DNA 条形码专栏

DNA 条形码在膜翅目昆虫中的应用分析*

周青松[1,2] 张同心[3] 于 芳[1] 罗阿蓉[1] 牛泽清[1] 朱朝东[1] 张彦周[1**]

(1. 中国科学院动物研究所动物进化与系统学院重点实验室 北京 100101;
2. 安徽大学生命科学学院 合肥 230039;3. 宁波市林特科技推广中心 宁波 315012)

摘 要 DNA 条形码的提出,实现了分类学的一次质的飞跃,简便、快捷以及精确的优点使其被广泛应用在物种的分类工作中。膜翅目为昆虫纲的第 3 大目,其物种具有高度的多样性,种类鉴定工作复杂艰巨。DNA 条形码在膜翅目中得到广泛应用。本文针对 DNA 条形码在膜翅目昆虫的物种分类鉴定、物种发现和隐存种、食物网与生物多样性等方面研究情况予以综述。

关键词 膜翅目,DNA 条形码,物种鉴定,物种多样性

Application of DNA barcoding to Hymenopteran taxonomy

ZHOU Qing-Song[1,2] ZHANG Tong-Xin[3] YU Fang[1] LUO A-Rong[1]
NIU Ze-Qing[1] ZHU Chao-Dong[1] ZHANG Yan-Zhou[1**]

(1. Key Laboratory of Zoological Systematics and Evolution, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; 2. School of Life Science, Anhui University, Hefei 230039, China;
3. Ningbo Technology Extension Center for Forestry and Specialty Forest Products, Ningbo 315012, China)

Abstract The development of DNA barcoding has been of great benefit for taxonomy. The simplicity, speed and high precision of this technique has made it widely used in species identification. The Hymenoptera is the 3rd most diverse order of insects, and presents a huge and difficult task for taxonomists. DNA barcoding has already been widely used in Hymenopteran taxonomy. The applications of barcoding to species identification, cryptic species recognition and biodiversity are summarized.

Key words Hymenoptera, DNA barcoding, species identification, biodiversity

尽管目前已有约 150 万种昆虫被记载,但这仅仅是预测物种数目的一小部分,并且随着分子标记的应用不断揭示隐存种,昆虫分类对人类绝对是个巨大的挑战(de Meeûs and Renaud,2002; Knapp *et al.*,2002;Tautz *et al.*,2002)。膜翅目属有翅亚纲、全变态类昆虫,全世界已有记载的种类约 13 万种,目前是昆虫纲中的第三大目(仅次于鞘翅目和鳞翅目)。膜翅目是一个十分多样化的昆虫类群,分类阶元复杂、形态多种多样(Gauld and Bolton,1988)。膜翅目昆虫的分类鉴定长期以来都是科学难题,其中多数物种都尚未被描述,尤其是膜翅目中具有许多体型微小的寄生性种类。另外,受地理位置、寄主植物种类、不同发育阶段等因素的影响,单纯依靠传统形态分类技术造成物种错订或误订的现象时有发生。近年来,DNA 条形码技术的发展和普及为物种分类鉴定工作提供了新的快速有效的研究方法和手段(Frézal and Leblois,2008),极大地促进了物种,特别是昆虫分类的发展(Miller,2007)。

近年来在鳞翅目(Hebert *et al.*, 2004;

* 资助项目:科技部基础性工作专项;重要生物 DNA 条形码的技术规范体系与信息系统构建(2011FY120200);国家自然科学基金面上项目(31071950)和宁波市科技局重大项目(2009C10004)。

** 通讯作者,E-mail:zhangyz@ioz.ac.cn

收稿日期:2012-12-07,接受日期:2012-12-28

Hajibabaei *et al.*,2006;Burns *et al.*,2008)、鞘翅目(Woodcock *et al.*,2007;Lord *et al.*,2010;王银竹等,2010)、双翅目(Smith *et al.*,2006, 2007;Kumar *et al.*,2007;梁亮等,2011;Barr *et al.*,2012)和半翅目(Foottit *et al.*,2008,2009;李敏等,2010)昆虫中得到了广泛的应用,国内也有相关的综述(肖金花等, 2004;王剑峰和乔格侠,2007;彭居俐等, 2008;池宇等,2010;李青青等, 2010;武宇鹏等, 2011;张媛等,2011)。相比较而言,膜翅目生活类型更为复杂,因此在膜翅目中应用范围和目的更广泛一些,本文主要针对 DNA 条形码概况以及其在膜翅目昆虫中的研究情况予以综述。

1 DNA 条形码在膜翅目昆虫中的应用概述

物种的准确鉴定是深入开展生物学、生态学,了解物种间的相互关系以及生物防治和生物多样性工作开展的必要前提和基础(Dayrat,2005)。传统的物种鉴定和分类主要依赖于分类学家的知识积累和工作经验,但一名合格的分类学家常常需要长时间的专业知识和经验积累。随着科学技术的发展,物种发现和灭绝的速度也在逐渐加快,经典分类学方法已经很难满足现代物种的分类鉴定工作,迫切需要更加快速、有效地生物物种鉴定方法和体系(Heber *et al.*,2003;Tautz *et al.*,2003)。Tautz 等(2002)首先提出 DNA 分类的概念(DNA taxonomy),以 DNA 序列为基础建立并利用序列的差异进行物种分类,并与林奈命名系统相对应。Hebert 教授 2003 年提出利用线粒体基因细胞色素 c 氧化酶亚单位 I(COⅠ或 COXI)作为物种的条形码(barcodes)用于种类的分类鉴定(Hebert *et al.*,2003)。

DNA 条形码的准确性使其在昆虫中多个类群的研究中得以应用。Janzen 等(2009)通过对形态学定义的 3 500 个物种(包括蛾类、蝶类、寄生蝇、寄生蜂等)100 000 个标本进行 DNA 条形码分类,结果显示这些标本没有完全相同的 DNA 条形码,并且只有不到 1% 的物种有相似的 DNA 条形码。此外,Darsouei 等(2011)在对伊朗 Mashhad 梨树果园的蚜虫上的寄生蜂和重寄生蜂展开调查中,COⅠ序列的结果与形态比较的结果相一致,说明利用 DNA 条形码可以对膜翅目昆虫进行准确的分类鉴定。

