

引用格式:

高四喜, 高宏帅, 曾志豪, 贺华良, 丁文兵, 邱林, 高俏, 薛进, 李有志. 湖南省黑尾叶蝉的遗传多样性分析[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2025, 51(5): 52–57.

GAO S X, GAO H S, ZENG Z H, HE H L, DING W B, QIU L, GAO Q, XUE J, LI Y Z. Analysis of the genetic diversity of *Nephotettix cincticeps* in Hunan Province[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2025, 51(5): 52–57.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



湖南省黑尾叶蝉的遗传多样性分析

高四喜, 高宏帅, 曾志豪, 贺华良, 丁文兵, 邱林, 高俏, 薛进, 李有志*

(湖南农业大学植物保护学院, 湖南 长沙 410128)

摘要: 为阐明湖南省不同地区黑尾叶蝉(*Nephotettix cincticeps*)的遗传多样性特征, 利用ISSR(Inter-simple sequence repeats)分子标记技术对湖南省10个地理种群的黑尾叶蝉进行了遗传多样性分析。结果显示: 黑尾叶蝉总的基因多样性($H_t=0.366\ 8$)高于种群内基因多样性($H_s=0.247\ 5$), 其种群间基因杂合度低于种群内的基因杂合度; 遗传分化系数(G_{st})为0.325 3, 表明有32.53%遗传变异来源于种群间, 67.47%遗传变异来自种群内; 基因流(N_m)为1.036 8, 表明不同地理种群间的基因交流处于中等水平。黑尾叶蝉种群内高遗传变异特征及中等的基因流增强了它的适应潜力, 使其在地理隔离、农药施用等外界压力下仍能保持较强的种群延续能力。基于此结果, 在黑尾叶蝉防治过程中, 需注意其可能因遗传适应性强而导致的抗药性快速演化风险。

关键词: 黑尾叶蝉; 简单重复序列间区(ISSR); 遗传多样性

中图分类号: S435.112

文献标志码: A

文章编号: 1007–1032(2025)05–0052–06

Analysis of the genetic diversity of *Nephotettix cincticeps* in Hunan Province

GAO Sixi, GAO Hongshuai, ZENG Zhihao, HE Hualiang, DING Wenbing, QIU Lin, GAO Qiao, XUE Jin, LI Youzhi*

(College of Plant Protection, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China)

Abstract: To investigate the genetic diversity of *Nephotettix cincticeps* across different regions of Hunan Province, we analyzed 10 geographic populations using inter-simple sequence repeats(ISSR) markers. The results showed that the genetic diversity among populations($H_t=0.366\ 8$) was higher than that within the population($H_s=0.247\ 5$), indicating the genetic heterozygosity among populations was lower than that within populations. The coefficient of genetic differentiation(G_{st}) was 0.325 3, indicating that 32.53% of the total genetic variation was attributed to differences among populations, while 67.47% originated from within populations. The gene flow(N_m) among different geographical populations was 1.036 8, indicating a moderate level of genetic exchange. The high intra-population genetic diversity and moderate gene flow within the *Nephotettix cincticeps* populations enhanced their adaptive potential, facilitating population continuity under pressures such as geographical isolation and pesticide application. Based on this result, during the control of *Nephotettix cincticeps*, attention should be paid to the potential risk of rapid evolution of resistance caused by its strong genetic adaptability.

Keywords: *Nephotettix cincticeps*; inter-simple sequence repeat(ISSR); genetic diversity

黑尾叶蝉(*Nephotettix cincticeps*)是常见的水稻害虫之一, 主要通过刺吸式口器取食水稻并传播水

稻病毒病^[1]。由黑尾叶蝉传播的水稻病毒病, 目前尚无特效药剂防治^[2]。因此, 了解黑尾叶蝉的遗传

收稿日期: 2024–12–17

修回日期: 2025–10–15

基金项目: 湖南省自然科学基金重点项目(2024JJ3018)

