025	0.026	0.025
$\chi^2$	126.583 *	341.099 *	613.915 *	173.479 *	207.971 *	353.888 *
固定指数(F) Fixation index	0.494	0.675	0.613	0.330	0.362	0.349

初始组:包括存活和死亡个体总数。\*  $P < 0.01$ .

Initial: Including surviving and dead individuals. \*  $P < 0.01$ .

表 5 马拉硫磷处理后中华稻蝗各组在两个等位酶位点的遗传多样性

Table 5 Genetic variability at the two loci in each *Oxya chinensis* groups treated with Malathion

分组 Groups	每个基因座平均 样本大小	每个基因座平均 等位基因数	多态基因座百分率 Percentage of loci polymorphic *	平均杂合度 Mean heterozygosity	
	Mean sample size per locus	Mean No. of Alleles per locus		观测值 Direct-count	预期值 HdyWbg-expected * *
	存活组 Alive	121.5 (0.5)	3.5 (0.5)	100	0.304 (0.130)
死亡组 Dead	147.5 (5.5)	4.0 (0.0)	100	0.293 (0.131)	0.584 (0.084)
初始组 Initial	269.0 (6.0)	4.0 (0.0)	100	0.298 (0.131)	0.547 (0.113)

\* 如果一个基因座最常见的等位基因频率不超过 0.95,则认为此基因座为多态基因座(括号内为标准误);\* \* 无偏差估计(参 Nei, 1978)。

\* A locus is considered polymorphic if the most common allele does not exceed 0.95 (standard errors in parenthesis); \* \* Unbiased estimate (see Nei, 1978).

## 3 讨 论

本实验结果表明,第一,不同的酶对马拉硫磷毒性的反应不同,在所研究的两种酶中,马拉硫磷毒性仅与中华稻蝗体内磷酸葡糖变位酶(PGM)之间存在显著相关性,与苹果酸酶(ME)之间却不存在这种相关关系。第二,在与马拉硫磷毒性具有相关性的 *Pgm* 基因座上不同基因型个体对马拉硫磷毒性的

反应也存在差异,基因型 *Pgm-bb* 和 *Pgm-cc* 个体的死亡率差异显著(表 1、表 2),相对来说 *Pgm-bb* 基因型中华稻蝗个体对马拉硫磷毒性表现不敏感,而 *Pgm-cc* 基因型中华稻蝗个体却对马拉硫磷毒性表现非常敏感。第三,在 *Pgm* 基因座上不同等位基因对马拉硫磷毒性的反应不同,如表 2 所示,等位基因 *Pgm-b* 与 *Pgm-a*、*Pgm-c* 及 *Pgm-d* 之间均存在显著差异,具有高频率等位基因 *Pgm-b* 的中华稻蝗

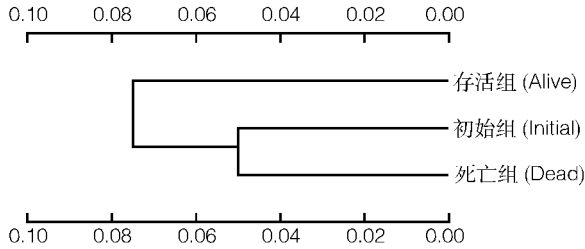


图 1 马拉硫磷处理后中华稻蝗存活组、死亡组及初始组之间基于 Roger's 遗传距离的聚类分析  
**Fig. 1 Cluster analysis using unweighted pair group method based on Roger's genetic distance for each *Oxya chinensis* groups treated with Malathion**

个体对马拉硫磷毒性表现不敏感。这些结果表明, 马拉硫磷对中华稻蝗不同等位酶基因型和等位基因个体具有选择性致死作用。因此, PGM 有可能作为一种监测中华稻蝗对马拉硫磷抗性发生发展的指标, *Pgm-bb* 基因型可作为其候选指标, 监测中华稻蝗对马拉硫磷的敏感和耐受程度, 以增强农药使用的针对性, 降低蝗害防治成本, 减轻农田环境污染。

中华稻蝗两种酶两个基因座的基因型频率均不同程度地偏离了哈代-温伯格(H-W)平衡, 这种偏离可能是由中华稻蝗的繁殖方式(内繁育, 孤雌生殖<sup>[26]</sup>)、无效等位基因、自然选择及生态环境条件等因素引起的。 $F$  值显示存活组中华稻蝗杂合基因型频率明显高于死亡组和初始组, 这种高的杂合基因型频率也是生物种群适应环境变化的基础之一, 由此可以看出马拉硫磷对中华稻蝗种群遗传结构产生了分化作用。