DNA 条形码在膜翅目中也得到了广泛的应用,截止 2012 年 11 月 20 日,共有 176 843 条膜翅目昆虫条形码序列,涉及到 113 个国家(主要国家见表 1)的 85 个科 18 917 个物种(主要类群见表 2)(http://www.boldsystems.org)。除 COⅠ序列外,膜翅目昆虫的 DNA 条形码研究涉及的基因还包括 28S,18S,16S,ITS1,LWRh 等(Vences *et al.*, 2005;Smith *et al.*, 2007;Radulovici *et al.*, 2010;Derocles *et al.*,2012)。

表 1 DNA 条形码膜翅目的主要样本采集地*

Table 1 The major countries of Hymenoptera DNA barcoding sampling

国家 County	样本量 No. of collection	国家 County	样本量 No. of collection
加拿大 Canada	83 366	巴基斯坦 Pakistan	3 451
哥斯达黎加 Costa Rica	39 774	阿根廷 Argentina	3 177
美国 United States	26 362	中国 China	2 996
马达加斯加 Madagascar	24 545	泰国 Thailand	2 440
德国 Germany	11 070	土耳其 Turkey	2 116
澳大利亚 Australia	7 362	巴拿马 Panama	2 006
墨西哥 Mexico	5 816	法国 France	1 906
巴布亚新几内亚 Papua New Guinea	5 134	意大利 Italy	1 376
南非 South Africa	3 784	洪都拉斯 Honduras	1 229
肯尼亚 Kenya	3 605	科摩罗 Comoros	1 170

* 数据来源于 BOLD Systems(http://www.barcodinglife.org)。下表同。

Data are from BOLD Systems(http://www.barcodinglife.org). The same below.

表 2　膜翅目主要类群的条形码研究*

Table 2　DNA barcodes of major groups of Hymenoptera

科名 Family	属 Genus	条形码数量 No. of barcodes
叶蜂科 Tenthredinidae	139	9 523
蚁科 Formicidae	225	67 452
地蜂科 Andrenidae	39	5 368
方头泥蜂科 Crabronidae	74	3 727
蛛蜂科 Pompilidae	38	1 582
胡蜂科 Vespidae	70	3 856
蚁蜂科 Mutillidae	61	2 258
蜜蜂科 Apidae	187	17 099
分舌蜂科 Colletidae	56	3 976
切叶蜂 Megachilidae	61	7 695
隧蜂科 Halictidae	86	15 176
姬蜂科 Ichneumonidae	799	38 600
茧蜂科 Braconidae	467	47 414
青蜂科 Chrysididae	26	1 318
瘿蜂科 Cynipidae	36	2 108
小蜂科 Chalcididae	19	1 348
金小蜂科 Pteromalidae	138	3 719
姬小蜂科 Eulophidae	92	2 664
广肩小蜂科 Eurytomidae	10	1 070

2　DNA 条形码在膜翅目昆虫中的应用

2.1　膜翅目昆虫的分类鉴定

膜翅目的昆虫类群十分多样化,是十分重要的一类昆虫,许多种类具有相当大的经济意义,其中有相当大的一部分类群为寄生性天敌,在自然控制害虫的种群数量上发挥着巨大的作用,是整个生态系统的重要组成部分(LaSalle,1993;Baker *et al.*,2003;Gariepy *et al.*,2007;Smith *et al.*,2008)。随着科技的发展以及社会生产的需要,膜翅目昆虫系统全面、快速、准确的物种鉴定的分类鉴定工作迫在眉睫。

早期的,特别是使用COI 分子标记的物种鉴定研究,虽然没有明确 DNA 条形码的概念,仍然属于分子分类的范畴(Danforth and Ji,1998;De Barro *et al.*,2000)。Babcock 和 Heraty(2000)利用 28S 的 D2 区域的序列将蚜小蜂 *Encarsia formosa* Gaha 与 *E. luteola* Howard 区分开,并通过分子分析发现它们之间可能是关系最近的姐妹种。

近几年,膜翅目昆虫是利用 DNA 条形码研究最多的类群之一,Koch(2010)利用 COI 序列对马达加斯加西部 Kirindy 落叶林中的麦蜂属蜜蜂标本分析后,准确地把世界体型最小的蜜蜂 *Liotrigona bitika* Brooks *et* Michener 区分出来,并解决了马达加斯加西部 *Liotrigona* 属的分类问题。对中国北方地区和日本的温室传粉熊蜂 *Bombus hypocrita* Pe'rez 的COI 序列分析后,Williams 等(2012a)认为在日本分布的是真正的 *B. hypocrita*,而中国地区的温室传粉熊蜂其实是广布俄罗斯的 *B. patagiatus* Nylander。Zaldívar-Riverón 等(2010)利用 DNA 条形码技术对墨西哥 Chamela-Cuixmala 自然保护区内采集到的 468 个矛茧蜂亚科(Doryctinae)寄生蜂进行了分类研究。

同时通过 DNA 条形码可以修正一些先前的错误的形态分类特征,Carolan 等(2012)对北欧传粉熊蜂属的 *Bombus lucorum* 复合种中的蜂后进行 DNA 条形码分析后发现先前被认为具有特有特征的一个种其实是由不同的种组成的,此外先前依赖体色进行物种辨别的模式并不能对此类物种准确的分类。

DNA 条形码也可以参与物种的重新修订和检查,Prous 等(2011)通过形态、生态学调查以及 DNA 条形码对叶蜂 *Empria longicornis* 种群进行重新修订,认为 *E. longicornis* 种群是由 9 个种组成的:*E. alector*、*E. alpina*、*E. basalis*、*E. japonica*、*E. loktini*、*E. longicornis*、*E. minuta*、*E. mongolica* 和 *E. tridens*。Droege 等(2010)结合 DNA 条形码技术发现北美地区蜜蜂 *Nomada* 属下 *N. heligbrodtii* Cresson 与 *N. texana*, *N. indusata* Mitchell 与 *N. augustiana*, *N. kingstonensis* Mitchell 与 *N. lehighensis*, *N. pseudops* Cockerell 与 *N. bethunei*,以及 *N. wisconsinensis* Graenicher 与 *N. fervida* 皆为同物异名。

