

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2014.03.007

我国部分水果产区铃木氏果蝇与其他果蝇形态特征比较研究

任路明¹, 王磊¹, 于毅^{2*}, 褚栋^{1*}

¹青岛农业大学农学与植物保护学院, 山东省植物病虫害综合防控重点实验室, 山东 青岛 266109;

²山东省农业科学院植物保护研究所, 山东 济南 250100

摘要:【背景】水果害虫铃木氏果蝇近年来传入许多国家, 成为重要的入侵害虫, 在我国的危害也呈现上升趋势。在水果生产中, 铃木氏果蝇常与其他果蝇混合发生。【方法】在对我国水果产区果蝇进行系统调查的基础上, 对分别采自山东威海、云南昆明、山东淄博、山东临沂地区的铃木氏果蝇、黑腹果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇的形态特征进行了比较, 并利用线粒体 COI 基因对所鉴别的果蝇物种进行了进一步验证。【结果】通过观察比较种间雄虫前翅和前足以及雌虫腹部和产卵器形态结构可以快速确定果蝇种类。【结论与意义】本研究对于我国水果产区果蝇的快速鉴别具有重要参考价值。

关键词: 铃木氏果蝇; 水果害虫; 形态特征; 线粒体 COI 基因; 序列分析

Comparison of the morphological characteristics of *Drosophila suzukii* and other fruit flies in fruit-producing areas in China

Lu-ming REN¹, Lei WANG¹, Yi YU^{2*}, Dong CHU^{1*}

¹Key Laboratory of Integrated Crop Pest Management of Shandong Province, College of Agronomy and Plant Protection, Qingdao Agricultural University, Qingdao, Shandong 266109, China; ²Institute of Plant Protection, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan, Shandong 250100, China

Abstract: 【Background】The fruit pest *Drosophila suzukii* Matsumura has been introduced into many countries in recent years and has become a major invasive species. *D.suzukii* has been becoming more and more serious in China during the past several years as well. In fruit production, *D.suzukii* often co-occurs with other fruit fly species. 【Method】The morphological characteristics of the adult *D.suzukii*, *D.melanogaster*, *D.hydei* and *D.immigrans*, which were collected from Weihai of Shandong, Kunming of Yunnan, Zibo of Shandong, and Linyi of Shandong, respectively, were compared. The mitochondrial cytochrome oxidase I (*mtCOI*) gene of the four fruit flies were used to further determine the species. 【Result】*Drosophila* species can be determined quickly according to the morphological characteristics of the male forewings, male forefeet, female abdomen, and female ovipositor. 【Conclusion and significance】This study have important reference value for the rapid identification of fruit flies in different fruit-producing areas in China.

Key words: *Drosophila suzukii*; fruit pest; morphological characteristics; *mtCOI*; sequence analysis

铃木氏果蝇 *Drosophila suzukii* Matsumura (又称斑翅果蝇) 隶属双翅目 Diptera 环列亚目 Cyclorhapha 果蝇科 Drosophilidae 果蝇属 *Drosophila* 水果果蝇亚属 *Sophophora*, 是一种重要水果害虫。其寄主范围广, 繁殖速度快, 传播迅速, 对水果生产造成严重的经济损失 (马聪慧等, 2014; 吴军等, 2013;

Cini *et al.*, 2012; Hauser, 2011)。铃木氏果蝇最早于 1916 年在日本山梨县草莓园中发现 (孙鹏等, 2011; 于毅等, 2013)。近年来入侵南北美洲、欧洲等许多国家并造成严重危害 (Cini *et al.*, 2012; Hauser, 2011), 因此备受世界各国的广泛关注。在北美洲, 该虫自 2008 年在美国本土加利福尼亚沃

收稿日期 (Received): 2014-07-01 接受日期 (Accepted): 2014-08-03

基金项目: 山东省现代农业产业科技体系项目 (SDAIT-02-021-11); 青岛农业大学科技创新项目; 国家级大学生创业创新训练计划项目 (201410435041); 泰山学者建设工程专项经费

作者简介: 任路明, 女。研究方向: 农业有害生物检疫与入侵生物学。E-mail: mingxin09190123@sina.com

* 通讯作者 (Author for correspondence), 于毅, E-mail: robertyuyi@163.com; 褚栋, E-mail: chinachudong@sina.com

