

中国蝗科部分昆虫的分子生物地理学分析

刘殿锋, 张志轩, 蒋国芳*, 张大羽, 刘建文, 霍光明

南京师范大学生命科学学院, 江苏省生物资源技术重点实验室, 南京 210046;

濮阳职业技术学院生物工程与农业经济系, 濮阳 457000

* 联系人, E-mail: cnjgfl208@163.com

2008-12-28 收稿, 2009-02-18 接受

国家自然科学基金资助项目(批准号: 30160015)

摘要 在用 DNA 序列重建蝗科昆虫系统发育的基础上, 采用组成成分分析方法对中国蝗科部分昆虫分布区之间的关系进行了研究. 虽然用贝叶斯法、最小进化法和最大简约法得到的分子系统树并不完全一致, 但根据这些分子系统树得到的严格合意分布区分支图却完全相同. 严格合意分布区分支图表明, 在这些蝗虫的分布区中, 首先在东北区形成, 接着在青藏区形成, 然后依次在蒙新区、华北区、华东区形成, 最后在华中区、西南区和华南区形成. 总体来看, 位于中国北部的分布区和青藏区比位于中国南部的分布区形成要早, 其原因可能与第四纪冰期冰川的活动有关. 青藏区和东北区都是较早形成的分布区, 由于二者在地理位置上并不相邻, 因此可以推测在第四纪更新世后期的间冰期, 除了东北区外, 青藏区也是蝗科昆虫向其他分布区扩散的一个中心.

关键词

分子生物地理学
历史生物地理学
分子系统发育
组成成分分析
蝗科

生物地理学(Biogeography)是研究生物多样性的空间分布及其规律的科学, 研究领域涉及物种的分布、起源、扩散和分化等^[1-5]. 历史生物地理学(Historical Biogeography)是生物地理学的重要分支之一, 通过处理大范围尺度、跨越百万年的生态进化过程, 重建分类群与分布区的历史, 并作出与地史记录相吻合的生物分布格局的解释^[6-8]. 组成成分分析(component analysis)是一种比较成熟并且有相应软件支持的历史生物地理学研究方法^[8,9]. 由于该方法是在研究现存生物物种系统发育关系的基础上来分析生物地理分布的演化过程和重建生物地理历史过程, 并且基于严格的逻辑和计算过程, 所以越来越为人们所接受和使用. 经过 20 多年的发展, 组成成分分析的理论与方法得到了进一步完善, 在评价生物地理区划中的区域关系和研究生物地理起源方面得到了比较广泛的应用.

在国际蝗虫分类学中, 蝗科 Acrididae 隶属于蝗总科, 包括中国夏氏分类系统中的斑腿蝗科、斑翅蝗科、网翅蝗科、槌角蝗科及剑角蝗科的所有种类^[10],

是研究历史生物地理学的重要材料. 我国蝗科昆虫的生物多样性非常丰富, 但不同地区之间多样性分布差别很大, 形成了不同的蝗虫分布区. 那么, 我国蝗科昆虫分布区之间历史发生关系是怎样的? 蝗科昆虫最早在我国什么地方起源? DNA 序列中含有丰富的生物学信息, 不但记载了生物进化的历史, 还记载了地质变迁的历史^[11], 因此我们可以把它作为“化石”来研究生物地理学. 由于化石资料的缺乏, 以现存生物的 DNA 序列为证据、采用历史生物地理学的方法解释这些问题无疑是一种重要的有效途径.

随着 PCR 技术的发展和 DNA 测序技术的成熟, 应用 DNA 序列研究生物地理分布区之间的关系正受到越来越多学者的重视. 将分子系统学与历史生物地理学技术相结合研究生物地理分布格局的历史起因, 探究分布区之间的关系, 使生物地理学这门古老的学科焕发出新的生机. 本研究将分子系统学技术与历史生物地理学技术相结合, 即采用分子生物地理学的手段探讨了中国蝗科 21 种昆虫分布区之间的历史发生关系.

引用格式: 刘殿锋, 张志轩, 蒋国芳, 等. 中国蝗科部分昆虫的分子生物地理学分析. 科学通报, 2009, 54(6): 756-764

Liu D F, Zhang Z X, Jiang G F, et al. Molecular biogeography of some species of the Acrididae in China (in Chinese). Chinese Sci Bull (Chinese Ver), 2009, 54(6): 756-764

1 材料和方法

1.1 蝗科昆虫分布资料的收集与整理

查阅《中国动物志》及有关专著^[12~15], 结合我们自己在野外采集标本时获得的有关资料, 对分布于中国的蝗科部分昆虫地理分布信息进行统计, 本文所涉及蝗科昆虫的分布如表 1 所示。

1.2 实验材料与实验过程

本文分子实验所用蝗虫标本来源见表 2, 标本均为无水酒精保存, 实验材料均取自蝗虫的后足股节。DNA 提取方法同文献^[10], Cyt *b* 和 12S rDNA 的 PCR 扩增引物参照文献^[16]。Cyt *b* 的引物: CB1, 5'-TAT-GTACTACCATGAGGACAAATATC-3'; CB2, 5'-AT-TACACCTCCTAATTATTAGGAAT-3'。12S rDNA 的引物: SR-J-14233, 5'-AAGAGCGACGGGCGATG-TGT-3'; SR-N-14588, 5'-AACTAGGATTAGATAC-CCTATTAT-3'。Cyt *b* 和 12S rDNA 的 PCR 扩增过程参照文献^[17,18]。对扩增的条带亮且背景干净的样品进行回收, 测序由上海联合基因有限公司完成。