作者简介: 高四喜(2000—), 男, 湖南益阳人, 硕士研究生, 主要从事水稻害虫研究, 2276230193@qq.com; *通信作者, 李有志, 博士, 教授, 主要从事农业昆虫与害虫防治研究, liyouzhi@hunau.edu.cn

分化特点, 对其进行种群动态监测及田间防控是控制田间病毒传播的关键措施^[3-4]。

ISSR 分子标记是研究遗传多样性的一种重要技术手段^[5], 其主要原理是利用基因组中广泛存在的 SSR 序列设计引物, 并在合适条件下进行 ISSR-PCR 扩增^[6]。由于基因组中有许多微卫星序列, 合适的 ISSR 引物可以扩增出多条 DNA 片段, 通过 1% 琼脂糖凝胶电泳分离扩增产物, 并根据条带之间的相对位置以及同一位置下条带的有无, 对 ISSR 分子标记所产生的多态性情况进行分析^[7], 找到基因组范围内的多态性位点。ISSR 分子标记被广泛应用于遗传相关性分析、遗传指纹图谱构建、基因标

记、物种鉴别、遗传结构研究、系统发育分析及基因组不稳定性检测等研究^[8-11]。

本研究采集了湖南省 10 个地理种群及 2 个外省地理种群的黑尾叶蝉样品, 对每个地理种群的遗传多样性特征和亲缘关系进行分析, 以期为湖南省黑尾叶蝉的种群动态监测和田间防治提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

于 2023 年 6 月至 2024 年 9 月, 采集了湖南省 10 个地理种群及 2 个外省地理种群的黑尾叶蝉样品(表 1), 经无水乙醇浸泡后, 于 -20 °C 储存。

表 1 黑尾叶蝉样本信息

Table 1 Information on <i>Nephotettix cincticeps</i> samples						
采集地点	代号	经度(E)	纬度(N)	虫态	采集时间	样本数/头
常德市鼎城区	CD-1	111°40'50"	29°01'07"	成虫	2023-06	10
湘潭市湘乡市	XT	112°17'15"	27°44'02"	成虫	2023-07	10
常德市汉寿县	CD-2	111°58'19"	28°54'19"	成虫	2023-07	10
怀化市会同县	HH	109°44'08"	26°53'13"	成虫	2023-07	10
邵阳市洞口县	SY	110°23'46"	27°18'26"	成虫	2023-07	10
益阳市赫山区	YY	112°22'22"	28°34'45"	成虫	2023-09	10
株洲市攸县	ZZ	113°20'44"	27°00'00"	成虫	2023-10	10
湘西土家族苗族自治州永顺县	ZJJ	109°51'04"	29°00'04"	成虫	2024-07	10
郴州市桂阳县	CZ	112°44'02"	25°45'19"	成虫	2024-09	10
长沙市宁乡市	CS	112°22'30"	28°16'41"	成虫	2024-09	10
杭州市西湖区	HZ	120°08'00"	30°16'00"	成虫	2024-07	10
南宁市西乡塘区	NN	108°18'29"	22°50'25"	成虫	2024-07	10

1.2 方法

1.2.1 黑尾叶蝉 DNA 的提取

按照 DNA 提取试剂盒(DP304, 天根生化科技(北京)有限公司)说明书, 提取黑尾叶蝉基因组 DNA。

1.2.2 引物设计

参照加拿大哥伦比亚大学(UBC)公布的第 9 套引物序列(UBC primer set #9), 委托北京擎科生物科技股份有限公司合成 100 对引物^[12]。筛选扩增效果稳定、多态性良好且条带清晰的 ISSR 引物用于 PCR 扩增。

1.2.3 ISSR-PCR 扩增

PCR 反应体系为 20 μL, 其中 2×Ex Taq Mix 10 μL, 模板 DNA 2 μL, 引物 2 μL, 超纯水(ddH₂O)