森维尔地区首次发现以来,俄勒冈州、华盛顿州、佛罗里达州、路易斯安那州、北卡罗来纳州、南卡罗来纳州以及犹他州等州也相继发现其危害,呈现迅速扩散蔓延之势(EPPO,2010)。在南美洲,1998年厄尔瓜多国家零星出现了铃木氏果蝇(Calabria *et al.*,2012)。2013年,在南美洲巴西的新韦内扎发现铃木氏果蝇,随后又在巴西的埃雷欣、维拉玛丽亚等地相继发现该虫(Depra *et al.*,2014)。在欧洲,自2008年秋季首次在西班牙发现铃木氏果蝇后,在欧洲各地不断扩散蔓延(Calabria *et al.*,2012; Grassi *et al.*,2009; Kiss *et al.*,2013; Rossi Stacconi *et al.*,2013)。

在中国,铃木氏果蝇是黑腹果蝇复合种中分布最广的物种之一,目前至少在黑龙江、山东、浙江、广西、贵州、西藏、台湾等22个省(自治区)发现了该虫(钱远槐等,2006; Lin *et al.*,1977),近年来其危害也呈现不断加重的趋势(代侃初,2013)。铃木氏果蝇寄主植物广泛,已知寄主涉及18个科60多种水果(孙鹏等,2011; Bolda *et al.*,2010; Lee *et al.*,2011; Richard *et al.*,2010)。我国于1997年首次在甘肃省天水市发现果蝇危害甜樱桃。经调查,危害甜樱桃的果蝇除铃木氏果蝇之外,还有黑腹果蝇 *Drosophila melanogaster* Meigen、海德氏果蝇 *Drosophila hydei* (Sturtevant)、伊米果蝇 *Drosophila immigrans* (Sturtevant) (郭建明,2007; 刘坤,2014)。在樱桃上也发现了铃木氏果蝇与黑腹果蝇、海德氏果蝇混合发生的情况(郭丽娜等,2014)。因此,不同果蝇的种类鉴定对于果蝇监控具有重要的指导价值。

前人对铃木氏果蝇不同发育阶段的形态特征进行了具体的描述(林清彩等,2013; 孙鹏等,2011; Kikkawa & Peng,1938)。刘坤(2014)详细描述了黑腹果蝇、伊米果蝇、铃木氏果蝇、海德氏果蝇4种果蝇成虫的形态特征。为了能够快速鉴别这4种重要水果果蝇,本文在综合前人形态学研究的基础上,对其成虫形态进行比较研究,并进一步利用线粒体 *COI* (*mtCOI*) 基因对果蝇物种进行鉴定。

1 材料与方法

1.1 供试虫源

试验所用的黑腹果蝇、铃木氏果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇分别采自云南昆明、山东威海、山东淄

博和山东临沂。采集方式为诱捕法(伍苏然等,2007; 熊伟等,2014; Cha *et al.*,2012; Kleiber *et al.*,2014)。样品保存在无水乙醇中,在实验室于-20℃保存备用。

1.2 成虫形态特征观察与比较

将供试果蝇放在培养皿或载玻片上,置于 Nikon 显微镜下,使用电源光(冷光源 XD-301)或在自然光较亮的环境下,调整成虫的前翅、前足、腹部、产卵器的角度,观察比较种间雄虫前翅和前足以及雌虫腹部和产卵器形态结构的差异,以确定果蝇种类(郭迪金等,2007; 林清彩等,2013)。同时,利用 TOUPCAM 显微镜摄影装置对果蝇的鉴别特征进行拍摄,以便更加系统直观地识别与区分不同种类的果蝇。

1.3 *mtCOI* 基因扩增

在果蝇种类形态学鉴定结果的基础上,利用以 *mtCOI* 基因作为分子标记的分子鉴定法(张开春等,2014)进一步验证形态学鉴定结果。以果蝇的部分肌肉组织作为 DNA 提取材料,每个果蝇种群提取2头,提取方法参照褚栋等(2005)。所用引物为 LCO1490 (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3')/HCO2198 (5'-TAAACTTCAGGGTGACC-AAAAAATCA-3') (Folmer *et al.*,1994),其扩增产物大小为700 bp 左右。PCR 扩增体系:基因组 DNA 溶液 3 μL,20 μmol·L⁻¹引物 0.5 μL,5 U·μL⁻¹ *Taq* 酶 0.25 μL,10×*Taq* Buffer(缓冲液)2.5 μL,10 mmol·L⁻¹ dNTP 0.5 μL,ddH₂O 补至 25 μL。PCR 扩增参数:94℃ 4 min;94℃ 45 s,49~55℃ 45 s,72℃ 90 s,32个循环;72℃ 延伸 7 min。取 5 μL PCR 扩增产物与 2 μL loading buffer 混匀,然后用 1% 琼脂糖凝胶电泳分离,EB 染色后在凝胶成像系统上观察拍照。将扩增的 PCR 产物送上海生工生物工程有限公司测序。利用 BLASTX 对测序结果进行序列比对,比较其结果是否与形态学鉴定结果一致。