DNA 条形码也能够帮助我们解决昆虫的多态现象以及同一物种性别间的多态性问题。Elzinga 等(2011)通过条形码分析得出寄生刺蛾 *Naryciinae* 属的其中一种寄生蜂 *Macrus parvulus* 可能是由两种形态组成的,分别寄生有性生殖和孤雌生殖 *Naryciinae* 属刺蛾,此外也确认了 *Trachyaru sbrevipennis* 和 *Trachyaru fuscipes* 中的一些其实是一个种的两种形态类型。Li 等(2010)通过COI 和 ITS2 序列发现在 *Sycophila* 属榕小蜂 *F. benjamina*

具有 3 种不同的雄性型。

此外,需要提到的是在一些整合分类研究中 DNA 条形码多是作为分子特征辅助手段,结合形态学、生物学以及生态学用于物种分类的研究(Triapitsyn *et al.*, 2007; Koch, 2010; Williams *et al.*,2011;Chesters *et al.*,2012)。

2.2 发现膜翅目昆虫的新种和隐存种

DNA 条形码技术可以帮助我们加快对新物种的发现。应用 DNA 条形码可以快速给样本分群,同时也可知道样本是否来自于已知物种,而相应的减少了传统分类定种前所面临的体型微小、特征不明显的困难。Quicke 等(2012a)在从巴布新几内亚的草螟体内羽化出的寄生蜂中发现了 9 个新种,其中大多数在形态上即可分辨,但其中两种形态极为相似,又都专性寄生鳞翅目草螟科中的斑野螟亚科的幼虫。

Williams 等(2012b)在对 33 个国家 279 个地点的熊蜂 *Bombus* s. str. 亚属的 559 条 COⅠ 序列进行分析发现原先形态上认为的 4 个种在分子上却是由 17 个种类组成的。Menke 等(2010)在对城市生态系统中的害虫蚂蚁 *Tapinoma sessile* 的 COⅠ 序列分析得出此种蚂蚁可能为自然条件下的 *Tapinoma sessile* 的隐存种。

寄生性类群是膜翅目昆虫的重要组成部分,它们物种丰富,但因多数体型微小,形态差异甚微,难以将其辨分。DNA 条形码在鉴定寄生性膜翅目昆虫中存在的隐存种(cryptic species)和近缘种(sibling species)效果尤其突出(Buck *et al.*, 2012;Zhou *et al.*,2012),为揭示物种多样性做出了巨大的贡献(van Velzen *et al.*,2007)。

Chesters 等(2012)利用 COⅠ 和 28S 序列结合形态学和交配试验认为 *Encyrtus sasakii* 是由 3 种形态相似的近缘种组成的复合种。Desneux 等(2009)则利用 DNA 条形码结合生物学得出中国黑龙江的广双瘤蚜茧蜂 *Binodoxys communis* 种群与韩国地区的种群是近缘种,并命名韩国的广双瘤蚜茧蜂为 *B. koreanus*, sp. n.。

2.3 寄主-寄生蜂关系

寄主和寄生蜂是生态群落中的两大群体,但由于寄生蜂的体型微小,寄生蜂的幼虫在寄主体内发育,因此对寄主与寄生蜂的关系知之甚少,传统的饲养耗费时间精力,解剖学手段又难以对寄生蜂幼虫进行鉴别。DNA 条形码的使用能够帮助我们更好地了解寄主的寄生蜂种类、寄生蜂的寄主范围以及寄生蜂与寄主的专化关系等。

通过 DNA 条形码技术,我们可以直接从寄主体内获取寄生蜂的序列。Carolan 等(2012)发现在获取的麦长管蚜 *Sitobion avenae* 的 COⅠ 序列中有 5 条序列(32.6%)分别与其寄生蜂蚜小蜂、麦蚜茧蜂以及金小蜂的 COⅠ 序列具有相似性。

Rougerie 等(2011)通过对膜翅目寄生蜂 *Pediobius saulius* 成虫的肠道内容物进行 DNA 条形码扩增,并从中获取到寄主 *Cotesia* 和 *Microplitis* 的 DNA 条形码,从而获知寄生蜂幼虫的寄主范围。Zhang 等(2011)利用 COⅠ 基因和 28S 基因很好的对寄生蜡蚧 *Ceroplastes* spp. 的扁角跳小蜂属 *Anicetus* 的跳小蜂进行辨别,并发现跳小蜂表现出极强的寄主专化性,既每一种扁角跳小蜂只利用一种蜡蚧作为寄主。

利用寄生蜂寄生田间害虫控制害虫的种群数量是生物防治的主要手段之一。通过 DNA 条形码技术,我们可以快速准确的鉴定寄主寄生蜂种类,现在已涉及的研究包括盲蝽(Zhu and Williams, 2002; Ashfaq *et al.*, 2004; Zhu *et al.*, 2004)、棉铃虫(Amornsak *et al.*, 2007)、麦蚜(Jones *et al.*,2005)、橘蚜(Weathersbee III *et al.*, 2004)、白粉虱(Moreno-Ripoll *et al.*,2012)、家蝇和螯蝇(Ratcliffe *et al.*,2002)以及欧洲玉米螟(Agustí *et al.*,2005)的膜翅目寄生蜂,并能检测寄生性天敌的寄生效果(Ratcliffe *et al.*,2002;Ashfaq *et al.*,2004;Jenkins *et al.*,2012)。

2.4 食物网与生物多样性

通过 DNA 条形码对物种的准确鉴定对食物网的定性和定量具有十分重大的意义,Smith 等(2011)结合 DNA 条形码对 New Brunswick 森林中云杉上的蚜虫(spruce budworm)食物网的调查研究发现许多原先认为的兼性寄生蜂其实是有一些形态相似的专性寄生的隐存种组成的。同时 DNA 条形码也丰富了食物网各营养级直接的链接(liaison),改变我们先前对食物网的一些理解,通过其提供的更加精确地数据能够帮助我们更加有效、精确地了解食物网中各营养级之间的相互关系(May-Itza *et al.*,2010)。