6 μL。PCR 扩增程序为: 98 °C 预变性 2 min; 98 °C 变性 30 s, 对应 ISSR 引物的最适温度下退火 30 s, 72 °C 下延伸 2 min, 30 个循环; 在 72 °C 下延伸 7 min。将扩增产物置于 12 °C 保存备用。

1.3 数据统计与分析

PCR 产物经过 1% 琼脂糖凝胶电泳分离后统计电泳条带, 同一位置有清晰条带的记为“1”, 无条带的记为“0”, 构建 1 个由“0”和“1”组成的矩阵, 并将数据整理成矩阵格式^[13], 导入 Excel 表格。将 ISSR 原始数据矩阵导入 POPGEN 32 软件计算相关参数, 包括总的基因多样性(*Ht*)、种群内基因多样性(*Hs*)、遗传分化系数(*Gst*)和基因流(*Nm*)等^[14]。根据 Nei's 基因多样性指数(*H*)的数据, 按照不加权算术平均法 UPGMA 对黑尾叶蝉不同地理种

群进行聚类分析^[15]。

2 结果与分析

2.1 DNA质量检测

使用翌圣生物科技(上海)股份有限公司的超微量分光光度计(80480ES03)测量DNA的浓度和质量。对供试的12个地理种群黑尾叶蝉的DNA进行检测,结果表明120头黑尾叶蝉成虫的DNA质量符合试验要求,选取OD_{260/280}比值为1.8~2.0和OD_{260/230}比值为2.0~2.2的DNA样品用于后续试验^[12]。

2.2 黑尾叶蝉ISSR-PCR扩增结果

对100对ISSR引物进行筛选,共筛选出12对多态性好、条带清晰、重复性好的引物。12条引物(表2)共扩增出151条条带。每条引物标记的条带数为8~16条,多态性条带数为5~11条,条带大小多集中于200~5 000 bp。编号为UBC 835和UBC 855的引物检测到的多态性条带数最多,为11条;编号为UBC 808的引物检测到的多态性条带数最少,为5条。多态性随种群以及引物的不同而不同。这些结果表明,筛选得到的ISSR引物能够用于揭示不同地理种群黑尾叶蝉的遗传多样性特征。

表2 ISSR引物的序列、退火温度及扩增情况

Table 2 Sequences, annealing temperatures and amplification profiles of ISSR primers					
引物编号	引物序列	退火温度/℃	扩增总条带数	多态性条带数	多态性位点百分率/%
UBC 807	AGAGAGAGAGAGAGAGT	57	11	8	72.73
UBC 808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	51	8	5	62.50
UBC 825	ACACACACACACACACT	55	13	8	61.54
UBC 835	AGAGAGAGAGAGAGAGYC	55	16	11	68.75
UBC 836	AGAGAGAGAGAGAGAGYA	53	15	8	53.33
UBC 842	GAGAGAGAGAGAGAGAYG	51	13	10	76.92
UBC 851	GTGTGTGTGTGTGTGTYG	52	9	6	66.67
UBC 855	ACACACACACACACACYT	55	15	11	73.33
UBC 856	ACACACACACACACACYA	49	14	10	71.43
UBC 857	ACACACACACACACACYG	56	14	9	64.29
UBC 873	GACAGACAGACAGACA	56	11	7	63.64
UBC 881	GGGTGGGGTGGGGTG	53	12	7	58.33
汇总			151	100	
平均			12.58	8.33	66.22