1.4 序列分析

测序成功后,从 GenBank 中选择铃木氏果蝇、黑腹果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇各2条序列,登录号:铃木氏果蝇 KJ671622、KJ671621,黑腹果蝇 FJ190110、FJ190109,海德氏果蝇 KJ671603、KJ671602,伊米果蝇 EF570021、JQ679115。以烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius) *mtCOI* 序列(登录号为 JQ906700)为外群,通过 Clustal W 软件(Thomp-

son *et al.*, 1994) 对比本研究中获得的序列与上述序列, 利用 MEGA 5.0 软件 (Tamura *et al.*, 2007) 根据 Kimura 2-Paramter 模型计算出不同种类果蝇的进化分歧矩阵, 采用非加权配对算数平均法 (UPGMA) 构建系统树, 分别将系统树各分支置信度 (bootstrap) 进行 1000 次重复检验。

2 结果与分析

2.1 不同果蝇成虫鉴别特征

对铃木氏果蝇、黑腹果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇雄性成虫主要观察前翅、前足的特征; 对雌虫则主要观察其腹部、产卵器的特征 (表 1)。

表 1 4 种果蝇的鉴别特征信息

Table 1 Information of the identification features of four *Drosophila* species

鉴别部位 Body part	铃木氏果蝇 <i>D.suzukii</i>	黑腹果蝇 <i>D.melanogaster</i>	海德氏果蝇 <i>D.hydei</i>	伊米果蝇 <i>D.immigrans</i>
雄虫前翅 Male forewings	翅前缘顶角处有黑斑 There is a distinct dark spot near the tip of each wing	翅前缘顶角处无黑斑 There is no a distinct dark spot near the tip of each wing	翅前缘顶角处无黑斑 There is no a distinct dark spot near the tip of each wing	翅前缘顶角处无黑斑 There is no a distinct dark spot near the tip of each wing
雄虫前足 Male forefeet	前足第一跗节和第二跗节分别有一簇性梳 There are two clusters of combs on the first and second tarsi	前足第一跗节具一黑色性梳 There is a bunch of combs on the first tarsi	前足跗节无性梳 There is no comb on the tarsi	前足跗节无性梳, 前足腿节内侧具有一列楔形小齿列 There is no comb on the tarsi, but there is a small wedge-shaped tooth in the inside of the leg section
雌虫腹部 Female abdomen	腹节背面有不间断黑色条带, 腹末具黑色环纹 There are continuous black stripes on the back of the abdominal segment, and there is a black ring at the end abdomen	腹部背面有明显的 5 条不间断黑色条纹 There are five obvious continuous black stripes on the back of the abdominal segment	腹部背板后缘 5 条黑带中间断开 There are five middle-off black belts on the back of the abdominal segment	基部 4 节端部具不连续黑色横带, 第 5 腹节黑色 There are four discrete black horizontal bands on the base of four abdominal segments, and the 5th abdominal segment is black
雌虫产卵器 Female ovipositor	产卵器呈明显黑色锯齿状 Ovipositor is obviously black serrated	产卵器非黑色锯齿状 Ovipositor is not black serrated	产卵器非黑色锯齿状 Ovipositor is not black serrated	产卵器非黑色锯齿状 Ovipositor is not black serrated

铃木氏果蝇雄虫翅前缘顶角处有黑斑, 而其他 3 种果蝇无黑斑 (图 1); 铃木氏果蝇雄虫前足第一跗节和第二跗节分别有一簇性梳, 黑腹果蝇雄虫前

足第一跗节具一黑色性梳, 海德氏果蝇雄虫前足跗节无性梳, 而伊米果蝇雄虫前足腿节内侧具有一列楔形小齿列 (图 2)。

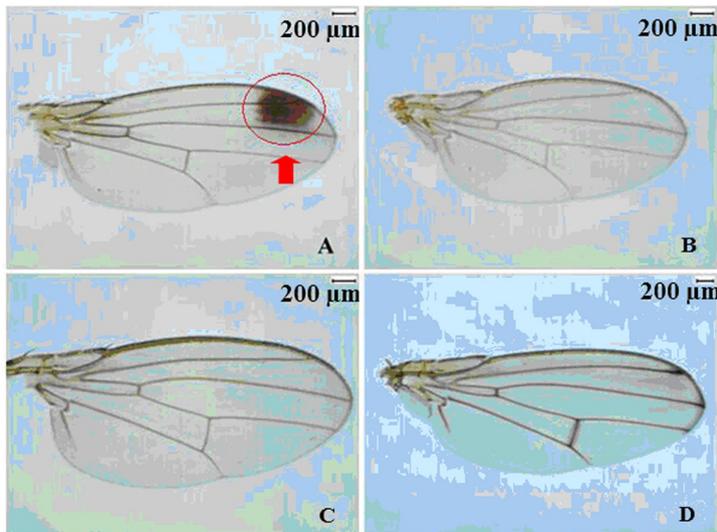


图 1 4 种果蝇雄虫前翅的鉴别特征

Fig.1 Comparison of identification features of the male forewing in four *Drosophila* species

A~D: 分别为铃木氏果蝇、黑腹果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇雄虫前翅。

A~D: Forewing of male *D.suzukii*, *D.melanogaster*, *D.hydei*, and *D.immigrans*, respectively.