DNA 条形码技术也能帮助我们更好地理解生

态群落的生物多样性。Smith 等(2008)对哥斯达黎加关纳卡斯帝保护区(Area de Conservacion Guanacaste,ACG)小腹茧蜂亚科的 6 个属的 2 579 个寄生蜂标本进行条形码分析后发现一共有 313 个临时物种,比形态学分析要多出 142 个,其中 95% 的种类还尚待描述。Ceccarelli 等(2012)通过对新热带地区的 10 个国家的 233 样本的 *Notiospathius* 属的寄生性茧蜂的 DNA 条形码(COⅠ、*Cyt b*、*wg*)及形态分析得出共有 71 个种,同时他们根据样本的采集方式认为仍然存在大量的 *Notiospathius* 属的种类未被发现。Fernandez-Triana(2010)利用条形码技术对加拿大和阿拉斯加地区的小腹茧蜂亚科(Microgastrinae)的 12 000 个标本进行鉴定调查,发现共有 28 个属 225 个种类的茧蜂,比之前记录的种类要多 50%。Hrcek 等(2011)利用 DNA 条形码技术对巴布新几内亚热带雨林的鳞翅目幼虫-寄生蜂食物网进行探测,发现在 37 种鳞翅目幼虫和 46 种膜翅目寄生蜂之间有 93 个不明确的营养级关系,DNA 条形码提供了一个食物网的快速调查,并且能推测一些未知的物种间的相互关系。

同样 DNA 条形码技术也可应用于较小的生态系统,Moreno-Ripoll 等(2012)在对温室害虫白粉虱 *Bemisia tabaci* Gennadius 和 *Trialeurodes vaporariorum*(Westwood)与其捕食者 *Macrolophus pygmaeus*(Rambur)和 *Nesidiocoris tenuis* Reuter 以及寄生蜂 *Eretmocerus mundus*(Mercet)和 *Encarsia pergandiella* Howard 三者的调查中发现由于捕食者也会捕食寄生蜂,可能会导致二者对白粉虱的控制效果下降,利用 DNA 条形码技术可以在捕食率或寄生率很低的情况下很好探测三者之间的关系。

2.5　地理变异和分化

研究寄生蜂与寄主的地理变异和分化主要依赖于物种的鉴定和饲养,但是由于一些物种特定的生活环境和生活史使得物种的饲养变得难以实行,此外,寄生蜂主要寄生寄主的幼虫,依靠传统的形态分类准确的辨别寄主变得十分困难(Quicke, 2002; Greenstone, 2003; Persad *et al.*, 2004),因此寄生蜂与寄主的地理变异和分化的研究迟滞不前。DNA 条形码技术则提供了一个准确鉴定寄主与寄生蜂的手段。Santos 等(2011)利用 COⅠ 序列研究 Macaronesia 岛与其临近陆地的鳞翅目幼虫 *Acroclita subsequana* 与其寄生蜂关系的地理变异,发现寄主幼虫有 6 个 MOTU,寄生蜂则有 12 个 MOTU,每个寄生蜂 MOTU 大多只寄生一个寄主 MOTU。

3　DNA 条形码在膜翅目昆虫中的应用中面临的问题

3.1　*Wolbachia* 菌对 DNA 条形码的影响

Wolbachia 是一种广泛存在于昆虫体内的胞内共生菌。它能够影响寄主线粒体基因的变异,因此在获取同一物种的不同株系的 DNA 条形码时就会产生差异。王宁新(2009)在对对叶榕(*F. hispida*)4 种小蜂的研究过程中发现,内共生菌 *Wolbachia* 和线粒体假基因的存在都对线粒体基因的使用产生不同程度的影响。这对我们一直使用的线粒体分子标记产生影响,尤其是对感染 *Wolbachia* 的节肢动物的系统进化、种群结构等研究提出了严峻考验。Gerth 等(2011)在对德国蜜蜂和泥蜂的调查中就发现分别有 66% 和 54% 的种群会感染 *Wolbachia*,并建议在做 DNA 条形码研究时,最好不要单独使用线粒体 COⅠ 基因,核基因的加入是不可或缺的。

3.2　线粒体异质性(mitochondrial heteroplasmy)对 DNA 条形码结果的干扰

Magnacca 和 Brown(2010)在对夏威夷 *Hylaeus* 属的 4 种异质性蜜蜂的 20 个个体的不同部位进行 DNA 条形码分析发现,所有 4 种蜜蜂身体不同部位(腹部和肌肉组织)的条形码序列都有显著性的差异。同时,这说明了 DNA 取样方法的重要性,当 DNA 只是从生物个体一小块组织中提取出来时,线粒体 DNA 的多样性可能被人们所忽视。另外,个体间不同的单倍型分布也可能导致隐存种的错误识别。

3.3　序列与物种名不相对应

利用 DNA 条形码鉴定物种,其中重要的环节就是把样本条形码序列上传至 NCBI 或 GeneBank 中,并与数据库中已知物种名的序列相比对,并获得最接近的结果。同时 DNA 条形码的使用降低了分类学的“门槛”,一些非分类学学者也能参与到物种的分类工作之中,这就免不了将一些错误定名物种的序列上传至数据库中,因此 NCBI 以及

GeneBank 中已登记的序列的物种名可能并不能真正与模式标本相对应(Page,2008)。

4 DNA 条形码的研究展望

不同物种的传统鉴定工作常常需要采用不同的方法和技术,而通过 DNA 条形码则会大大简化了这个程序,在一定程度上是一个较为通用的标准物种鉴定方法(Hajibabaei *et al.*,2007)。DNA 条形码在科学研究领域具有广泛的应用潜力,尤其在保护生物学包括生物多样性调查等领域潜力更大。当传统的分类学手段受到阻碍时,这种技术就更可以发挥其优势。

有些学者建议直接利用 DNA 条形码的序列在分子层面上给物种进行分类即 DNA 分类,并提出 MOTU(molecular operational taxonomic units)的概念,颠覆了传统意义上的物种认知方式,使人们对物种的理解变成了抽象的代码。但是遭到许多其他学者的反对,他们认为这样可能会丧失许多物种应有的必要信息(Köhler,2007)。实际上,无论是 DNA 分类还是 DNA 条形码,在理论上或实际应用中完全脱离形态学的分类是没有意义的,也不可能完全取代传统分类。但他们对分类的贡献是无庸质疑的,即它们可以从各种不同的角度和领域填补传统分类的不足或解决一些传统分类无法入手的难题。近期一些学者提出了整(综)合分类(integrated taxonomy)的概念(Dayrat, 2005; Will *et al.*,2005;Agnarsson and Kuntner,2007),即结合生态学、形态学、行为学等多种性状,进行物种的鉴定、发现,以及高级阶元的分类。通过最近几年对寄生蜂研究工作,我们认为这将是未来分类学的大趋势。

尽管 DNA 条形码仍然存在争议(Moritz and Cicero,2004;Dasmahapatra *et al.*,2010),但发展至今已经有了长足的发展。从开始倡导的通用基因(COⅠ),已经发展到可以针对不同的生物类群使用不同的基因,甚至几个基因联合使用。研究范围已不仅仅局限于物种的鉴定分类,越来越多地应用于生物多样性、食物网,探究物种间相互关系以及外来入侵种的研究之中(Armstrong and Ball, 2005;Janzen *et al.*,2005;Sheppard and Harwood, 2005;Soininen *et al.*,2009),同时可为系统发育学(Quicke *et al.*,2012b)、种群遗传学(Hajibabaei *et al.*,2007)等学科提供有用信息资源。另外,通过 DNA 条形码研究,也可以帮助我们发现更多的科学问题,促进多个学科的发展。

参考文献(References)

Agnarsson I, Kuntner M, 2007. Taxonomy in achanging world:Seeking solutions for a science in crisis. *Syst. Biol.*, 56(3):531 – 539. doi:10.1080/10635150701424546.