Roger's 遗传距离值在存活组与死亡组之间最高, 该值在存活组与初始组之间比死亡组与初始组之间大, 同样表明马拉硫磷对中华稻蝗种群遗传结构产生了分化作用。

等位酶分析应用于环境因子与生物种群遗传结构的关系分析是生态遗传毒理学的主要研究内容之一, 有着广泛的理论和实际应用意义。本文将该方法应用于农药毒性与中华稻蝗种群遗传结构的相关关系研究中, 得出了比较肯定的结论, 即, 马拉硫磷毒性与该地区中华稻蝗等位酶基因型之间存在相关关系。通过该项研究, 我们希望能将等位酶分析用作一种标记中华稻蝗种群抗性发展状况的策略, 以期有利于对中华稻蝗抗性发生发展的研究, 并将

其作为一种可指导农业用药提高防效的参考方法和手段。

和大多生态遗传毒理学研究一样, 本文所涉及的中华稻蝗基因型(或基因)频率与马拉硫磷毒性的关系是一种统计上的相关关系, 不一定构成因果关系, 严格来讲, 不能说某基因型或基因对某一环境因子有抗性, 而只能说二者之间有关联。然而, 正是因为这种相关关系的存在, 才使得本研究具有一定的意义。马拉硫磷毒性与陕西杨桥镇中华稻蝗体内磷酸葡糖变位酶(PGM)之间存在相关性, 就使得 PGM 作为一种监测该种群中华稻蝗抗药性发生发展的指标成为可能。

## 参考文献(References):

- [1] FENG Xiang-He, NIU Ze-Min. Discussion on the damage of rice grasshoppers and the index for control. *Entomological Knowledge*, 1994, 31(4): 198~200.  
冯祥和, 牛泽民. 中华稻蝗在水稻上危害损失及防治指标研究的商榷. 昆虫知识, 1994, 31(4): 198~200.
- [2] ZHENG Zhe-Min. *The Taxonomy of Grasshopper*. Xi'an: Shaanxi Normal University Press, 1993, 76~80.  
郑哲民. 蝗虫分类学. 西安: 陕西师范大学出版社, 1993, 76~80.
- [3] CUI Zhi-Xin, LIN Jin-Tian, ZHAO Shan-Huan. The effect of azadirachtin on respiration of nymphs of Chinese rice grasshopper. *Journal of Huazhong Agriculture University*, 2001, 20(6): 544~546.  
崔志新, 林进添, 赵善庆. 印楝素对中华稻蝗若虫呼吸作用的影响. 华中农业大学学报, 2001, 20(6): 544~546.
- [4] XU Sheng-Quan, ZHENG Zhe-Min. The study on the phylogenetic relationship of Acridoidea (Orthoptera) based on the female subgenital plate. *Entomotaxonomia*, 1999, 21(2): 79~83.  
许生全, 郑哲民. 蝗总科昆虫雌雄下生殖板及系统发育关系研究(直翅目). 昆虫分类学报, 1999, 21(2): 79~83.
- [5] MA En-Bo, BAI Gui-Rong, GUO Ya-Ping, REN Zhu-Mei, JIN Xiao-Di, MA La-Xian. A study on taxonomic value of follicles in catantopidae (Orthoptera: Acridoidea). *Acta Zoologica Sinica*, 2001, 47(Suppl.): 30~35.  
马恩波, 白贵荣, 郭亚平, 任竹梅, 金晓弟, 马拉仙. 斑腿蝗科精小管形态及其分类学意义探讨. 动物学报, 2001, 47(专刊): 30~35.
- [6] REN Zhu-Mei, MA En-Bo, GUO Ya-Ping. Genetic relationships among *Oxya chinensis* and other relative species revealed by Cyt *b* sequences. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29(6): 507~513.  
任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 山稻蝗及相关物种 Cyt *b* 基因序列及其遗传关系. 遗传学报, 2002, 29(6): 507~513.
- [7] WANG Bao-Cheng, MA En-Bo. Toxicity of two pesticides and