注:引物序列中的Y=C/T。

2.3 黑尾叶蝉的遗传多样性分析

通过POPGENE 32软件对不同地理种群的黑尾

叶蝉的遗传多样性进行分析,结果(表3)表明,种群水平上,等位基因数Na=1.727 8,有效等位基因数

表3 黑尾叶蝉物种和种群水平的遗传多样性

Table 3 Genetic diversity of <i>Nephotettix cincticeps</i> at the species and population levels						
种群	等位基因数(Na)	有效等位基因数(Ne)	Nei's基因多样性指数(H)	Shannon信息多样性指数(I)	多态性位点数	多态性位点百分率/%
YY	1.766 2±0.422 6	1.431 2±0.374 1	0.252 2±0.191 6	0.380 4±0.264 2	118	76.62
ZZ	1.714 3±0.453 2	1.418 7±0.386 2	0.241 8±0.199 3	0.362 4±0.277 0	110	71.43
CD-1	1.818 2±0.387 0	1.428 3±0.353 5	0.256 2±0.180 2	0.391 2±0.246 2	126	81.82
XT	1.681 0±0.477 3	1.380 6±0.369 8	0.224 7±0.194 2	0.339 8±0.273 2	105	68.18
CD-2	1.818 2±0.387 0	1.458 9±0.352 0	0.271 9±0.180 6	0.410 7±0.248 1	126	81.82
HH	1.753 2±0.432 5	1.433 5±0.368 5	0.255 4±0.190 9	0.383 9±0.265 6	116	75.32
SY	1.701 3±0.459 2	1.433 3±0.373 9	0.252 0±0.196 7	0.375 4±0.276 9	108	70.13
ZJJ	1.629 9±0.484 4	1.370 9±0.366 2	0.219 0±0.197 0	0.328 7±0.280 9	97	62.99
CS	1.636 4±0.482 6	1.336 0±0.362 2	0.200 5±0.191 8	0.305 9±0.271 9	98	63.64
CZ	1.714 3±0.453 2	1.433 5±0.386 6	0.249 9±0.198 6	0.373 1±0.276 8	110	71.43
HZ	1.720 8±0.450 1	1.463 5±0.385 6	0.265 1±0.199 7	0.392 3±0.278 8	111	72.08
NN	1.779 2±0.416 1	1.483 0±0.364 3	0.281 1±0.186 1	0.418 9±0.258 8	120	77.92
平均	1.727 8±0.442 1	1.422 6±0.370 2	0.247 5±0.192 2	0.371 9±0.268 2	112	73.00
物种水平	1.995 3±0.0806	1.642 2±0.300 1	0.366 8±0.135 5	0.541 5±0.167 1		

$N_e=1.422\ 6$, Nei's 基因多样性指数 $H=0.247\ 5$, Shannon 信息多样性指数 $I=0.371\ 9$; 在物种水平上, $N_a=1.995\ 3$, $N_e=1.642\ 2$, $H=0.366\ 8$, $I=0.541\ 5$; 说明黑尾叶蝉在物种水平和种群水平上均具有较高的遗传多样性。南宁市西乡塘区(NN)的 H 和 I 最高, 分别为 $0.281\ 1$ 和 $0.418\ 9$; 长沙市宁乡市(CS)的 H 和 I 均最低, 分别为 $0.200\ 5$ 和 $0.305\ 9$ 。POPGEN 32 软件分析结果表明群体内多态性位点百分率为 $62.99\%\sim 81.82\%$, 平均为 73.00% 。多个参数分析结

果显示群体内存在不同程度的遗传多样性。

从表4可以看出, 12个地理群体之间的Nei's 遗传一致度范围为 $0.700\ 1\sim 0.949\ 4$, 平均值为 $0.824\ 8$; 遗传距离为 $0.051\ 9\sim 0.356\ 6$, 平均值为 $0.204\ 3$ 。其中, 邵阳市洞口县(SY)的遗传一致度最低($0.700\ 1$), 遗传距离最大($0.356\ 6$); 杭州市西湖区(HZ)的遗传一致度最高($0.949\ 4$), 遗传距离最小($0.051\ 9$)。这些结果显示, 遗传一致度越高, 遗传距离越小; 反之, 遗传一致度越低, 遗传距离则越大。

表4 种群间Nei's遗传一致度(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)