Agustí N, Bourguet D, Spataro T, Delos M, Eychenne N, Folcher L, Arditi R, 2005. Detection, identification and geographical distribution of European corn borer larval parasitoids using molecular markers. *Mol. Ecol.*, 14(10): 3267 – 3274.

Amornsak W, Gordh G, Graham G, 1998. Detecting parasitised eggs with polymerase chain reaction and DNA sequence of *Trichogramma australicum* Girault (Hymenoptera:Trichogrammatidae). *Austr. J. Entomol.*, 37(2):174 – 179.

Armstrong KF, Ball SL, 2005. DNA barcodes for biosecurity: invasive species identification. *Philos. Trans. R. Soc. Lond B Biol. Sci.*, 360(1462):1813 – 1823.

Ashfaq M, Braun L, Hegedus D, Erlandson M, 2004. Estimating parasitism levels in *Lygus* spp. (Hemiptera: Miridae) field populations using standard and molecular techniques. *Biocontrol Sci. Technol.*, 14:731 – 735.

Babcock CS, Heraty JM, 2000. Molecular markers distinguishing *Encarsia formosa* and *Encarsia luteola* (Hymenoptera:Aphelinidae). *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 93:738 – 744.

Baker DA, Loxdale HD, Edwards OR, 2003. Genetic variation and founder effects in the parasitoid wasp*Diaeretiella rapae* (M′ Intosh) (Hymenoptera: Braconidae: Aphidiidae), affecting its potential as a biological control agent. *Mol. Ecol.*, 12(12): 3303 – 3311.

Barr NB, Islam MS, De Meyer M, McPheron BA, 2012. Molecular identification of *Ceratitis capitata* (Diptera: Tephritidae) using DNA sequences of the COⅠ barcode region. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 105(2):339 – 350.

Buck M, Cobb TP, Stahlhut JK, Hanner RH, 2012. Unravelling cryptic species diversity in eastern Nearctic paper wasps, *Polistes* (*Fuscopolistes*), using male genitalia, morphometrics and DNA barcoding, with descriptions of two new species (Hymenoptera:Vespidae). *Zootaxa*, 3502:1 – 48.

Burns JM, Janzen DH, Hajibabaei M, Hallwachs W, Hebert PD, 2008. DNA barcodes and cryptic species of skipper

butterflies in the genus *Perichares* in Area de Conservación Guanacaste, Costa Rica. *PNAS*, 105(17):6350 – 6355.

Carolan JC, Murray TE, Fitzpatrick Ú, Crossley J, Schmidt H, Cederberg B, McNally L, Paxton RJ, Williams PH, Brown MJF, 2012. Colour patterns do not diagnose species: quantitative evaluation of a DNA barcoded cryptic bumblebee complex. *PLoS ONE*, 7:662 – 667.

Ceccarelli FS, Sharkey MJ, Zaldívar-Riverón A, 2012. Species identification in the taxonomically neglected, highly diverse, Neotropical parasitoid wasp genus *Notiospathius* (Braconidae:Doryctinae) based on an integrative molecular and morphological approach. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 62(1):485 – 495.

Chesters D, Wang Y, Yu F, Bai M, Zhang TX, Hu HY, Zhu CD, Zhang YZ, 2012. The integrative taxonomic approach reveals host specific species in an encyrtid parasitoid species complex. *PloS ONE*, 7(5):e37655.

Danforth BN, Ji S, 1998. Elongation factor-1 alpha occurs as two copies in bees: implications for phylogenetic analysis of EF-1 alpha sequences in insects. *Mol. Biol. Evol.*, 15(3):225 – 235.

Darsouei R, Karimi J, Modarres-Awal M, 2011. Parasitic wasps as natural enemies of aphid populations in the mashhad region of Iran: new data from dna barcodes and SEM. *Arch. Biol. Sci.*, 63(4):1225 – 1234.

Dasmahapatra KK, Elias M, Hill RI, Hoffman JI, Mallet J, 2010. Mitochondrial DNA barcoding detects some species that are real, and some that are not. *Mol. Ecol. Resour.*, 10(2):264 – 273.

Dayrat B, 2005. Towards integrative taxonomy. *Biol. J. Linnean. Soc.*, 85(3):407 – 415.

De Barro PJ, Driver F, Trueman JW, Curran J, 2000. Phylogenetic relationships of world populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) using ribosomal ITS1. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 16(1):29 – 36.

de Meeûs T, Renaud F, 2002. Parasites within the new phylogeny of eukaryotes. *Trends Parasitol.*, 18(6):247 – 251.

Derocles SA, Plantegenest M, Simon JC, Taberlet P, Le Ralec A, 2012. A universal method for the detection and identification of Aphidiinae parasitoids within their aphid hosts. *Mol. Ecol. Resour.*, 12(4):634 – 645.

Desneux N, Stary P, Delebeque CJ, Gariepy TD, Barta RJ, Hoelmer KA, Heimpel GE, 2009. Cryptic species of parasitoids attacking the soybean aphid (Hemiptera: Aphididae) in Asia: *Binodoxys communis* and *Binodoxys koreanus* (Hymenoptera: Braconidae: Aphidiinae). *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 102:925 – 936.

Droege S, Rightmyer MG, Sheffield CS, Brady SG, 2010. New synonymies in the bee genus *Nomada* from North America (Hymenoptera:Apidae). *Zootaxa*, 2661:1 – 32.