- their mixture to the 5 th instar larvae of grasshopper. *Journal of Shanxi University (Nat. Sci. Ed.)*, 2000, 23(4): 354~357.
- 王保成, 马恩波. 两种有机磷农药及混配农药的毒力测定. *山西大学学报(自然科学版)*, 2000, 23(4): 354~357.
- [8] REN Zhu-Mei, MA En-Bo, GUO Ya-Ping. Toxicity and genotoxicity of *Bacillus thuringiensis* (Berliner) to *Oxya chinensis* (Thunberg). *Acta Zoologica Sinica*, 2001, 47(Suppl.): 42~47.
- 任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 苏云金杆菌对中华稻蝗的毒力和致染色体畸变研究. *动物学报*, 2001, 47(专刊): 42~47.
- [9] REN Zhu-Mei, MA En-Bo, WEI Wei. Toxicity of veratramine and mateine to *Oxya chinensis* (Thunberg). *Acta Zoologica Sinica*, 2001, 47(Suppl.): 47~51.
- 任竹梅, 马恩波, 魏巍. 藜芦和苦参对中华稻蝗的毒力. *动物学报*, 2001, 47(专刊): 47~51.
- [10] REN Zhu-Mei, MA En-Bo, GUO Ya-Ping. Chromosome aberration assays for the study of cyclophamide and *Bacillus thuringiensis* in *Oxya chinensis* (Orthoptera: Acrididae). *Mutation Research*, 2002, 520: 141~150.
- [11] LI Chun-Xuan, DUAN Yi-Hao, ZHENG Xian-Yun, MA En-Bo. Genetic differentiation of different populations of four locust species in China. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(3): 234~244.
- 李春选, 段毅豪, 郑先云, 马恩波. 中国 4 种蝗虫不同种群的遗传分化. *遗传学报*, 2003, 30(3): 234~244.
- [12] WANG Zhong-Ren. *Plant Allozyme Analysis*. Beijing: Science Press, 1998.
- 王中仁. *植物等位酶分析*. 北京: 科学出版社, 1998.
- [13] LUO Hai-Yan, NIE Pin. The study of Helminth population genetics. *Hereditas (Beijing)*, 2002, 24(4): 477~482.
- 罗海燕, 聂品. 寄生蠕虫的群体遗传学研究. *遗传*, 2002, 24(4): 477~482.
- [14] YE Zhen-Qing, QIAO Chuan-Ling. Genetic diversity of *Culex pipiens* populations sampling from distinct areas. *Entomological Knowledge*, 2002, 39(1): 53~57.
- 叶镇清, 乔传令. 四个不同地理区域的库蚊复合组居群的遗传多样性研究. *昆虫知识*, 2002, 39(1): 53~57.
- [15] DUAN Yi-Hao, Sheldon I Guttman, James T Oris, A John Bailer. Genotypes and toxicity relationship among *Hyalella azteca*: I. Acute exposure to metals or low pH. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 2000, 19(5): 1412~1421.
- [16] LI Xuan, QIAO Chuan-Ling. Studies on the esterase allozyme of avamectin resistant diamondback moth (*Plutella xylostella* L.) Chinese Entomology Making towards 21 Century. Beijing: China Science Press, 379~381.
- 李 暄, 乔传令. 抗阿维菌素小菜蛾酯酶等位酶的研究. 走向 21 世纪的中国昆虫学. 北京: 中国科学出版社, 2000, 379~381.
- [17] William Can-Jen Maa, Sin-Chung Liao. Culture-dependent variation in esterase isozymes and malathion susceptibility of Diamondback moth, *Plutella xylostella* L. *Zoological Studies*, 2000, 39(4): 375~386.
- [18] Martel, C, A Rejasse. Host-plant-associated genetic differentiation in Northern French populations of the European corn borer. *Heredity*, 2003, 90(2): 141~149.
- [19] Raul Narciso C Guedes, Srinivas Kambhampati, Barry A Dover. Allozyme variation among Brazilian and U. S. populations of *Rhizopertha dominica* resistant to insecticides. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 1997, 84: 49~57.
- [20] Mitton, J. B. and K. R. Koehn. Genetic organization an adaptive response of allozymes of ecological variables in *Fundulus heteroclitus*. *Genetics*, 1975, 79: 97~111.
- [21] HE Hong-Wu, LIU Zhao-Jie. The development trend of organophosphorus pesticides and exploitation and utilization of less toxic organophosphorus pesticides(next). *World Pesticides*, 2001, 23(4): 1.
- 贺红武, 刘钊杰. 有机磷农药的发展趋势与低毒有机磷杀虫剂的开发和利用(下). *世界农药*, 2001, 23(4): 1.
- [22] Policy and role of law: notice about print and distribute the pesticides variety and the plant protection machine roll of recommended social hurtless farm produce. *Pesticide*, 2001, 41(8): 48.
- 政策与法规: 关于印发无公害农产品生产推荐农药品种和植保机械名单的通知. *农药*, 2001, 41(8): 48.
- [23] Murphy R W, J W Sites, D J Buth and C H Haufler. Protein I: isozyme electrophoresis. in: Hillis D M, Moritz C, Mable B K, eds. *Molecular Systematics*, 1996. (2nd, edition). Sunderland, MA, USA: Sinauer Associaye, Inc. Publisher.
- [24] Richardson B W, Sites J, Baverstock P R, Adams M. Allozyme Electrophoresis. Academic Press, Harcourt Brace Jovanovich, Publishersm, 1986.
- [25] Swofford D L, Selander R B. BIOSYS-1: a FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. *Journal of Heredity*, 1981, 72: 419~426.
- [26] Hong Z D and Y Ando. Parthenogenesis in three species of genus *Oxya* Japanese. *Journal of Applied Entomology and Zoology*, 1998, 42(2): 65~69.