Table 4 Nei's genetic identity(above diagonal) and genetic distance(below diagonal) among populations												
种群	YY	ZZ	CD-1	XT	CD-2	HH	SY	ZJJ	CS	CZ	HZ	NN
YY		0.942 3	0.855 5	0.829 6	0.849 8	0.818 0	0.733 8	0.765 7	0.775 0	0.842 7	0.823 5	0.816 6
ZZ	0.059 4		0.856 7	0.836 6	0.843 9	0.812 2	0.729 2	0.757 6	0.778 6	0.845 1	0.817 0	0.816 3
CD-1	0.156 1	0.154 7		0.876 7	0.908 2	0.840 6	0.742 7	0.801 9	0.834 0	0.883 1	0.866 7	0.830 3
XT	0.186 8	0.178 4	0.131 6		0.806 2	0.780 0	0.700 1	0.756 4	0.776 9	0.809 7	0.805 2	0.794 3
CD-2	0.162 8	0.170 9	0.096 2	0.150 6		0.869 3	0.752 2	0.808 4	0.835 0	0.878 1	0.874 3	0.841 5
HH	0.200 8	0.208 0	0.173 6	0.248 5	0.140 1		0.853 5	0.843 6	0.849 8	0.872 2	0.846 0	0.810 6
SY	0.309 5	0.315 8	0.297 5	0.356 6	0.284 8	0.158 4		0.802 4	0.787 8	0.794 5	0.788 8	0.763 6
ZJJ	0.266 9	0.277 6	0.220 8	0.279 2	0.212 7	0.170 1	0.220 1		0.942 5	0.871 3	0.871 1	0.802 4
CS	0.254 9	0.250 3	0.181 5	0.252 4	0.180 4	0.162 8	0.238 5	0.058 6		0.895 9	0.894 2	0.800 8
CZ	0.171 2	0.168 2	0.124 4	0.211 1	0.130 0	0.136 7	0.230 1	0.137 7	0.110 0		0.949 4	0.859 6
HZ	0.194 2	0.202 1	0.143 1	0.216 6	0.134 4	0.167 3	0.237 3	0.138 0	0.111 8	0.051 9		0.847 4
NN	0.202 7	0.203 0	0.186 0	0.230 3	0.205 2	0.210 0	0.269 9	0.220 1	0.222 2	0.151 3	0.165 6	

2.4 黑尾叶蝉的遗传分化

对不同地理种群黑尾叶蝉的遗传分化进行分析, 结果(表5)表明, 黑尾叶蝉各地理种群总的基因多样性(H_t)为 $0.366\ 8$, 种群内基因多样性(H_s)为 $0.247\ 5$ 。种群内和种群间的遗传多样性构成了物种遗传多样性总和^[15]。本研究中, 种群间基因多样性小于种群内基因多样性, 表明黑尾叶蝉种群间的平均杂合度低于种群内的基因杂合度。种群间遗传分化系数(G_{st})为 $0.325\ 3$, 表明黑尾叶蝉有 32.53% 的遗传变异来自种群间, 67.47% 的遗传变异来自种群内, 遗传分化主要来源于种群内部变异。基因流 N_m 为 $1.036\ 8$, 表明不同种群间的基因流处于中等水平 ($4>N_m>1$), 基因流不足以抵消由遗传漂变引起的群体间的遗传分化^[15]。

表5 黑尾叶蝉种群遗传分化系数及基因流

Table 5 Population genetic differentiation coefficients and gene flow in <i>Nephotettix cincticeps</i>				
指标	总基因多样性(H_t)	种群内基因多样性(H_s)	遗传分化系数(G_{st})	基因流(N_m)
平均	0.366 8	0.247 5	0.325 3	1.036 8
标准差	0.018 4	0.011 5		

以黑尾蝉种群间的“Nei's 基因多样性指数”数据为基础, 对12个地理种群进行统计分析, 构建进化树(图1), 发现12个地理种群分为2大类, 湖南省10个地理种群聚为1类, 2个外省种群聚为1类, 常德市鼎城区(CD-1)和常德市汉寿县(CD-2)2个种群的亲缘关系最近。