Elzinga JA, Zwakhals K, Mappes J, Grapputo A, 2011. The parasitoid species complex associated with sexual and parthenogenetic *Naryciinae* (Lepidoptera: Psychidae): Integrating ecological and molecular analyses. *Eur. J. Entomol.*, 108(4):635 – 650.

Fernandez-Triana JL, 2010. Eight new species and an annotated checklist of Microgastrinae (Hymenoptera, Braconidae) from Canada and Alaska. *Zookeys*, (63):1 – 53.

Foottit RG, Maw HEL, Havill NP, Ahern RG, Montgomery ME, 2009. DNA barcodes to identify species and explore diversity in the Adelgidae (Insecta: Hemiptera: Aphidoidea). *Mol. Ecol. Resour.*, 9:188 – 195.

Foottit RG, Maw HEL, Von Dohlen CD, Hebert PDN, 2008. Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes. *Mol. Ecol. Resour.*, 8(6):1189 – 1201.

Frézal L, Leblois R, 2008. Four years of DNA barcoding: current advances and prospects. *Infect. Genet. Evol.*, 8(5):727 – 736.

Gariepy TD, Kuhlmann U, Gillott C, Erlandson M, 2007. Parasitoids, predators and PCR: the use of diagnostic molecular markers in biological control of Arthropods. *J. Appl. Entomol.*, 131(4):225 – 240.

Gauld ID, Bolton B, 1988. The Hymenoptera. British Museum (Natural History). London, and Oxford University Press, Oxford. 332.

Gerth M, Geissler A, Bleidorn C, 2011. *Wolbachia* infections in bees (*Anthophila*) and possible implications for DNA barcoding. *Syst. Biodivers.*, 9(4):319 – 327.

Greenstone M, 2003. Assessing insect endoparasitism by PCR: applications to classical biological control. Proceedings of the 1st International Symposium on Biological Control of Arthropods. 98 – 101.

Hajibabaei M, Janzen DH, Burns JM, Hallwachs W, Hebert PDN, 2006. DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *PNAS*, 103(4):968 – 971.

Hajibabaei M, Singer GAC, Hebert PDN, Hickey DA, 2007. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends Genet.*, 23(4):167 – 172.

Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, DeWaard JR, 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R.*

Soc. B-Biol. Sci., 270(1512):313 – 321.

Hebert PDN, Penton EH, Burns JM, Janzen DH, Hallwachs W, 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *PNAS*, 101(41):14812 – 14817.

Hrcek J, Miller SE, Quicke DLJ, Smith MA, 2011. Molecular detection of trophic links in a complex insect host – parasitoid food web. *Mol. Ecol. Resour.*, 11(5):786 – 794.

Janzen DH, Hajibabaei M, Burns JM, Hallwachs W, Remigio E, Hebert PDN, 2005. Wedding biodiversity inventory of a large and complex Lepidoptera fauna with DNA barcoding. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 360(1462):1835 – 1845.

Janzen DH, Hallwachs W, Blandin P, Burns JM, Cadiou JM, Chacon I, Dapkey T, Deans AR, Epstein ME, Espinoza B, Franclemont JG, Haber WA, Hajibabaei M, Hall JW, Hebert PDN, Gauld ID, Harvey DJ, Hausmann A, Kitching IJ, Lafontaine D, Landry JF, Lemaire C, Miller JY, Miller JS, Miller L, Miller SE, Montero J, Munroe E, Rab Green S, Ratnasingham S, Rawlins JE, Robbins RK, Rodriguez JJ, Rougerie R, Sharkey MJ, Smith MA, Solis MA, Sullivan JB, Thiaucourt P, Wahl DB, Weller SJ, Whitfield JB, Willmott KR, Wood DM, Woodley NE, Wilson JJ, 2009. Integration of DNA barcoding into an ongoing inventory of complex tropical biodiversity. *Mol. Ecol. Resour.*, 9:1 – 26.

Jenkins C, Chapman TA, Micallef JL, Reynolds OL, 2012. Molecular techniques for the detection and differentiation of host and parasitoid species and the implications for fruit fly management. *Insects*, 3(3):763 – 788.

Jones DB, Giles KL, Chen Y, Shufran KA, 2005. Estimation of hymenopteran parasitism in cereal aphids by using molecular markers. *J. Econ. Entomol.*, 98(1):217 – 221.

Knapp S, Bateman RM, Chalmers NR, Humphries CJ, Rainbow PS, Smith AB, Taylor PD, Vane-Wright RI, Wilkinson M, 2002. Taxonomy needs evolution, not revolution. *Nature*, 419(6907):559.

Koch H, 2010. Combining morphology and DNA barcoding resolves the taxonomy of Western *Malagasy liotrigona* Moure, 1961 (Hymenoptera: Apidae: Meliponini). *Afr. Invertebr.*, 51(2):413 – 421.

Köhler F, 2007. From DNA taxonomy to barcoding – how a vague idea evolved into a biosystematic tool. *Mitteilungen aus dem Museum für Naturkunde Berlin. Zoologische Reihe*, 83:44 – 51.

Kumar NP, Rajavel AR, Natarajan R, Jambulingam P, 2007. DNA barcodes can distinguish species of Indian mosquitoes (Diptera: Culicidae). *J. Med. Entomol.*, 44(1):1 – 7.

LaSalle J, 1993. Parasitic Hymenoptera, biological control, and biodiversity. Hymenoptera and Biodiversity// LaSalle J, Gauld ID (eds.). CAB International, Wallingford, UK. 197 – 215.

Li YW, Zhou X, Feng G, Hu HY, Niu LM, Hebert PDN, Huang DW, 2010. COⅠ and ITS2 sequences delimit species, reveal cryptic taxa and host specificity offig-associated *Sycophila* (Hymenoptera, Eurytomidae). *Mol. Ecol. Resour.*, 10(1):31 – 40.

Lord NP, Hartley CS, Lawrence JF, Mchugh JV, Whiting MF, Miller KB, 2010. Phylogenetic analysis of the minute brown scavenger beetles (Coleoptera: Latridiidae), and recognition of a new beetle family, Akalyptoischiidae fam. n. (Coleoptera: Cucujoidea). *Syst. Entomol.*, 35(4):753 – 763.

Magnacca KN, Brown MJ, 2010. Tissue segregation of mitochondrial haplotypes in heteroplasmic Hawaiian bees: implications for DNA barcoding. *Mol. Ecol. Resour.*, 10(1):60 – 68.

