

南京地区五种常见刺蛾的遗传变异*

赵博光 陈军杰

(南京林业大学林学系, 南京 210037)

摘要 用4种同工酶的电泳数据分析了南京地区分属于4个属的5种刺蛾之间的遗传变异。用这些数据按算术平均的不加权对群法作出的系统树和排序图表明: 丽绿刺蛾 *Parasa lepida* 和褐边绿刺蛾 *P. consocia*, 黄刺蛾 *Cnidocampa flavescens* 和桑褐刺蛾 *Setora postornata* 之间的遗传相似性较近。这些结果大致与形态分类一致, 但从电泳数据分析得到的黄刺蛾与桑褐刺蛾之间的亲缘关系却比形态分类的结果更近一些。

关键词 刺蛾 等位基因酶

近年来等位基因酶的电泳技术在国外被广泛用于研究昆虫的遗传和进化关系(Berlacher, 1984)。在国内也有这方面的研究报道(李绍文, 1985, 1987, 1989; 缪建吾等, 1980; 阎一林等, 1987)。

许多刺蛾是我国城市园林绿化、农田防护、特种经济林及果树的害虫。其中黄刺蛾、褐边绿刺蛾、桑褐刺蛾、丽绿刺蛾和扁刺蛾为南京地区常见阔叶树木害虫。

本文报导用聚丙烯酰胺凝胶电泳测定该5种刺蛾成虫的5个座位的结果, 并据电泳数据按算术平均的不加权对群法绘制了系统树, 按排序方法绘制了双轴排序图, 讨论了它们之间的亲缘关系。

材料和方法

于春季在南京地区园林树木上采集: 黄刺蛾 *Cnidocampa flavescens*, 褐边绿刺蛾 *Parasa consocia*, 丽绿刺蛾 *P. lepida*, 桑褐刺蛾 *Setora postornata*, 扁刺蛾 *Thosea sinensis* (中名及拉丁名均依中国科学院动物所, 1981)的茧, 并按其不同的习性将茧分别放入盛有细土的瓷盘或盛有滤纸的培养皿中, 放入恒温箱中保持温度23℃左右, 湿度50—80%, 待成虫羽化。

将成虫个体置于玻璃匀浆器中, 加入0.3ml 20%的蔗糖溶液, 在冰浴中匀浆后, 于离心机中4000g离心10分钟, 上清液移至另一离心管中, 同样方法再离心10分钟, 将其上清液吸入样品管中, 置冰箱冷冻室中备用。用溴甲酚兰做指示剂, 牛血清蛋白做对照标准。加样量为15μl, 电泳开始时, 控制每板10mA电流, 当溴甲酚兰色带进入分离胶时, 改为20mA。溴甲酚兰色带到达胶板端部时, 停止电泳。

多型座位指在同一种内出现最常见的等位基因, 其频率小于或等于0.99; 大于0.99时, 该座位则为单型座位。按Nei(1972)方法计算各种之间的遗传相似度(I)和遗传