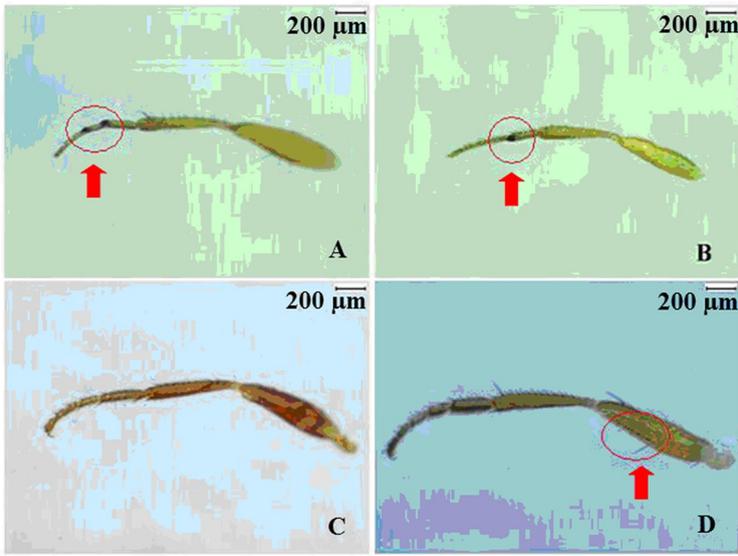


图 2 4 种果蝇雄虫前足的鉴别特征

Fig.2 Comparison of identification features of the male forefeet in four *Drosophila* species

A~D:分别为铃木氏果蝇、黑腹果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇雄虫前足。

A~D: Forefeet of male *D.sukuzii*, *D.melanogaster*, *D.hydei*, and *D.immigrans*, respectively.

铃木氏果蝇雌虫腹部腹节背面有不间断黑色条带,腹末具黑色环纹,黑腹果蝇雌虫腹部背面有明显的 5 条不间断黑色条纹,海德氏果蝇雌虫腹部背板后缘 5 条黑带中间断开,伊米果蝇雌虫腹部基部 4 节端部具不连续的黑色横带,第五腹节黑色(图 3);铃木氏果蝇雌虫产卵器呈明显黑色锯齿状,而其他 3 种果蝇雌虫产卵器非黑色锯齿状(图 4)。

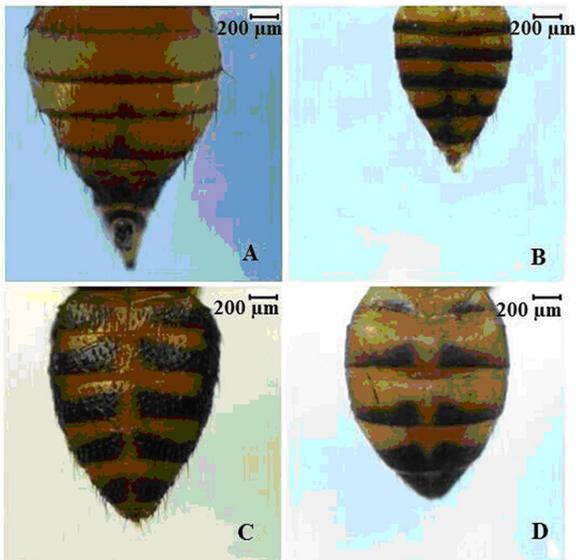


图 3 4 种果蝇雌虫腹部的鉴别特征

Fig.3 Comparison of identification features of the female abdomen in four *Drosophila* species

A~D:分别为铃木氏果蝇、黑腹果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇雌虫腹部。

A~D: Abdomen of female *D.sukuzii*, *D.melanogaster*, *D.hydei*, and *D.immigrans*, respectively.