May-Itzá WDJ, Quezada-Euán JJG, Medina LM, Enríquez E, De la Rúa P, 2010. Morphometric and genetic differentiation in isolated populations of the endangered Mesoamerican stingless bee *Melipona yucatanica* (Hymenoptera: Apoidea) suggest the existence of a two species complex. *Conserv. Genet.*, 11(5):2079 – 2084.

Menke SB, Booth W, Dunn RR, Schal C, Vargo EL, Silverman J, 2010. Is it easy to be urban? Convergent success in urban habitats among lineages of a widespread native ant. *PloS ONE*, 5(2):e9194.

Miller SE, 2007. DNA barcoding and the renaissance of taxonomy. *PNAS*, 104(12):4775 – 4776.

Moreno-Ripoll R, Gabarra R, Symondson WOC, King RA, Agustí N, 2012. Trophic relationships between predators, whiteflies and their parasitoids in tomato greenhouses: a molecular approach. *B. Entomol. Res.*, 102(4):415.

Moritz C, Cicero C, 2004. DNA barcoding: promise and pitfalls. *PLoS Biol.*, 2:1529 – 1531.

Page RDM, 2008. Biodiversity informatics: the challenge of linking data and the role of shared identifiers. *Brief. Bioinform.*, 9(5):345 – 354.

Persad AB, Jeyaprakash A, Hoy MA, 2004. High-fidelity PCR assay discriminates between immature *Lipolexis oregmae* and *Lysiphlebus testaceipes* (Hymenoptera: Aphidiidae) within their aphid hosts. *Florida Entomol.*, 87(1):18 – 24.

Prous M, Heidemaa M, Soon V, 2011. *Empria longicornis*

species group: taxonomic revision with notes on phylogeny and ecology (Hymenoptera, Tenthredinidae). *Zootaxa*, (2756):1 – 39.

Quicke DJ, 2002. Parasitic wasp taxonomy into the 21st century. Parasitic wasps – evolution, systematics // Melika G, Thuroczy C (eds.). Parasitic Hymenoptera: Evolution, Systematics, Biodiversity and Biological Control. Agroinform Kiado, Budapest. 3 – 10.

Quicke DJ, Smith MA, Miller SE, Hrcek J, Butcher B, 2012a. *Colastomion* Baker (Braconidae, Rogadinae): nine new species from Papua New Guinea reared from Crambidae. *J. Hymenopt. Res.*, 28:85 – 121.

Quicke DL, Smith AM, Janzen DH, Hallwachs W, Fernandez-Triana J, Laurenne NM, Zaldivar-Riveron A, Shaw MR, Broad GR, Klopfstein S, Shaw SR, Hrcek J, Hebert PD, Miller SE, Rodriguez JJ, Whitfield JB, Sharkey MJ, Sharanowski BJ, Jussila R, Gauld ID, Chesters D, Vogler AP, 2012b. Utility of the DNA barcoding gene fragment for parasitic wasp phylogeny (Hymenoptera: Ichneumonoidea): Data release and new measure of taxonomic congruence. *Mol. Ecol. Resour.*, 12:676 – 685.

Radulovici AE, Archambault P, Dufresne D, 2010. DNA barcodes for marine biodiversity: moving fast forward? *Diversity*, 2(4):450 – 472.

Ratcliffe ST, Robertson HM, Jones CJ, Bollero GA, Weinzierl RA, 2002. Assessment of parasitism of house fly and stable fly (Diptera: Muscidae) pupae by *Pteromalid* (Hymenoptera: Pteromalidae) parasitoids using a polymerase chain reaction assay. *J. Med. Entomol.*, 39 (1):52 – 60.

Rougerie R, Smith MA, Fernández-Triana J, Lopez-Vaamonde C, Ratnasingham S, Hebert PDN, 2011. Molecular analysis of parasitoid linkages (MAPL): gut contents of adult parasitoid wasps reveal larval host. *Mol. Ecol.*, 20(1):179 – 186.

Santos AMC, Besnard G, Quicke DLJ, 2011. Applying DNA barcoding for the study of geographical variation in host-parasitoid. *Mol. Ecol. Resour.*, 11(1):46 – 59.

Sheppard SK, Harwood JD, 2005. Advances in molecular ecology: tracking trophic links through predator-prey food-webs. *Funct. Ecol.*, 19(5):751 – 762.

Smith MA, Eveleigh ES, McCann KS, Merilo MT, McCarthy PC, Van Rooyen KI, 2011. Barcoding a quantified food web: crypsis, concepts, ecology and hypotheses. *PLoS ONE*, 6(7):e14424.

Smith MA, Rodriguez J, Whitfield J, Deans A, Janzen DL, Hallwachs W, Hebert PDN, 2008. Extreme diversity of tropical parasitoid wasps exposed by iterative integration of natural history, DNA barcoding, morphology, and collections. *PNAS*, 105(34):12359 – 12364.

Smith MA, Wood DM, Janzen DH, Hallwachs W, Hebert PDN, 2007. DNA barcodes affirm that 16 species of apparently generalist tropical parasitoid flies (Diptera, Tachinidae) are not all generalists. *PNAS*, 104(12):4967 – 4972.

Smith MA, Woodley NE, Janzen DH, Hallwachs W, Hebert PDN, 2006. DNA barcodes reveal cryptic host-specificity within the presumed polyphagous members of a genus of parasitoid flies (Diptera: Tachinidae). *PNAS*, 103(10): 3657 – 3662.

Soininen E, Valentini A, Coissac E, Miquel C, Gielly L, Brochmann C, Brysting AK, Sønstebø JH, Ims RA, Yoccoz NG, 2009. Analysing diet of small herbivores: the efficiency of DNA barcoding coupled with high-throughput pyrosequencing for deciphering the composition of complex plant mixtures. *Front. Zool.*, 6(1):16.

Tautz D, Arctander P, Minelli A, Thomas RH, Vogler AP, 2002. DNA points the way ahead in taxonomy. *Nature*, 418 (6897):479.

Tautz D, Arctander P, Minelli A, Thomas RH, Vogler AP, 2003. A plea for DNA taxonomy. *Trends Ecol. Evol.*, 18 (2):70 – 74.