1.3 DNA 序列数据的处理及分子系统树的重建

将自测的与从 GenBank 中下载(表 3)的 22 种蝗虫 Cyt *b* 和 12S rDNA 序列用 Clustal X1.8^[19]进行比对, 比对结束后辅以人工校对, 将比对模糊区去除。用贝叶斯法(Bayesian method)、最小进化法(ME)和最大简约法(MP)构建系统发生树。贝叶斯分析用软件 MrBayes3.0b4^[20]进行, ME 和 MP 分析利用软件 PAUP4.0b10^[21]进行。

在重建系统发育树时, 用锥头蝗科锥头蝗亚科的纺梭负蝗 *Atractomorpha burri* 作外群进行比较。贝叶斯树构建时, 替换模型参数设置为 $nst = 6$, 位点间速率变异设置为 $rates = invgamma$, 同时建立 4 个马尔可夫链, 以随机树为起始树, 共运行 200000 代, 每 100 代抽样 1 次, 重复一次。在舍弃老化样本后, 根据剩余的样本构建一致树, 并计算相关参数; 构建 ME 树时利用 Tamura-Nei 模型, 采用启发式搜索的方法, Bootstrap 1000 次检验各支的置信度; 构建 MP 树时在转换和颠换等权下进行, 通过启发式搜索的方法, 将序列比对引入的空位作为缺失数据, Bootstrap 1000 次检验各支的置信度。

1.4 生物地理学分析与分布区分支图的构建

生物地理学分析采用组成成分分析法(component analysis), 利用软件 Component 2.0^[22]进行。首先分别

把贝叶斯树、ME 树、MP 树和蝗虫的地理分布编辑成 3 个 NEXUS 格式的文件, 然后利用软件 Component 2.0 对 3 个文件分别在假设 0 和假设 1 下分析。在 Component 2.0 程序中, 通过“Map widespread taxa”选项选择与否, 分别对假设 0 和假设 1 作出选择。选用 SPR (subcladogram pruning and regrafting) 的分支互换方法, 最小化添加, 用启发式搜索寻找解析分布区分支图。对每个假设下的所有分布区分支图进行严格合意(strict consensus), 得到严格合意分布区分支图。

2 结果

2.1 系统发育树

根据 Cyt *b* 和 12S rDNA 联合序列构建的贝叶斯树、ME 树和 MP 树如图 1~3 所示。比较 3 个分子系统树, 我们发现, 虽然在聚类关系上有很多相同之处, 但其拓扑结构也有许多不同之处。许多小的分支内部的聚类关系是相同的, 如红胫小车蝗 *Oedaleus manjius* 与疣蝗 *Trilophidia*, 黄脊雷甌蝗 *Rammeacris kiangsu annulata*、黑翅竹蝗 *Ceracris fasciata fasciata* 与思茅竹蝗 *Ceracris fasciata szemaoensis*, 华北雏蝗 *Chorthippus brunneus* 与白纹雏蝗 *Chorthippus albonemus*, 赤胫伪稻蝗 *Pseudoxya diminuta*、中华稻蝗 *Oxya chinensis* 与等歧蔗蝗 *Hieroglyphus banian*, 棉蝗 *Chondracris rosea rosea*、印度黄脊蝗 *Patanga succincta*、中华板胸蝗 *Spathosternum prasiniferum sinens* 与中华越北蝗 *Tonkinacris sinensis* 等分支其内部的系统发生关系相同。但是这些分支在 3 个分子系统树上的位置却并不完全相同。

2.2 分布区分支图

在假设 0 下, 分别根据贝叶斯树、ME 树、MP 树与蝗虫的地理分布信息, 都产生了同等简约的分布区分支图 3 个(dup = 21, add = 125, loss = 58 或 60; dup = 21, add = 119, loss = 52 或 54; dup = 21, add = 127, loss = 60 或 62), 分别经严格合意得到 3 个严格合意分布区分支图, 结果完全相同。

在假设 1 下, 根据贝叶斯树、ME 树、MP 树与蝗虫的地理分布信息, 各自都分别产生了同等简约的分布区分支图 3 个(dup = 20, add = 118, loss = 52 或 53; dup = 21, add = 119, loss = 52 或 54; dup = 21, add = 127, loss = 60 或 62), 分别经严格合意得到的 3 个严格合意分布区分支图完全相同, 并且与假设 0 下的分

表 1 本研究所涉及的蝗虫在中国的地理分布 a)