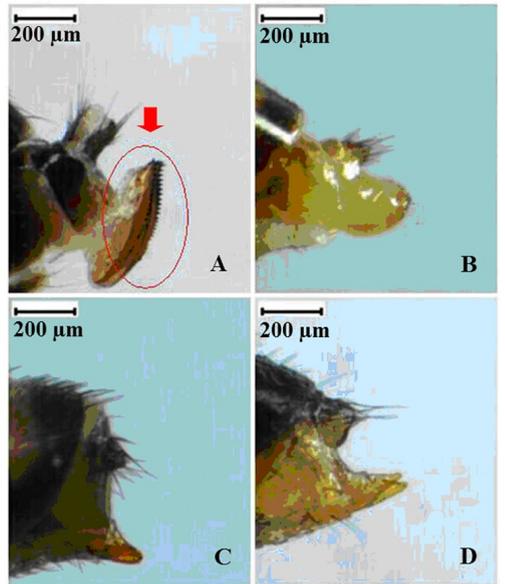


图 4 4 种果蝇雌虫产卵器的鉴别特征

Fig.4 Comparison of identification features of the female ovipositor in four *Drosophila* species

A~D:分别为铃木氏果蝇、黑腹果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇雌虫产卵器。

A~D: Ovipositor of female *D.sukuzii*, *D.melanogaster*, *D.hydei*, and *D.immigrans*, respectively.

2.2 基于 mtCOI 基因对果蝇的分子鉴定

结果表明,4 种果蝇样品 DNA 均扩增成功,扩增片段长度均在 700 bp 左右,片段长度与预期结果相同(图 5)。

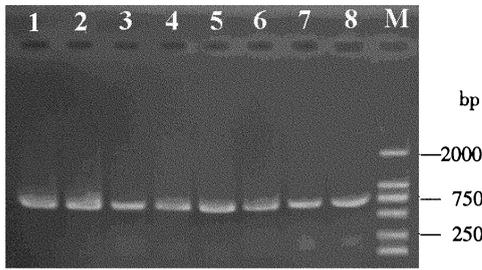


图 5 4 种果蝇的 *mtCOI* 片段扩增图

Fig.5 PCR amplification of *mtCOI* fragments of four *Drosophila* species 1~2: 威海铃木氏果蝇; 3~4: 云南黑腹果蝇; 5~6: 淄博海德氏果蝇; 7~8: 临沂伊米果蝇; M: DL2000 DNA 标准分子质量。

1~2: *D.suzukii*; 3~4: *D.melanogaster*; 5~6: *D.hydei*; 7~8: *D.immigrans*; M: DL2000 DNA Marker.

从进化分歧矩阵(表 2)可以看出,威海铃木氏果蝇与 GenBank 中铃木氏果蝇遗传距离小于 0.3%; 云南黑腹果蝇与 GenBank 中黑腹果蝇遗传

距离为 0.0%; 淄博海德氏果蝇与 GenBank 中海德氏果蝇遗传距离为 0.0%; 临沂伊米果蝇与 GenBank 中伊米果蝇遗传距离为 0.5%; 威海铃木氏果蝇与云南黑腹果蝇遗传距离小于 9.3%; 威海铃木氏果蝇与淄博海德氏果蝇遗传距离为 15.1%; 威海铃木氏果蝇与临沂伊米果蝇的遗传距离为 11.5%。由系统树(图 6)可见,威海铃木氏果蝇 2 条序列与 GenBank 中 2 条铃木氏果蝇序列聚在一起; 云南黑腹果蝇 2 条序列与 GenBank 中 2 条黑腹果蝇序列聚在一起; 临沂伊米果蝇 2 条序列与 GenBank 中 2 条伊米果蝇序列聚在一起; 淄博海德氏果蝇 1 条序列与 GenBank 中 2 条海德氏果蝇序列聚在一起。建树结果与形态观察结果完全一致。

表 2 基于 *mtCOI* 基因的 4 种果蝇的遗传距离

Table 2 Genetic distance of the four *Drosophila* species based on *mtCOI*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1															
2	0.003														
3	0.003	0.000													
4	0.003	0.000	0.000												
5	0.093	0.091	0.091	0.091											
6	0.093	0.091	0.091	0.091	0.000										
7	0.093	0.091	0.091	0.091	0.000	0.000									
8	0.093	0.091	0.091	0.091	0.000	0.000	0.000								
9	0.151	0.148	0.148	0.148	0.127	0.127	0.127	0.127							
10	0.151	0.148	0.148	0.148	0.127	0.127	0.127	0.127	0.000						
11	0.151	0.148	0.148	0.148	0.127	0.127	0.127	0.127	0.000	0.000					
12	0.115	0.115	0.115	0.115	0.133	0.133	0.133	0.133	0.146	0.146	0.146				
13	0.115	0.115	0.115	0.115	0.133	0.133	0.133	0.133	0.146	0.146	0.146	0.000			
14	0.119	0.115	0.115	0.115	0.131	0.131	0.131	0.131	0.149	0.149	0.149	0.005	0.005		
15	0.119	0.115	0.115	0.115	0.131	0.131	0.131	0.131	0.144	0.144	0.144	0.005	0.005	0.003	