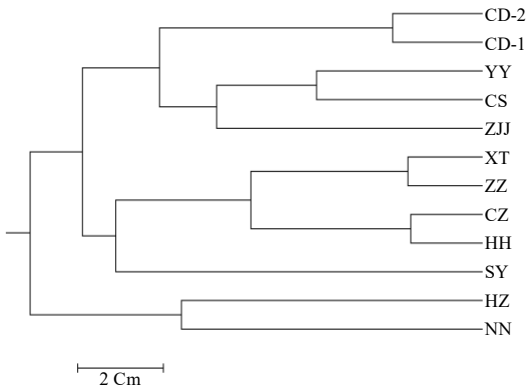


图1 基于黑尾叶蝉种群间Nei's基因多样性指数的UPGMA聚类分析结果

Fig.1 UPGMA clustering result based on Nei's genetic identity among *Nephotettix cincticeps* populations

3 结论与讨论

黑尾叶蝉是传播水稻病毒病的重要媒介昆虫。由病毒引起的水稻病毒病目前尚无特效药可以防治,因此,防治媒介昆虫是防治水稻病毒病的关键措施^[2]。了解黑尾叶蝉的遗传多样性,有助于更好地进行综合防治。本研究结果表明,湖南省10个黑尾叶蝉地理种群表现出较高的遗传多样性($H_s=0.247\ 5$),其遗传变异主要来源于种群内变异(67.47%)。同时,各个种群之间存在一定程度的基因交流($N_m=1.036\ 8$),但这种基因交流不足以抵消遗传漂变所导致的种群间遗传分化。

现代遗传学认为,物种的遗传变异由基因决定,外部形态的变化以及体内蛋白质分子的变化主要源于基因中DNA碱基序列的变化^[16]。物种的遗传多样性是其长期进化的产物,物种遗传多样性越高,遗传变异越丰富,表明物种对环境的适应能力越强,反之则越弱^[12]。研究人员利用ISSR技术对多种刺吸类水稻害虫的遗传分化进行了研究。XIE等^[17]对中国27个白背飞虱(*Sogatella furcifera*, WBPH)地理种群进行研究,发现其种群内遗传分化高达99.8%,种群间遗传分化仅为0.2%。LIU等^[18]对湄公河流域14个WBPH地理种群的研究结果显示,种群内遗传分化(20.16%)低于种群间遗传分化(79.84%)。针对同一害虫遗传分化研究结果出现的差异进行分析,可能其受到地理位置、遗传分化程度、迁移和扩散等因素的影响^[13,19-21]。地理隔离是影响物种遗传分化的重要因素之一。BRENTASSI等^[22]研究发现,阿根廷西北部玉米叶蝉*Dalbulus maidis*的3个地理种群因受到地理隔离的影响,遗传分化程度表现出较高水平。同时,人类活动可以促进不同种群间的基因交流,降低遗传多样性。周宁宁等^[23]研究发现,茶小绿叶蝉*Empoasca pirusuga*的遗传分化可能与茶产品的长距离运输有关。除此之外,选择压力、研究对象的迁移能力、地理环境的差异和人为活动等因

素在一定条件下有助于生物种群克服地理隔离的影响,表现出较低的遗传多样性^[13,22-24]。SHAN等^[12]对常绿飞虱*Saccharosydne procerus*的研究结果显示,种群间遗传分化系数(G_{st})和Nei's基因多样性指数(H)分别为0.380 0、0.247 5,多态性位点百分率为68.85%,本研究的 G_{st} (0.325 3)、 H (0.247 5)和多态性位点百分率

(73.00%)均与其相近。刘冰蕾等^[25]的研究结果显示湖南省棉叶蝉*Empoasca fabae*的遗传多样性水平较低,种群基因交流频繁,遗传分化程度低,群体正在经历扩张,本研究结果与其差异较大,可能是不同物种的遗传特性不同所致。