本文于1989年9月收到。

* 本校田恒德教授、严放金副教授指导和协助鉴定昆虫, 特此致谢。

距离 (D), 用算术平均的不加权对群法 (Ferguson, 1980) 绘系统树, 用排序方法 (考克斯, 1979) 绘双轴排序图。

结 果

所测定的 5 个座位上 5 种刺蛾的等位基因频率见表 1。

表 1 五种刺蛾的等位基因频率表

座 位	等位基因	褐边绿刺蛾	丽绿刺蛾	扁刺蛾	桑褐刺蛾	黄刺蛾
EST-3	n	19	18	21	18	19
	A	0	0.222	0	0.167	0.088
	B	0.026	0.278	0.024	0.056	0.029
	C	0	0	0.262	0.139	0.059
	D	0.052	0.306	0.167	0.056	0.118
	E	0.079	0	0.238	0.222	0.176
	F	0.026	0.083	0.119	0.083	0.324
	G	0.237	0.083	0.071	0.056	0.029
	H	0.421	0.028	0.071	0.056	0.176
EST-4	I	0.158	0	0.048	0.167	0
	n	19	18	21	18	19
	A	0.316	0.056	0	0.305	0.529
	B	0.052	0	0	0.083	0.176
	C	0.368	0.222	0	0.167	0.206
	D	0.105	0.194	0.071	0.111	0
	E	0.079	0.278	0.548	0.167	0.029
	F	0.052	0.026	0.048	0.056	0.059
	G	0	0.056	0.119	0	0
GOT	H	0.026	0.167	0.024	0.111	0
	I	0	0	0.190	0	0
	n	41	18	31	21	21
	A	0	0	0	0	0.024
	B	0	0	0	0.381	0.059
	C	0	0	0	0.071	0.262
	D	0	0	0	0.167	0.024
	E	0	0	0	0.095	0.262
	F	0	0	0	0.071	0.238
G-6-PDH	G	0	0	0.161	0.024	0.095
	H	0	0	0.823	0	0
	I	0	0	0	0.119	0
	J	0	1.000	0.016	0.071	0
	K	0.195	0	0	0	0
	L	0.805	0	0	0	0
	n	26	21	18	17	11
	A	0.019	0	0	0	0
	B	0.173	0	0	0	0
G-6-PDH	C	0.788	1.000	0.389	0.105	0.222
	D	0.019	0	0.556	0.342	0.222
	E	0	0	0.056	0.237	0.444
	F	0	0	0	0.211	0.111
	G	0	0	0	0.105	0
AO	n	11	4	4	6	5
	A	0.091	0	0	0	0
	B	0.273	0	0.250	0	0
	C	0.364	0	0.750	0.333	0.800
	D	0.091	0	0	0	0.200
	E	0.182	0	0	0.667	0

注: n 为测定个体数。

酯酶 (EST): 该酶的图谱比较复杂, 有多个座位, 其中只有两个座位可判读, 做了遗传分析, 即 EST-3 和 EST-4, 它们均有多个等位基因。褐边绿刺蛾, 丽绿刺蛾和扁刺蛾

在 EST-3 和 EST-4 座位的杂合子呈二条带,而桑褐刺蛾和黄刺蛾的杂合子在这两个座位上却呈三条带。

谷(氨酸)、草(酰乙酸)、转氨酶 (GOT) 该酶只有一个座位。丽绿刺蛾为单型,其余 4 种在该座位均为多型,且杂合子为三条带,为二聚体酶。褐边绿刺蛾、扁刺蛾,桑褐刺蛾和黄刺蛾在该座位均有特异酶带出现,可以做为鉴定性座位来鉴别这几种刺蛾。

6-磷酸-葡萄糖脱氢酶 (6-P-GDH) 该酶只有一个座位, 杂合子均呈现二条带,为单体酶。丽绿刺蛾在该座位为单型,而其余 4 种刺蛾在该座位均呈多型。

醛氧化酶 (AO): 该酶只有一个座位。丽绿刺蛾样品在测定该酶时不表现活性,其余 4 种被测定的刺蛾在该座位均表现多型,杂合子均呈二条带,为典型的单体酶。

由上述 5 个座位的 42 个等位基因频率数据 计算得到的遗传相似度 (I) 和 Nei 氏遗传距离 (D) 见表 2, I 值范围为 0.238—0.604, D 值范围为 0.504—1.435。用上述数据按算术平均的不加权对群法绘出的系统树见图 1。由图 1 可以看出黄刺蛾与桑褐刺蛾亲缘关系最近。丽绿刺蛾和褐边绿刺蛾之间亲缘关系也较近。

表 2 五种刺蛾的 Nei 氏遗传相似度 (I, 对角线上方)和遗传距离 (D, 对角线下方)