种名	东北区			华北区					蒙新区				华中区			华东区			华南区					西南区		青藏区			
	辽 宁	吉 林	黑 龙 江	河 北	山 西	河 南	陕 西	山 东	内 蒙 古	宁 夏	甘 肃	新 疆	湖 南	湖 北	江 西	江 苏	浙 江	安 徽	福 建	广 东	广 西	海 南	台 湾	四 川	贵 州	云 南	青 海	西 藏	
纺梭负蝗 <i>Atractomorpha burri</i>																			*	*	*			*	*	*			
中华板胸蝗 <i>Spathosternum prasiniferum sinense</i>													*		*	*			*	*	*	*		*	*				
印度黄脊蝗 <i>Patanga succincta</i>																			*	*	*	*	*		*	*			
棉蝗 <i>Chondracris rosea rosea</i>				*			*	*	*				*	*		*	*		*	*	*	*	*	*	*	*	*		
中华稻蝗 <i>Oxya chinensis</i>				*	*	*	*	*	*				*	*	*	*	*		*	*	*	*		*	*	*			
赤胫伪稻蝗 <i>Pseudoxya diminuta</i>																*		*	*	*				*	*				
等岐蔗蝗 <i>Hieroglyphus banian</i>																					*								
中华越北蝗 <i>Tonkinacris sinensis</i>													*								*			*	*	*			
短角外斑腿蝗 <i>Xenocatantops brachycerus</i>				*			*				*		*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		
大班外斑腿蝗 <i>Xenocatantops humilis</i>																				*	*	*				*			
异角胸斑蝗 <i>Apalacris varicornis</i>							*												*	*	*	*		*	*	*		*	
四川凸额蝗 <i>Traulia szetechuanensis</i>							*				*										*			*	*				
红胫小车蝗 <i>Oedaleus manjius</i>							*				*		*	*		*	*		*	*	*	*		*	*	*			
疣蝗 <i>Trilophidia annulata</i>	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
思茅竹蝗 <i>Ceracris fasciata szemaoensis</i>																					*					*			
黑翅竹蝗 <i>Ceracris fasciata fasciata</i>													*						*	*	*	*				*			
黄脊雷箠蝗 <i>Rammeacris kiangsu</i>							*						*	*	*	*	*	*	*	*	*	*		*		*			
长角佛蝗 <i>Phlaeoba antennata</i>																			*	*	*	*			*	*			
僧帽佛蝗 <i>Phlaeoba infumaia</i>							*						*	*	*	*			*	*		*		*	*	*			
威廉剑角蝗 <i>Acrida willemsei</i>																					*	*						*	
华北雏蝗 <i>Chorthippus brunneus</i>	*	*	*	*	*		*		*	*	*	*												*			*	*	
白纹雏蝗 <i>Chorthippus albonemus</i>							*			*	*																*		

a) *表示在该地区有分布

表 2 样品采集信息及获得序列的 GenBank 登录号

序号	亚科	种名	采集地	采集日期	GenBank 登录号	
					12S	Cyt b
1	锥头蝗亚科 Pyrgomorphinae	纺梭负蝗 <i>Atractomorpha burri</i>	广西龙州	2002.7	AY247198	AY382872
2	板胸蝗亚科 Spathosterninae	中华板胸蝗 <i>Spathosternum prasiniferum sinense</i>	广西防城	2002.4	AY247167	
3	刺胸蝗亚科 Cytacanthacridinae	印度黄脊蝗 <i>Patanga succincta</i>	广西防城	2002.4	AY247185	AY382874
4		棉蝗 <i>Chondracris rosea rosea</i>	广西南宁	2002. 6	AY247184	
5	稻蝗亚科 Oxyinae	中华稻蝗 <i>Oxya chinensis</i>	广西田林	2002.8	AY247182	
6		赤胫伪稻蝗 <i>Pseudoxya diminuta</i>	广西防城	2002.4	AY247170	
7		等岐蔗蝗 <i>Hieroglyphus banian</i>	广西龙州	2002.7	AY247173	DQ365909
8	黑蝗亚科 Melanoplinae	中华越北蝗 <i>Tonkinacris sinensis</i>	广西田林	2002.8	AY247186	
9	斑腿蝗亚科 Catantopinae	短角外斑腿蝗 <i>Xenocatantops brachycerus</i>	广西田林	2002.5	AY247177	
10		大斑外斑腿蝗 <i>Xenocatantops humilis</i>	广西金秀	1998. 9	AY247178	
11		异角胸斑蝗 <i>Apalacris varicornis</i>	广西龙州	2002.7	AY247192	
12		四川凸额蝗 <i>Traulia szetechuanensis</i>	广西田林	2002.6	AY247174	
13	斑翅科亚科 Oedipodinae	红胫小车蝗 <i>Oedaleus manjius</i>	甘肃迭部	2004. 8		AY382876
14		疣蝗 <i>Trilophidia annulata</i>	广西龙州	2002.7		AY382875
15	蝗亚科 Acridinae	思茅竹蝗 <i>Ceracris fasciata szemaoensis</i>	广西龙州	2002.7	AY995320	DQ365918
16		黑翅竹蝗 <i>Ceracris fasciata fasciata</i>	广西乐业	2002.7	AY995319	DQ365919
17		黄脊雷箠蝗 <i>Rammeacris kiangsu</i>	江苏镇江	2003.8	AY995316	DQ365920
18		长角佛蝗 <i>Phlaeoba antennata</i>	广西龙州	2002.7	AY247187	DQ411523
19		僧帽佛蝗 <i>Phlaeoba infumaia</i>	江西浮梁	2005.8	AY247176	DQ365917
20		威廉剑角蝗 <i>Acrida willemsei</i>	广西龙州	2002.7	AY247188	AY382877
21	槌角蝗亚科 Gomphocerinae	华北雏蝗 <i>Chorthippus brunneus</i>	吉林长白山	2004.8		DQ365916
22		白纹雏蝗 <i>Chorthippus albonemus</i>	宁夏贺兰山	2004.8	AY995323	DQ411522