1~2: 威海铃木氏果蝇 2 条线粒体 *COI* 基因序列 (WHGY1, WHGY2); 3~4: GenBank 中 2 条铃木氏果蝇线粒体 *COI* 基因序列 (KJ671622-Dsuz, KJ671621-Dsuz); 5~6: 云南黑腹果蝇 2 条线粒体 *COI* 基因序列 (YNGY1, YNGY2); 7~8: GenBank 中 2 条黑腹果蝇线粒体 *COI* 基因序列 (FJ190110-Dmel, FJ190109-Dmel); 9: 淄博海德氏果蝇 1 条线粒体 *COI* 基因序列 (ZBGY1); 10~11: GenBank 中 2 条海德氏果蝇线粒体 *COI* 基因序列 (KJ671603-Dhyd, KJ671602-Dhyd); 12~13: 临沂伊米果蝇 2 条线粒体 *COI* 基因序列 (LYGY1, LYGY2); 14~15: GenBank 中 2 条伊米果蝇线粒体 *COI* 基因序列 (EF570021-Dimm, JQ679115-Dimm)。

1~2: Two mitochondrial *COI* gene sequences of Weihai *D.suzukii* (WHGY1, WHGY2); 3~4: Two *D.suzukii* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank (KJ671622-Dsuz, KJ671621-Dsuz); 5~6: Two mitochondrial *COI* gene sequences of Yunnan *D.melanogaster* (YNGY1, YNGY2); 7~8: Two *D.melanogaster* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank (FJ190110-Dmel, FJ190109-Dmel); 9: Two mitochondrial *COI* gene sequences of Zibo *D.hydei* (ZBGY1); 10~11: Two *D.hydei* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank (KJ671603-Dhyd, KJ671602-Dhyd); 12~13: Two mitochondrial *COI* gene sequences of Linyi *D.immigrans* (LYGY1, LYGY2); 14~15: Two *D.immigrans* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank (EF570021-Dimm, JQ679115-Dimm)。

3 讨论

由于铃木氏果蝇、黑腹果蝇、海德氏果蝇、伊米果蝇 4 种果蝇常在水果产区混合发生(郭丽娜等, 2014), 研究这 4 种果蝇的形态特征有利于对其快速鉴别。本研究表明, 铃木氏果蝇雄虫翅前缘顶角处有黑斑, 且其前足第一和第二跗节有一簇性梳;

雌虫腹节背面有不间断黑色条带, 产卵器呈黑色锯齿状。这些是区分铃木氏果蝇与其他 3 种果蝇的重要形态特征。此外, 刚羽化的铃木氏果蝇雄虫黑斑不明显或未显现(林清彩等, 2013; 刘坤, 2014; 张开春等, 2014), 可通过其他特征进行鉴别。

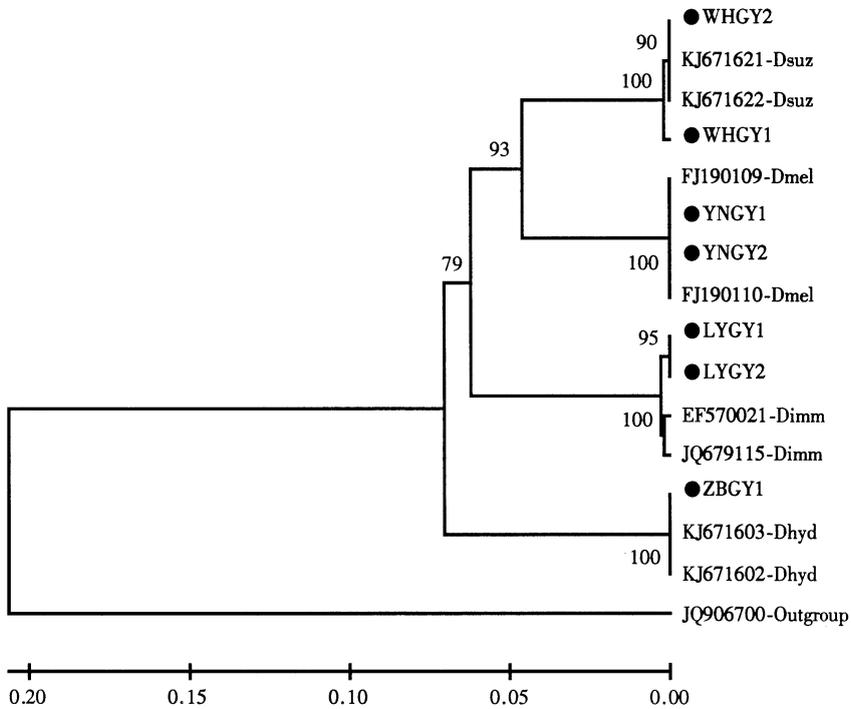


图 6 基于 *mtCOI* 基因构建的系统树(利用 UPGMA 方法)