	褐边绿刺蛾	丽绿刺蛾	扁刺蛾	桑褐刺蛾	黄刺蛾
褐边绿刺蛾	—	0.466	0.359	0.364	0.444
丽绿刺蛾	0.763	—	0.323	0.264	0.438
扁刺蛾	1.024	1.130	—	0.413	0.495
桑褐刺蛾	1.011	1.331	0.884	—	0.604
黄刺蛾	0.812	1.435	0.703	0.504	—

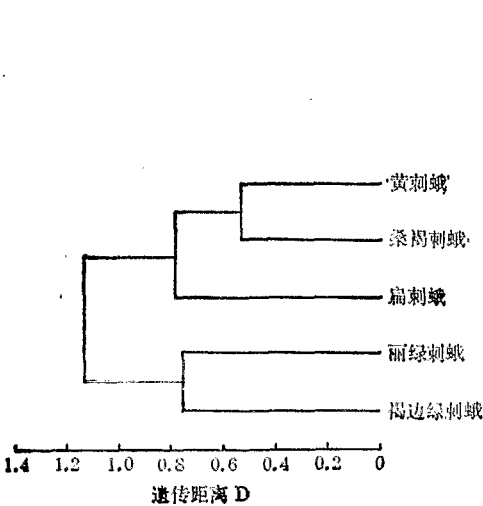


图 1 五种刺蛾的算术平均的不加权对群法系统树

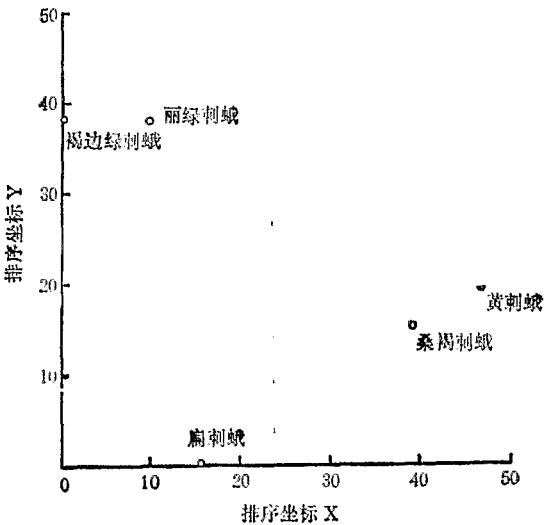


图 2 五种刺蛾的排序图

按以上电泳数据计算得到 5 种刺蛾相互之间相似值和不相似值,相似值总和 (Σ) 与 X_i, E_i, Y_i 值见表 3。在此基础上绘出双轴系统的排序图见图 2。由排序间距 X_i 和不相似

似值 Y_i 计算得相关系数 $r \approx 0.80$ 为紧密相关,说明排序结果没有失真。排序图的结果与系统树的结果相一致。

表3 相似值(对角线上方)、不相似值(对角线下方)、相似总和(Σ)与 X_i, E_i, Y_i 的计算结果

	褐边绿刺蛾	丽绿刺蛾	扁刺蛾	桑褐刺蛾	黄刺蛾	Σ	X_i	E_i	Y_i
褐边绿刺蛾	—	33.3	38.1	40.7	46.9	159.0	0	0	38.1
丽绿刺蛾	66.7	—	33.3	41.7	48.8	157.1	9.7	31.5	38.1
扁刺蛾	61.9	66.7	—	37.0	46.9	155.3	15.5	34.8	0
桑褐刺蛾	59.3	58.3	63.0	—	14.8	134.2	38.8	12.3	15.3
黄刺蛾	53.1	51.2	52.2	85.2	—	157.4	46.9	0	19.5

讨 论

由电泳数据做出的算术平均的不加权对群法系统树和双轴系统的酶谱排序图结果一致表明:黄刺蛾与桑褐刺蛾亲缘关系在这5种刺蛾中最近,褐边绿刺蛾和丽绿刺蛾亲缘关系较近。由酶谱排序图看出:扁刺蛾与其余4种刺蛾关系则较远。