表 3 用于本文分析的 GenBank 中的序列数据

序号	亚科	种名	GenBank 登录号			
			Cyt b	提交者及时间	12S rDNA	提交者及时间
1	板胸蝗亚科 Spathosterninae	中华板胸蝗 <i>Spathosternum prasiniferum sinense</i>	DQ366765	Lu and Huang, 2006		
2		棉蝗 <i>Chondracris rosea rosea</i>	DQ366769	Lu and Huang, 2006		
3	稻蝗亚科 Oxyinae	中华稻蝗 <i>Oxya chinensis</i>	DQ366749	Lu and Huang, 2006		
4		赤胫伪稻蝗 <i>Pseudoxya diminuta</i>	DQ366756	Lu and Huang, 2006		
5	黑蝗亚科 Melanoplinae	中华越北蝗 <i>Tonkinacris sinensis</i>	DQ366752	Lu and Huang, 2006		
6	斑腿蝗亚科 Catantopinae	短角外斑腿蝗 <i>Xenocatantops brachycerus</i>	DQ366747	Lu and Huang, 2006		
7		大班外斑腿蝗 <i>Xenocatantops humilis</i>	DQ366768	Lu and Huang, 2006		
8		异角胸斑蝗 <i>Apalacris varicornis</i>	DQ366762	Lu and Huang, 2006		
9		四川凸额蝗 <i>Traulia szetechuanensis</i>	DQ366751	Lu and Huang, 2006		
10	斑翅科亚科 Oedipodinae	红胫小车蝗 <i>Oedaleus manjius</i>			AY560522	Ye, 2004
11		疣蝗 <i>Trilophidia annulata</i>			AY560525	Ye, 2004
12	槌角蝗亚科 Gomphocerinae	华北雏蝗 <i>Chorthippus brunneus</i>			AF232896	Sutherland and Axton, 2003

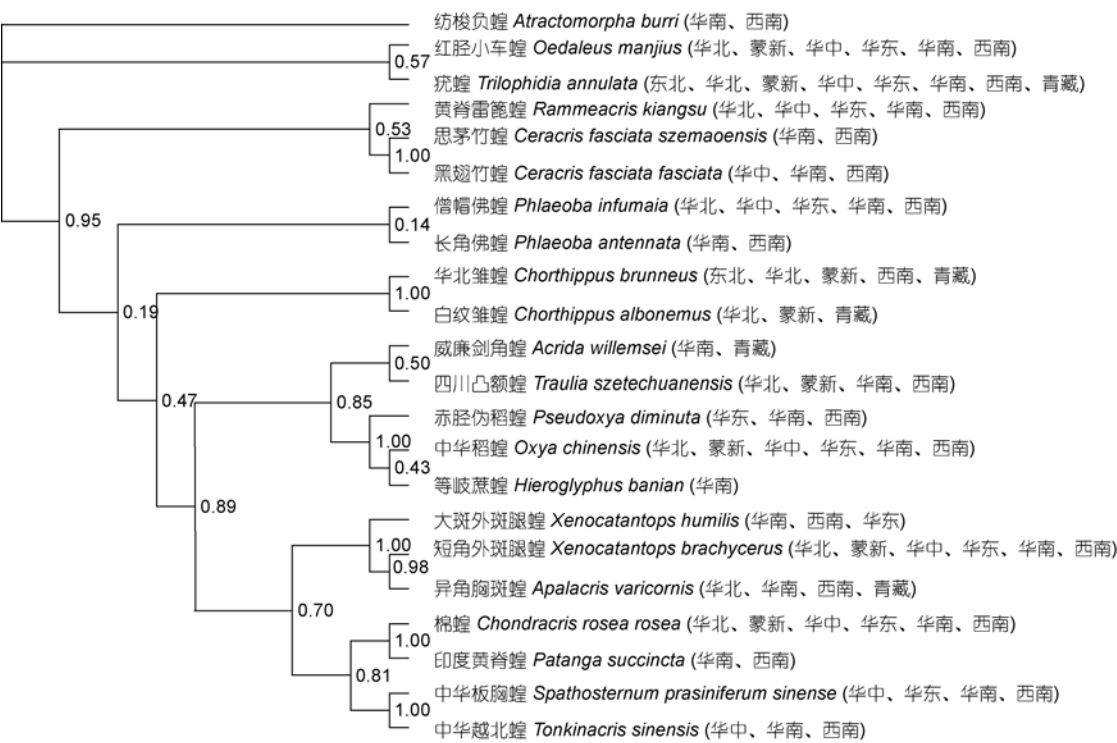


图 1 基于 12S+Cyt b 的联合数据得到的贝叶斯系统发育树
节点处的数字为后验概率

布区分支图也完全相同。

简而言之，根据 3 个分子系统树在假设 0 和假设 1 下得到的 6 个严格合意分布区分支图完全相同。分布区分支图如图 4 所示。

从分布区分支图上看，这些蝗科昆虫分布区的形成顺序是：首先在东北区形成，接着在青藏区形成，然后依次在蒙新区、华北区、华东区形成，最后在华中区、西南区和华南区形成。由于华中区、西南区和