Fig.6 Phylogenetic tree constructed using *mtCOI* gene based on the UPGMA method

WHGY1, WHGY2: 威海铃木氏果蝇 2 条线粒体 *COI* 基因序列; KJ671622-Dsuz, KJ671621-Dsuz: GenBank 中 2 条铃木氏果蝇线粒体 *COI* 基因序列; YNGY1, YNGY2: 云南黑腹果蝇 2 条线粒体 *COI* 基因序列; FJ190110-Dmel, FJ190109-Dmel: GenBank 中 2 条黑腹果蝇线粒体 *COI* 基因序列; ZBGY1: 淄博海德氏果蝇线粒体 *COI* 基因序列; KJ671603-Dhyd, KJ671602-Dhyd: GenBank 中 2 条海德氏果蝇线粒体 *COI* 基因序列; LYG1, LYG2: 临沂伊米果蝇 2 条线粒体 *COI* 基因序列; EF570021-Dimm, JQ679115-Dimm: GenBank 中 2 条伊米果蝇线粒体 *COI* 基因序列; Outgroup: 烟粉虱线粒体 *COI* 基因序列。
 WHGY1, WHGY2: Weihai *D.suzukii*; KJ671622-Dsuz, KJ671621-Dsuz: *D.suzukii* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank; YNGY1, YNGY2: Yunnan *D.melanogaster*; FJ190110-Dmel, FJ190109-Dmel: *D.melanogaster* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank; ZBGY1: Zibo *D.hydei*; KJ671603-Dhyd, KJ671602-Dhyd: *D.hydei* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank; LYG1, LYG2: Linyi *D.immigrans*; EF570021-Dimm, JQ679115-Dimm: *D.immigrans* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank. Outgroup: *Bemisia tabaci* mitochondrial *COI* gene sequences in GenBank.

对于果蝇的幼虫或蛹,应用形态学难以快速区分,尚需进一步开展分子鉴定技术研究。在水果产区往往是几种果蝇混合发生,然而并不是所有发生的果蝇都会对水果生产造成影响,因此,在对果区发生的果蝇种类进行鉴定后应进一步研究确定其主要危害种,从而更经济有效地防控果蝇危害。

参考文献

褚栋, 张友军, 丛斌, 徐宝云, 吴青君, 朱国仁. 2005. 烟粉虱不同地理种群的 mtDNA *COI* 基因序列分析及其系统发育. 中国农业科学, 38(1): 76-85.
 代侃初. 2013. 长安区樱桃果蝇发生规律及防控技术. 陕西林业科技, (5): 88-90.
 郭迪金, 蒋辉, 张永华, 张成林, 杨彬洪. 2007. 黑腹果蝇和伊米果蝇在四川阿坝州发生初报. 植物保护, 33(1): 134-135.
 郭建明. 2007. 樱桃新害虫黑腹果蝇的生物学特性. 昆虫知

识, 44(5): 743-745.
 郭丽娜, 李伯辽, 董蓝蔓, 仵均祥. 2014. 樱桃果蝇发生与诱捕技术比较研究. 西北农业学报, 23(2): 55-60.
 林清彩, 王圣印, 周成刚, 于毅. 2013. 铃木氏果蝇研究进展. 江西农业学报, 25(10): 75-78.
 刘坤. 2014. 甜樱桃果蝇发生与防治的研究进展. 北方果树, (3): 1-3.
 马聪慧, 温俊宝, 何善勇. 2014. 樱桃果蝇 (*Drosophila suzukii*) 对新疆的风险分析. 中国农学通报, 30(16): 286-294.
 钱远槐, 刘艳玲, 李守涛, 杨勇, 曾庆韬. 2006. 中国黑腹果蝇种群的组成与分布. 湖北大学学报, 28(4): 397-402.
 孙鹏, 廖太林, 袁克, 师振华, 纪睿, 陈集翰, 吴军. 2011. 水果害虫——斑翅果蝇. 植物检疫, 25(6): 45-47.
 吴军, 廖太林, 孙鹏, 师振华, 陈集翰. 2013. 斑翅果蝇生物学特性研究. 植物检疫, 27(5): 36-40.
 伍苏然, 太红坤, 李正跃, 王旭, 杨仕生, 孙文, 肖春. 2007. 铃木氏果蝇田间诱捕方法比较. 云南农业大学学