Triapitsyn SV, Gonzalez D, Vickerman DB, Noyes JS, White EB, 2007. Morphological, biological, and molecular comparisons among the different geographical populations of *Anagyrus pseudococci* (Hymenoptera: Encyrtidae), parasitoids of *Planococcus* spp. (Hemiptera: Pseudococcidae), with notes on *Anagyrus daetylopii*. *Biol. Control*, 41(1):14 – 24.

van Velzen R, Bakker FT, Van Loon JJA, 2007. DNA barcoding reveals hidden species diversity in *Cymothoe* (Nymphalidae). *Proc. Neth. Entomol. Soc. Meet.*, 18:95 – 103.

Vences M, Thomas M, van der Meijden A, Chiari Y, Vieites DR, 2005. Comparative performance of the 16S rRNA gene in DNA barcoding of amphibians. *Front. Zool.*, 2:5.

Weathersbee III AA, Shufran KA, Panchal TD, Dang PM, Evans GA, 2004. Detection and differentiation of parasitoids (Hymenoptera: Aphidiidae and Aphelinidae) of the brown citrus aphid (Homoptera: Aphididae): species-specific polymerase chain reaction amplification of 18S rDNA. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 97(2):286 – 292.

Will KW, Mishler BD, Wheeler QD, 2005. The perils of DNA barcoding and the need for integrative taxonomy. *Syst.*

Biol., 54(5):844 – 851.

Williams PH, An J, Brown MJF, Carolan JC, Goulson D, Huang J, Ito M, 2012a. Cryptic bumblebee species: consequences for conservation and the trade in greenhouse pollinators. *PLoS ONE*, 7(3):e32992.

Williams PH, An J, Huang J, 2011. The bumblebees of the subgenus *Subterraneobombus*: integrating evidence from morphology and DNA barcodes (Hymenoptera, Apidae, *Bombus*). *Zool. J. Linn. Soc.*, 163(3):813 – 862.

Williams PH, Brown MJF, Carolan JC, An J, Goulson D, Aytekin AM, Best LR, Byvaltsev AM, Cederberg B, Dawson R, Huang J, Ito M, Monfared A, Raina RH, Schmid-Hempel P, Sheffield CS, Šima P, Xie Z, 2012b. Unveiling cryptic species of the bumblebee subgenus *Bombus s. str.* worldwide with COI barcodes (Hymenoptera: Apidae). *Syst. Biodivers.*, 10(1):21 – 56.

Woodcock MR, Kippenhan MG, Knisley CB, Foster JA, 2007. Molecular genetics of *Cicindela* (*Cylindera*) *terricola* and elevation of *C. lunalonga* to species level, with comments on its conservation status. *Conserv. Genet.*, 8(4):865 – 877.

Zaldívar-Riverón A, Martínez JJ, Ceccarelli FS, De Jesús-Bonilla VS, Rodríguez-Pérez AC, Reséndiz-Flores A, Smith MA, 2010. DNA barcoding a highly diverse group of parasitoid wasps (Braconidae: Doryctinae) from a Mexican nature reserve. *Mitochondrial DNA*, 21(S1):18 – 23.

Zhang YZ, Si SL, Zheng JT, Li HL, Yu F, Zhu CD, Vogler AP, 2011. DNA barcoding of endoparasitoid wasps in the genus *Anicetus* reveals high levels of host specificity (Hymenoptera: Encyrtidae). *Biol. Control*, 58(3):182 – 191.

Zhou MJ, Xiao JH, Bian SN, Li YW, Niu LM, Hu HY, Wu WS, Murphy RW, Huang DW, 2012. Molecular approaches identify known species, reveal cryptic species and verify host specificity of Chinese *Philotrypesis* (Hymenoptera: Pteromalidae). *Mol. Ecol. Resour.*, 12(4):598 – 606.

Zhu YC, Riddick EW, Williams L, Schotzko DJ, Logarzo GA, Jackson CG, 2004. Potential of detection and identification of nymphal parasitoids (Hymenoptera: Braconidae) of *Lygus* bugs (Heteroptera: Miridae) by using polymerase chain reaction and ITS2 sequence analysis techniques. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 97(4):743 – 752.

Zhu YC, Williams III L, 2002. Detecting the egg parasitoid *Anaphes iole* (Hymenoptera: Mymaridae) in tarnished plant bug (Heteroptera: Miridae) eggs by using a molecular approach. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 95(3):359 – 365.

池宇, 王诗迪, 张春田, 2010. 基于线粒体 COⅠ基因的双翅目昆虫研究进展. 昆虫分类学报, 32(S1):71 – 77.

李敏, 席丽, 朱卫兵, 卜文俊, 2010. 基于 DNA 条形码的中国普缘蝽属分类研究(半翅目:异翅亚目). 昆虫分类学报, 32(1):36 – 42.

李青青, 李地艳, 段焰青, 李加敏, 刘晓飞, 曹能, 叶辉, 2010. DNA 条形码在鳞翅目昆虫中的应用. 生命科学, (4):307 – 312.

梁亮, 江威, 余慧, 姜帆, 李志红, 杨定, 2011. 中国果实蝇属种类的 DNA 条形码鉴定(双翅目, 实蝇科). 动物分类学报, 36(4):925 – 932.

彭居俐, 王绪桢, 何舜平, 2008. DNA 条形码技术的研究进展及其应用. 水生生物学报, 32(6):916 – 919.

王剑峰, 乔格侠, 2007. DNA 条形编码在蚜虫类昆虫中的应用. 动物分类学报, 32(1):153 – 159.

王宁新, 2009. 内共生菌 *Wolbachia* 对 *Ficus hispida* 榕小蜂线粒体基因的影响. 博士学位论文. 泰安:山东农业大学.

王银竹, 余道坚, 张润杰, 徐浪, 陈志裔, 焦懿, 2010. 基于 mtDNA COⅠ基因的十种长小蠹分子系统进化研究(鞘翅目:长小蠹科). 昆虫学报, 53(4):457 – 463.

武宇鹏, 丁亮, 李捷, 武春生, 范仁俊, 朱朝东, 2011. DNA 条形码的应用进展及讨论. 环境昆虫学报, 33(1):99 – 106.

肖金花, 肖晖, 黄大卫, 2004. 生物分类学的新动向—DNA 条形编码. 动物学报, 50(5):852 – 855.

张媛, 郭晓华, 刘广纯, 张卓, 2011. DNA 条形码在鞘翅目昆虫分子系统学研究中的应用. 应用昆虫学报, 48(2):410 – 416.