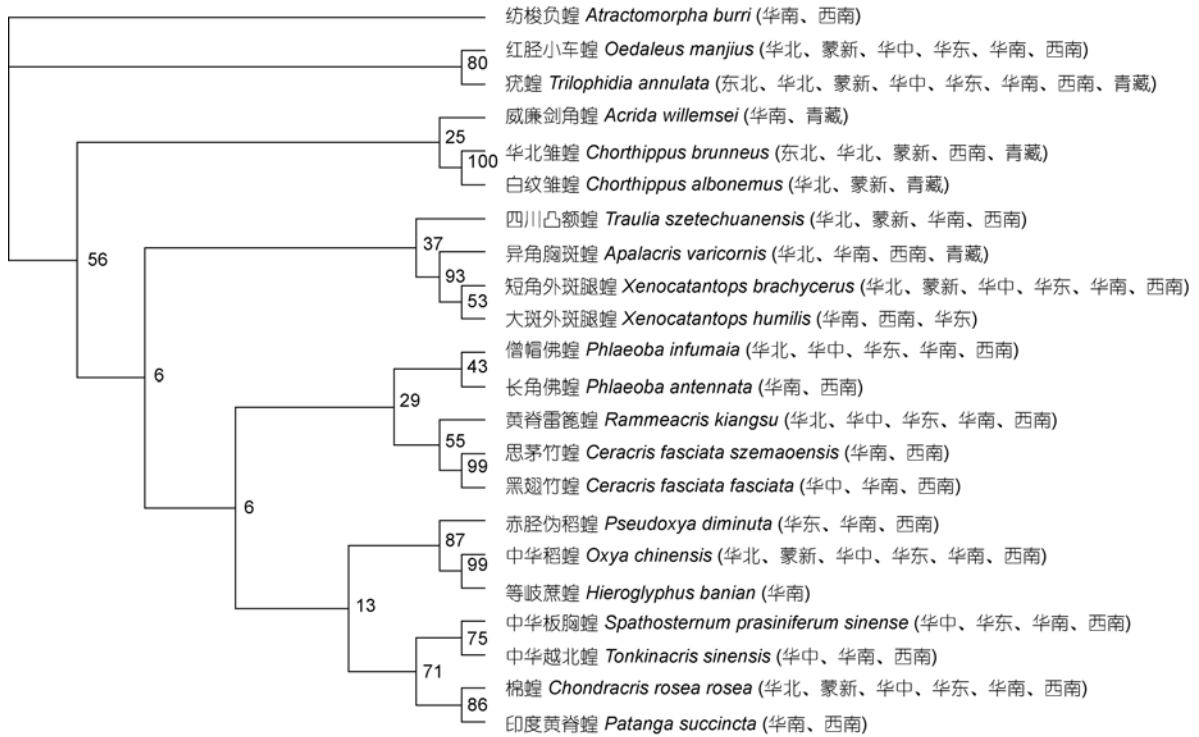


图 2 基于 12S+Cyt *b* 的联合数据得到的 ME 系统发育树
节点处的数字为 1000 次自展检验值

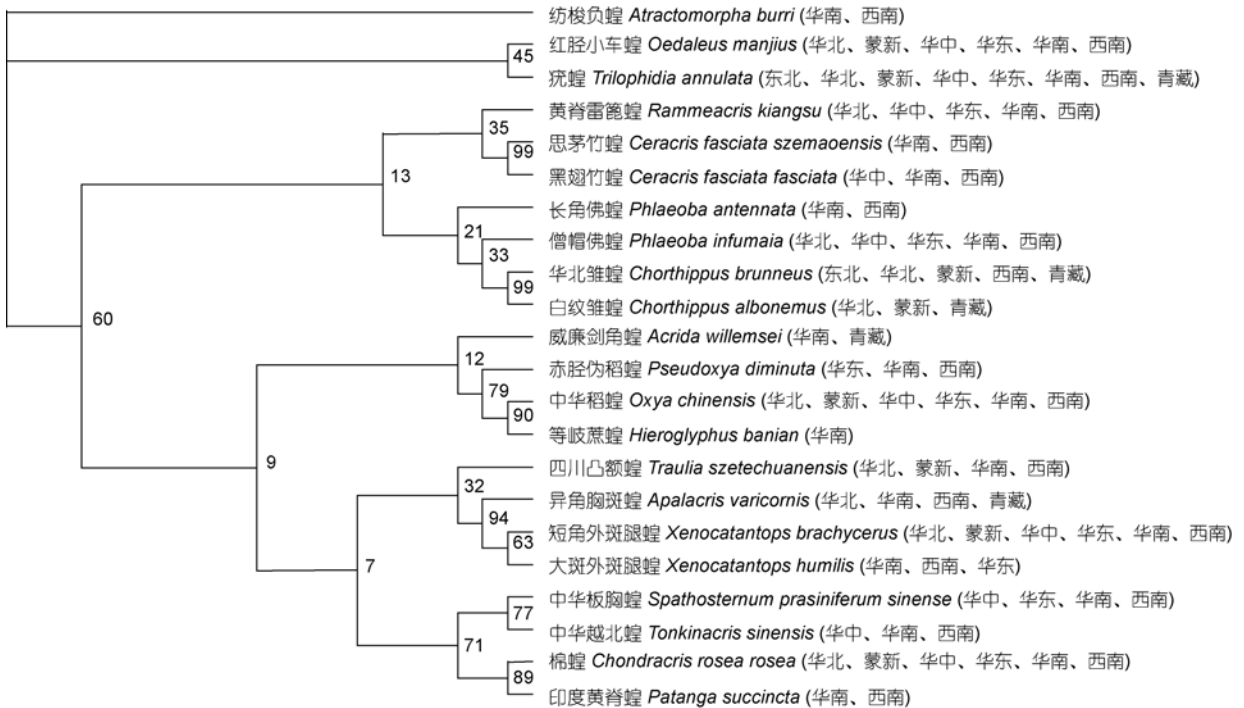


图 3 基于 12S+Cyt *b* 的联合数据得到的 MP 系统发育树
节点处的数字为 1000 次自展检验值

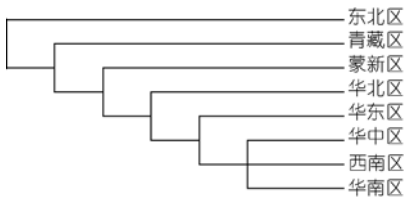


图 4 在假设 0 或假设 1 下的严格合意分布区分支图

华南区之间的关系在同等简约的分布区分支图中并不一致, 因此严格合意的分布区分支图并没能解决三者之间的关系问题。

3 讨论

3.1 运用 DNA 序列探讨种上阶元昆虫的历史生物地理学的可行性

DNA 序列中含有丰富的生物学信息, 记载了生物进化的历史, 可以说是一种“活化石”, 只要我们运用适当的方法, 不仅可以解读生物进化的历史信息, 还可以解读生物现有分布格局与气候变化、地壳运动等历史事件的关系, 追溯其形成原因。随着分子生物学技术的成熟, 运用分子数据特别是 DNA 序列研究昆虫的历史生物地理学越来越成为生物地理学研究中的一个热点, 但目前还主要集中在昆虫种群的系统地理学研究方面。在运用 DNA 序列探讨种上阶元昆虫的生物地理学方面, 文献还不多见。