以往的研究资料表明:种间遗传距离的平均值 $\bar{D} \approx 0.645$, 遗传相似度平均值 $\bar{I} \approx 0.567$, 而同科属间的遗传距离平均值 $\bar{D} \approx 1.104$, 遗传相似度平均值 $\bar{I} \approx 0.362$ (Ferguson, 1980)。本研究的结果表明,由电泳数据所得到的该4个属5个种之间的亲缘关系与形态学分类结果基本上是一致的。但分属 *Cnidocampa* 和 *Setora* 两属的黄刺蛾与桑褐刺蛾之间的遗传相似度 $I = 0.604$, 该值大于同属 *Parasa* 属的褐边绿刺蛾和丽绿刺蛾之间的遗传相似度 $I = 0.466$, 也大于一般种间遗传相似度的平均值 $\bar{I} \approx 0.567$, 同时也大于果蝇 *Drosophila* 属内亲缘种之间的遗传相似度的平均值 $\bar{I} = 0.563$ (Ayala, 1975), 该结果与形态分类将黄刺蛾和桑褐刺蛾分归于 *Cnidocampa* 和 *Setora* 两个属的划分结果不一致。

吴振才(1988)在其研究刺蛾科幼虫的形态分类时发现:桑褐刺蛾和黄刺蛾在幼虫体型、体色、枝刺分布,上唇覆盖上颚的宽度,小眼分布等形态特征上十分相似。这说明从幼虫形态学上也有证据支持上述结果。当然,要确定黄刺蛾与桑褐刺蛾是否应划归为同一个属,还要进行进一步的形态学和分子分类学等学科的研究。

参 考 文 献

- 李绍文等 1985 蜜蜂酯酶同工酶的研究。昆虫学报, 28(4): 369—74。
 李绍文等 1987 膜翅目昆虫酯酶同工酶的比较研究。昆虫学报 30(3): 266—70。
 李绍文 1989 马铃薯叶甲六个种的等位基因酶变异。昆虫学报 32(3): 263—70。
 廖建吾等 1980 中国六种蚊虫的酯酶同工酶的比较研究。昆虫学研究集刊(第一集)89—92。
 考克斯 G. W. (蒋有诸译) 1979 普通生态学实验手册。科学出版社。
 阎一林等 1987 棉铃虫和烟青虫的酯酶同工酶比较。昆虫学报 30(3): 341—5。
 中国科学院动物研究所 1981 中国蛾类图鉴。97—104页 科学出版社。
 Ayala, F. J. 1975 Genetic differentiation during the speciation process. *Evol. Biol.* 8: 1—75.
 Berlocher, S. H. 1984 Insect molecular systematics. *Ann. Rev. Ent.* 29: 403—33.
 Ferguson A. 1980 Biochemical systematics and evolution. John Wiley and Sons, Inc., New York.
 Nei M. 1972 Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106: 283—92.

Terranova, A. C. 1981 Polyacrylamide gel electrophoresis of *Anthonomus grandis* Boheman proteins, profile of a standard boll weevil strain. USDA, SEA. *Agr. Res. Results*. ARR-S-9. pp. 1-47.

GENETIC VARIATIONS AMONG FIVE COMMON SPECIES OF LIMACODIDAE IN NANJING AREA

ZHAO BO-GUANG CHEN JUN-JIE

(Department of Forestry, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037)

Genetic variations among five common species in four genera of Limacodidae in Nanjing area were examined with electrophoretic data from 5 loci of 4 isozymes. UPGMA dendrogram and polar ordination plot of these data showed closer genetic similarities between *Parasa lepid* and *P. consocia*, *Cnidocampa flavescens* and *Setora postornata*. These results correspond generally to groupings identified morphologically, but the relationship between *Cnidocampa flavescens* and *Setora postornata* according to the electrophoretic data is closer than that determined by their morphologies.

Key words Limacodidae allozyme