- 报: 自然科学, 22(5): 776-778.
- 熊伟, 寇琳羚, 向波, 伍加勇, 李文杰, 杨灿芳, 熊静丹, 杨家茂. 2014. 糖醋液与不同颜色粘虫板组合诱杀樱桃果蝇实验. *中国南方果树*, 43(1): 67-69.
- 于毅, 王静, 陶云荔, 国栋, 褚栋. 2013. 铃木氏果蝇不同地理种群中 *Wolbachia* 的检测和系统发育分析. *昆虫学报*, 56(3): 323-328.
- 张开春, 闫国华, 郭晓军, 王晶, 张晓明, 周宇. 2014. 斑翅果蝇(*Drosophila suzukii* Matsumura) 研究现状. *果树学报*, 31(4): 717-721.
- Bolda M P, Goodhue R E and Zalom F G. 2010. Spotted wing drosophila; potential economic impact of a newly established pest. *Agricultural Resource Economics*, 13(3): 5-8.
- Calabria G, Múca J, Bächli G, Serra L and Pascual M. 2012. First records of the potential pest species *Drosophila suzukii* (Diptera; Drosophilidae) in Europe. *Journal of Applied Entomology*, 136(1-2): 139-147.
- Cha D H, Adams T, Rogg H and Landolt P J. 2012. Identification and field evaluation of fermentation volatiles from wine and vinegar that mediate attraction of spotted wing drosophila, *Drosophila suzukii*. *Journal of Chemical Ecology*, 38: 1419-1431.
- Cini A, Ioriatti C and Anfora G. 2012. A review of the invasion of *Drosophila suzukii* in Europe and a draft research agenda for integrated pest management. *Bulletin of Insectology*, 65(1): 149-160.
- Depra M, Poppe J L, Schmitz H J, De Toni D C and Valente V L S. 2014. The first records of the invasive pest *Drosophila suzukii* in the South American continent. *Journal of Pest Science*, 87: 379-383.
- EPPO. 2010. *Drosophila suzukii* (Diptera; Drosophilidae). https://www.eppo.int/QUARANTINE/Alert_List/insects/drosophila_suzukii.htm.
- Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R and Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3: 294-299.
- Grassi A, Palmieri L and Giongo L. 2009. Nuovo fitofago per i piccoli frutti in Trentino. *Terra Trentina*, 55(10): 19-23.
- Hauser M. 2011. A historic account of the invasion of *Drosophila suzukii* (Matsumura) (Diptera; Drosophilidae) in the continental United States, with remarks on their identification. *Pest Management Science*, 67: 1352-1357.
- Kikkawa H and Peng F T. 1938. *Drosophila* species of Japan and adjacent localities. *Japanese Journal of Zoology*, 7: 507-552.
- Kiss B, Lengyel G, Nagy Z and Kárpáti Z. 2013. First record of spotted wing drosophila [*Drosophila suzukii* (Matsumura, 1931)] in Hungary. *Novenyvedelem*, 49(3): 97-99.
- Kleiber J R, Unelius C R, Lee J C, Suckling D M, Qian M C and Bruck D J. 2014. Attractiveness of fermentation and related products to spotted wing drosophila (Diptera; Drosophilidae). *Environmental Entomology*, 43: 439-447.
- Lee J C, Bruck D J, Dreves A J, Loriatti C, Vogt H and Baufeld P. 2011. In focus: spotted wing drosophila, *Drosophila suzukii*, across perspectives. *Pest Management Science*, 67: 1349-1351.
- Lin F J, Tseng H C and Lee W Y. 1977. A catalogue of the family Drosophilidae in Taiwan (Diptera). *Quarterly Journal of the Taiwan Museum*, 30: 345-372.
- Richard B, Peter B, Alberto G, Jose Maria G C, Martin H, Tracy H, Jonathan K, Philippe R and EPPO. 2010. Pest risk analysis for: *Drosophila suzukii*. http://capra.eppo.org/files/examples/1/Drosophila_suzukii.pdf#search=‘Pest+risk+analysis+for%3A+Drosophila+suzukii.+Pratique’.
- Rossi Stacconi M V, Grassi A, Dalton D T, Miller B, Quantar M, Loni A, Ioriatti C, Walton V M and Anfora G. 2013. First field records of *Pachycrepoideus vindemiae* as a parasitoid of *Drosophila suzukii* in European and Oregon small fruit production areas. *Entomologia*, 1(e3): 11-16.
- Tamura K, Dudley J, Nei M and Kumar S. 2007. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24: 1596-1599.
- Thompson J D, Higgins D G and Gibson T J. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22: 4673-4680.

(责任编辑: 杨郁霞)