根据由 DNA 序列重建的分子系统树研究昆虫的历史生物地理学可行吗? 从事昆虫分子系统学研究的学者经常发现运用不同的方法(如贝叶斯法、MP 法、ME 法、ML 法等)构建种上阶元昆虫的分子系统树时, 其拓扑结构往往并不完全一致。那么这些分子系统树还能否用来研究昆虫的历史生物地理学? 本研究中, 我们基于 Cyt *b* 和 12S rDNA 序列运用贝叶斯法、ME 法和 MP 法重建了 3 个分子系统树。3 个分子系统树在聚类关系上既有许多相同或相似之处, 也有一些不同之处。但根据贝叶斯树、ME 树、MP 树在假设 0 下得到的 3 个严格合意分布区分支图完全相同, 在假设 1 下得到的 3 个严格合意分布区分支图也完全相同。这说明虽然 3 个分子系统树的拓扑结构并不完全一致, 但仍能够为探讨蝗科 21 种昆虫的生物地理学提供足够的信息, 同时也说明了运用 DNA 序列探讨种上阶元昆虫的历史生物地理学是完全可行的。

3.2 蝗科 21 种昆虫分布区形成的顺序与原因分析

从分布区分支图上看, 蝗科 21 种昆虫分布区的

形成顺序是: 首先在东北区和青藏区形成, 然后依次在蒙新区、华北区、华东区形成, 最后在华中区、西南区和华南区形成。总体来看, 位于中国北部的分布区和青藏区比位于中国南部的分布区形成要早。我们以前通过特有性简约性方法对中国蚱科昆虫的历史生物地理学研究结果也表明, 位于中国北部的分布区比位于中国南部的分布区形成要早^[23]。我们推测其原因可能与第四纪冰期冰川的活动有关。第四纪以来的全球性冰期气候波动, 对于各大洲的物种分布都造成了一定程度的影响, 是塑造现代生物遗传多样性分布格局的最重要原因^[24]。