黑尾叶蝉成虫有飞向嫩绿稻苗产卵为害的习性,若虫和少量成虫在本地越冬,越冬若虫羽化后的越冬代成虫从越冬场所迁移到早稻,形成一年中第1次大迁移;随着早稻黄熟收割,在早稻上的成虫迁移到晚稻,形成黑尾叶蝉一年中第2次迁移^[1],2次迁移可能在一定程度上促进黑尾叶蝉种群之间的基因交流,减小种群间的遗传分化。而黑尾叶蝉在本地越冬,可能在一定程度上抑制了种群间的基因交流,促进了种群内的遗传分化。

黑尾叶蝉的遗传多样性和基因交流既可能增强其环境适应能力,也可能影响其抗药性演化进程。因此,在田间防治时需以减少选择压力、阻断害虫迁移与传播为核心,通过采用综合防控手段延缓其遗传分化速率与抗药性的扩展趋势,以实现黑尾叶蝉的可持续治理。本研究中,黑尾叶蝉种群内表现出较高的遗传多样性,意味着其基因库丰富,适应能力较强,这导致其更容易在农药的选择压力下产生并积累抗药性,使得化学防治效果下降、失效更快,增加防治难度。遗传变异主要来源于种群内,表明种群内部存在丰富的遗传变异,可能导致防治效果不稳定。种群间中等水平的基因交流和黑尾叶蝉的2次季节性迁移(从越冬场所到早稻、早稻到晚稻),如同架设了“基因桥梁”。一旦某个种群产生了抗药性基因,这个抗性基因能通过迁移和交配迅速扩散到其他地区,使局部抗性演变成区域性抗性。人类活动(如种子或农副产品运输)可能促进基因交流,降低遗传多样性,但也可能加速抗性基因扩散。在防治时,应该避免长期使用单一农药,采用轮用、混用不同作用机制的药剂,延缓抗药性发展,减少选择压力;也可通过农业措施(如调整作物布局)干扰黑尾叶蝉的迁移行为,从而阻断其迁移与传播途径;同时加强检疫监管,监测并控制种子、农副产品远距离运输,防止基因交流导致的抗性扩散,结合生物防治(如天敌利用)、物理防治(如诱杀)和生态调控(如改善田间环境),降低种群遗传多样性带来的适应优势,持续监测种群动态与遗传结构,及时调整防治方案。

参考文献:

- [1] 王茂华. 水稻害虫黑尾叶蝉的识别与防治[J]. 农业灾害研究, 2014, 4(4): 45–48.
- [2] 赵文华, 杨光梅, 刘雨芳. 不同密度黑尾叶蝉取食不同时长后水稻生理生化指标的响应[J]. 应用昆虫学报, 2022, 59(5): 1068–1076.
- [3] 王前进. 黑尾叶蝉—水稻矮缩病毒—水稻三者互作的生物学基础研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2017.
- [4] 蒋德春, 杨洪, 金道超. 水稻矮缩病媒介昆虫及其传毒机制的研究进展[J]. 贵州农业科学, 2012, 40(5): 73–77.
- [5] 解新明, 卢小良. SSR和ISSR标记及其在牧草遗传与育种研究中的应用前景[J]. 草业科学, 2005, 22(2): 30–37.
- [6] 张蕾. SSR和ISSR分子标记技术应用研究[J]. 农业科技与装备, 2024(4): 76–77.
- [7] CASU M, CASU D, LAI T, et al. Inter-simple sequence repeat markers reveal strong genetic differentiation among populations of the endangered mollusc *Patella ferruginea*(Gastropoda: Patellidae) from two Sardinian marine protected areas[J]. Marine Biology, 2006, 149(5): 1163–1174.
- [8] BETTENCOURT S X, MENDONÇA D, LOPES M S, et al. Genetic diversity and population structure of the endemic Azorean juniper, *Juniperus brevifolia*(Seub.) Antoine, inferred from SSRs and ISSR markers[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2015, 59: 314–324.
- [9] 向琳. 基于SSR分子标记的白木香种群遗传多样性分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2023.
- [10] ALZAHIRANI O R, ALI ALSHEHRI M, ALASMARI A, et al. Evaluation of genetic diversity among Saudi Arabian and Egyptian cultivars of alfalfa(*Medicago sativa* L.) using ISSR and SCoT markers[J]. Journal of Taibah University for Science, 2023, 17(1): 2194187.
- [11] BHARDWAJ A. Identification and optimization of ISSR primers for analysis of genetic variability among different landrace collections of Indian sponge gourd(*Luffa cylindrica* L.)[J]. Plant Physiology Reports, 2019, 24(3): 296–304.
- [12] SHAN L, WU Y, DING W B, et al. Genetic diversity analysis of *Saccharosydne procerus* in Hunan region, China[J]. Molecular Biology Reports, 2024, 51(1): 878.
- [13] 贺华良, 胡岩, 叶波, 等. 湖南省稻水象甲的遗传多样性及入侵扩散特点[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2018, 44(6): 613–619.
- [14] 陈名君, 鲁林琴, 林俨, 等. 不同来源蝉棒束孢遗传异质性研究[J]. 安徽农业大学学报, 2021, 48(3): 452–457.
- [15] 任智萌, 王超, 李孟奕, 等. 麦无网长管蚜不同地理种群遗传多样性的ISSR标记研究[J]. 环境昆虫学报, 2022, 44(5): 1218–1227.
- [16] RAMANATHA RAO V, HODGKIN T. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources[J]. Plant Cell, Tissue and Organ Culture, 2002, 68(1): 1–19.
- [17] XIE J N, GUO J J, JIN D C, et al. Genetic diversity of *Sogatella furcifera*(Hemiptera: Delphacidae) in China detected by inter-simple sequence repeats[J]. Journal of Insect Science, 2014, 14(1): 233.
- [18] LIU J N, GUI F R, LI Z Y. Genetic diversity of the planthopper, *Sogatella furcifera* in the Greater Mekong Subregion detected by inter-simple sequence repeats (ISSR) markers[J]. Journal of Insect Science, 2010, 10(1): 52.
- [19] 冯丹丹, 张雪, 杨采青, 等. 绿带闭目天蛾和构月天蛾在海南岛及周边大陆的遗传分化[J]. 生态学报, 2024, 44(11): 4904–4913.
- [20] CHANG X F, GUO Y T, XIE Y J, et al. Rice volatile compound(*E*)- β -caryophyllene induced by rice dwarf virus(RDV) attracts the natural enemy *Cyrtorhinus lividipennis* to prey on RDV insect vectors[J]. Pest Management Science, 2024, 80(2): 874–884.
- [21] KHALID F, SHAikh MAZRAN N S, RAKIB E I, et al. Variations in the relative abundance of hemipteran species in different seasons and stages of rice growth depending on weather variations[J]. Tarım Bilimleri Dergisi, 2024, 30(4): 748–758.
- [22] BRENTASSI M E, VIRLA E G, AULICINO M, et al. First analysis of genetic diversity and population structure among different geographic populations of the vector of the corn stunt disease, *Dalbulus maidis*(Hemiptera: Cicadellidae), in subtropical Argentina[J]. Revista de la Sociedad Entomológica Argentina, 2024, 83(2): 54–67.
- [23] 周宁宁, 王梦馨, 崔林, 等. 基于COI基因全长序列的假眼小绿叶蝉地理种群遗传分化研究[J]. 生态学报, 2014, 34(23): 6879–6889.
- [24] 朱勋, 杨家强, 吴青君, 等. 小菜蛾不同地理种群遗传多样性的ISSR标记研究[J]. 昆虫学报, 2012, 55(8): 981–987.
- [25] 刘冰蕾, 王永波, 张正云, 等. 基于线粒体COI基因的湖南省棉叶蝉种群遗传多样性研究[J]. 棉花学报, 2025, 37(1): 59–70.

责任编辑: 毛友纯

英文编辑: 罗 维