在第四纪更新世, 当冰川向南推进时, 分布于中国北部和青藏区的蝗虫由于对寒冷气候的适应性强, 因此一些种类能够生存下来, 而中国南部原有的蝗虫由于本身对寒冷气候的适应性差, 不能适应冰川带来的寒冷气候, 除栖息在避难所的极少数蝗虫幸存下来外, 大部分都灭绝了。末次冰期后, 中国北部和青藏区仍相当程度上保留着冰川前分布的蝗虫种类, 而中国南部的分布区基本上都是每次冰川后由北部扩散的蝗虫经以后冰川事件隔离分化重新形成的种类。因此在蝗科 21 种昆虫的几个分布区中, 中国北部的分布区和青藏区比中国南部的分布区形成要早。

3.3 东北区最早形成的原因

我们以前曾基于对分布于中国的蚱科昆虫的统计, 根据“生物多样性最低的分布区可能是原始的分布区”这一特有性简约性分析原理, 推测蚱科昆虫分布区中东北区应是几个分布区中最早形成的^[23]。本研究中, 利用分子数据, 采用组成成分分析法对蝗科 21 种昆虫历史生物地理的研究结果表明, 东北区在这些蝗虫的分布区中也是最早形成的。之所以出现这种一致的现象, 我们认为与东北区冬季寒冷的气候特征有关。在更新世, 几个分布区中东北区冰期与间冰期的冬季气温都非常低, 差别最小。东北区不但是我国纬度位置最高的地区, 而且从北冰洋来的寒潮与西伯利亚的极地大陆气团经常侵入, 致使气温骤降。多种因素的共同作用使东北区冬季气温较同纬度大陆低得很多, 造成了东北区冬季寒冷漫长, 最低气温比蒙新区、华北区、华东区、华中区、西南区和华南区都要寒冷。栖息在东北区的蝗虫, 早已产生了抵抗严寒的机制, 即使在第四纪更新世的冰期, 许多蝗虫也能存活下来, 并且在间冰期向南扩散。末次

冰期结束后,蒙新区、华北区、华东区、华中区、西南区和华南区都逐步形成了现在的蝗科昆虫分布格局,而东北区分布的蝗科昆虫与更新世冰川期甚至冰川期前的相比,变化幅度相对较小,在分布区分支图上是早期形成的一个。

3.4 青藏区可能是更新世后期间冰期蝗科昆虫的另外一个扩散中心

从分布区分支图上看,21种蝗虫分布区中东北区和青藏区形成比其他分布区要早。由于二者在地理位置上并不相邻,因此可以推测在第四纪更新世的间冰期,除了东北区外,青藏区也是蝗科昆虫向其他分布区扩散的一个中心。

从分布区分支图上看,青藏区与东北区都是较早形成的分布区,但青藏区形成晚于东北区,其原因可能与青藏区在更新世前期甚至中期海拔抬升得并不太高有关。在第三纪晚期印度板块与欧亚板块相

撞后,青藏区慢慢隆起^[25-27]。根据分布区分支图我们可以推测,在第四纪更新世的前期,青藏区抬升得并不太高,每次冰期来时,由于原来栖息在这里的蝗科昆虫不能适应冰川带来的严寒,大部分都灭绝了;在间冰期,从其他区又扩散过来一些蝗科昆虫。到了第四纪更新世后期,青藏区的海拔逐渐已经抬升很高了,气候已变得寒冷,这时栖息在这里的蝗科昆虫经过长期的进化,已经适应了寒冷的气候,即使在冰川到来时,许多种类也能存活下来。在间冰期,青藏区存活下来的蝗科昆虫向其他区扩散,和东北区一样,也成为了一个扩散中心。因此,与东北区仍一定程度上保留更新世冰川期甚至冰川期前蝗科昆虫的分布特征相比,青藏区在末次冰期结束后很大程度上仍保留着更新世冰川后期蝗科昆虫的分布特征。所以,青藏区虽也是较早形成的一个蝗科昆虫分布区,但形成应该晚于东北区。

参考文献

- O'Malley M A. The nineteenth century roots of 'everything is everywhere'. *Nature*, 2007, 5: 647—651
- Posadas P, Crisci J V, Katinas L K. Historical biogeography: A review of its basic concepts and critical issues. *J Arid Environ*, 2006, 66: 389—403 [\[DOI\]](#)
- Brown J H, Lomolino M V. *Biogeography*. 2nd ed. Mass: Sinauer Ass, 1998
- Cox C B, Moore P D. *Biogeography*. 5th ed. Oxford: Blackwell Scientific Publications, 1993
- 陈领, 宋延龄. 生物地理学理论的发展. *动物学杂志*, 2005, 40(4): 111—120
- Glaubrecht M. A look back in time: Toward an historical biogeography as a synthesis of systematic and geologic patterns outlined with limnic gastropods. *Zoology*, 2000, 102: 127—147
- 张奠湘. 历史生物地理学的进展. *热带亚热带植物学报*, 2003, 11(3): 283—289
- 张明理. 历史生物地理学的理论和方法. *地学前缘*, 2000, 7(增刊): 33—44
- 许升全, 郑哲民. 支序生物地理学方法的发展和应用 I: 方法的发展. *陕西师范大学学报(自然科学版)*, 2000, 28(2): 87—91
- 刘殿锋, 蒋国芳. 基于 18S rDNA 的蝗总科分子系统发育关系研究及分类系统探讨. *昆虫学报*, 2005, 48(2): 232—241
- 刘殿锋, 蒋国芳. 核基因序列在昆虫分子系统学上的应用. *动物分类学报*, 2005, 30(3): 484—492
- 郑哲民. 蝗虫分类学. 西安: 陕西师范大学出版社, 1993
- 夏凯龄. 中国动物志, 昆虫纲, 第 43 卷. 直翅目, 蝗总科(蝗科、瘤蝗科、锥头蝗科). 北京: 科学出版社, 1994
- 郑哲民, 夏凯龄. 中国动物志, 昆虫纲, 第 10 卷. 直翅目, 蝗总科(斑翅蝗科和网翅蝗科). 北京: 科学出版社, 1998
- 印象初, 夏凯龄. 中国动物志, 昆虫纲, 第三十二卷, 直翅目, 蝗总科(槌角蝗科和剑角蝗科). 北京: 科学出版社, 2003
- Simon C, Frati F, Beckenbach A, et al. Evolution, weighting and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved PCR primers. *Annal Entomol Soc Am*, 1994, 87: 651—701
- Huo G M, Jiang G F, Sun Z L, et al. Phylogenetic reconstruction of the family Acrypteridae (Orthoptera: Acridoidea) based on mitochondrial cytochrome *b* Gene. *J Genet Genomics*, 2007, 34(4): 294—306 [\[DOI\]](#)
- 曾维铭, 蒋国芳, 张大羽, 等. 用 12S rRNA 基因序列研究斑腿蝗科二属六种的进化关系. *昆虫学报*, 2004, 47(2): 248—252
- Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. The Clustal X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res*, 1997, 24: 4876—4882 [\[DOI\]](#)
- Huelsenbeck J P, Ronquist F. MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, 2001, 17: 754—755 [\[DOI\]](#)
- Swofford D L. PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (* and other methods), Version 4.0. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, 2002
- Page R D M. COMPONENT User's Manual Release 2.0. Auckland, New Zealand: Published by the Author, 1993

- 23 刘殿锋, 董自梅, 谷延泽, 等. 中国蚱科昆虫分布格局的特有性简约性分析. 生物多样性, 2008, 16(3): 298—304
- 24 杨玉慧, 张德兴, 李义明, 等. 中国黑斑蛙种群的线粒体 DNA 多样性和生物地理演化过程的初探. 动物学报, 2004, 50(2): 193—201
- 25 李炳元, 潘保田. 青藏高原古地理环境研究. 地理研究, 2002, 21(1): 61—70
- 26 梁爱萍. 西藏南部及其邻近地区沫蝉总科(半翅目)昆虫的动物地理学研究. 动物分类学报, 2003, 28(4): 589—598
- 27 汤懋苍, 柳艳香. 青藏高原隆升的深层原因及其环境后果. 第四纪研究, 2001, 21(6): 500—507

Molecular biogeography of some species of the Acrididae in China

LIU DianFeng^{1,2}, ZHANG ZhiXuan², JIANG GuoFang¹, ZHANG DaYu¹, LIU JianWen¹
& HUO GuangMing¹

¹ Jiangsu Key Laboratory for Bioresource Technology, College of Life Sciences, Nanjing Normal University, Nanjing 210097, China;

² Department of Bioengineering and Agronomics, Puyang Vocational & Technical Institute, Puyang 457000, China

Based on the phylogenetic relations from DNA sequences, the relationships among distributional areas of some Acrididae insects in China were examined using component analysis. The molecular phylogenetic trees, including bayesian tree, ME tree and MP tree, produced different topologies, but the topologies of the strict consensus area cladograms from different molecular phylogenetic trees were identical. The strict consensus area cladograms suggested that the patterns of distribution of these insects formed firstly in northeastern China, secondly in Qinghai-Xizang, then in North China, Mongolia-Xinjiang and East China in turn, finally in Central China, South China and Southwest China. The distributional areas in north China and Qinghai-Xizang formed earlier than others. This phenomenon is likely related to Pleistocene glacier movements. Because northeastern China and Qinghai-Xizang formed earlier than other distributional areas and they are not adjacent to each other, we supposed that Qinghai-Xizang, in addition to northeastern China, was also a dispersal centre of the Acrididae insects in interglacial stages of the late Pleistocene.

molecular biogeography; historical biogeography; molecular phylogeny; component analysis; Acrididae

· 动 态 ·

训练可以恢复动物发育中受损的时域处理能力

哺乳动物的脑在出生后会经历一个快速发育和成熟的过程, 该阶段被称为“关键期”。在此期间, 脑的结构和功能很容易受到环境、经验等各种因素的影响。将幼年大鼠置于低频调制噪声中可以引起其听觉皮层时域处理的永久损伤。华东师范大学周晓明和美国加州大学旧金山分校 Michael M. Merzenich 发现, 通

过对处于幼年或成年早期的受损动物进行大强度训练, 有可能可以克服因关键期诱导产生的缺陷, 恢复正常的时域处理能力。并且这种恢复的时域应答能力可以在训练停止后保持一段很长的时间。相关研究论文发表在 2009 年 1 月 *Nature Neuroscience*, 9(1): 26—28 上。

信息来源: 科技部基础研究司, 科技部基础研究管理中心