

吸虱昆虫群落数量分类及其与小兽宿主的协同进化关系

孟艳芬¹, 郭宪国^{1,*}, 门兴元², 吴 滇¹

(1. 大理学院病原与媒介生物研究所, 云南大理 671000; 2. 山东省农业科学院植物保护研究所, 济南 250100)

摘要: 以云南省 16 种主要小兽宿主体表吸虱群落为分类单元, 以基于共 54 个群落特征变量的各群落优势虱种的相对优势度 D_r 、染虱率 R_L 、虱指数 I_L 、总染虱率 R_{LT} 和总虱指数 I_{LT} 及各群落的结构参数(平均丰富度 \bar{S} 、平均均匀度 \bar{J}' 、平均多样性指数 \bar{H}' 及平均优势度指数 \bar{C}') 来探讨云南省吸虱昆虫与其宿主协同进化的关系。运用 SPSS12.0 统计软件中的系统聚类分析对 16 种主要小兽宿主体表吸虱群落进行数量分析。结果将 16 种小兽宿主体表吸虱群落分为 8 个类群。隶属同一个属的小兽, 其体表吸虱群落相似程度高, 在系统聚类分析中聚为一类; 大多数吸虱群落相似性大小与相应小兽宿主在动物分类上的近缘性高低呈高度一致。结果提示: 吸虱昆虫与其所寄生的小兽宿主存在同步进化的关系, 特定的小兽宿主, 其体表吸虱群落的构成比较稳定, 宿主动物的近缘关系越近, 其体表吸虱群落的相似性越高, 这是吸虱昆虫与小兽宿主协同进化的一个重要生态学证据。

关键词: 吸虱; 群落; 数量分类; 生态学; 协同进化

中图分类号: Q968 文献标识码: A 文章编号: 0454-6296(2007)11-1140-06

Numerical classification of communities of sucking lice and their coevolutionary relationship with small mammal hosts in Yunnan, China

MENG Yan-Fen¹, GUO Xian-Guo^{1,*}, MEN Xing-Yuan², WU Dian¹ (1. Institute of Vectors and Pathogens, Dali University, Dali, Yunnan 671000, China; 2. Institute of Plant Protection, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China)

Abstract: The aim was to study the coevolutionary relationship of sucking lice and their small mammal hosts by numerical taxonomy. Based on hierarchical clustering analysis on SPSS 12.0, the numerical taxonomy of 16 important communities of sucking lice was carried on. Total 54 variables were measured for the 16 communities. Based on these data, the relative dominant rate (D_r), louse infection rate (R_L), louse index (I_L), total louse infection rate (R_{LT}), total louse index (I_{LT}) of dominant species of sucking lice and the average index of community structure (\bar{S} , \bar{J}' , \bar{H}' , \bar{C}') of every sucking lice community were calculated. The 16 communities of sucking lice were divided into 8 groups in the dendrogram of hierarchical clustering analysis. The sucking louse communities on the same genus of small mammal hosts showed a high similarity and were clustered into the same group. The clustering tendency was concordant with the taxonomic classification of the corresponding small mammal hosts on which the sucking lice exist. When the small mammal hosts were very close in the zoological taxonomy, the communities of sucking lice on their body surface tend to be similar. The results indicated that there would be a synchronized evolutionary relationship between sucking lice and their small mammal hosts. A stable parasitism of sucking lice has been established on the body surface of small mammals. The results suggested that a coevolutionary relationship may link sucking lice and their small hosts together.

Key words: sucking louse; community; numerical classification; ecology; coevolution

基金项目: 国家自然科学基金项目(30460125, 30060078); 云南省自然科学基金项目(2004C0049M)

作者简介: 孟艳芬, 女, 1981 年生, 山东聊城人, 硕士研究生, 主要从事媒介生物学研究, E-mail: myf810110@sohu.com

* 通讯作者 Author for correspondence, E-mail: xgguo2002@yahoo.com.cn

收稿日期 Received: 2007-05-14; 接受日期 Accepted: 2007-08-20

群落数量分类是现代群落生态研究的一个重要内容,用数量分类(numerical classification)的方法对生物群落进行分类,分析和探讨群落间的相似性(similarity),在此基础上确定分类阶元(taxon)。数量分类学(Numerical Taxonomy,又称数值分类学)是一门专门的技术,1973年,Sneath和Sokal对数值分类的原理和技术进行了详细介绍,此为数值分类的经典著作。数量分类方法不仅适用于动植物的系统分类(Colwell,1970;朱弘复等,1975;刘友樵,1980;Ellen and Grove,1985;钟扬和张晓艳,1987;陈斌,1989;毛汉书等,1992;周静芋等,1996;韩继成等,2007),还广泛渗透到生态学、生物地理学、生物化学、古生物学、遗传学、进化论及医学等等学科领域。

协同进化(coevolution)一词是由Ehrlich和Raven(1964)正式提出的,狭义的协同进化仅指一个物种的遗传结构回应另一物种遗传结构的变化而发生的相应变化,广义的协同进化泛指生物与所处生态环境以及不同生物之间在漫长的演化过程中所形成的相互联系、相互依赖和相互制约关系。目前,广义的协同进化观点越来越受到重视和普遍接受。在漫长的生物进化过程中,小兽与其体表寄生吸虱之间形成了一系列错综复杂的生态学联系,是研究协同进化的理想对象。国内外关于动物寄生吸虱及其宿主之间的协同进化生态学方面研究的文献相对较少,且主要局限于系统发育、外部形态适应性变化、行为适应和免疫学适应变化等方面(Rozsa,1993;Clayton et al.,1999;Johnson et al.,2005;Guo et al.,2004;Møller and Rózsa,2005),从生态学角度研究小兽及其体表寄生吸虱之间的协同进化生态关系则几乎是空白,国内外未见专门的文献报道。

群落数量分类是利用生物群落的数量指数,计算各群落的相似性系数,从而对群落进行分类(赵志模和郭依泉,1990)。在群落生态学研究,数量分类学已有很多应用(张京社等,1989;谭炳林等,1997;谭济才等,1998;庄振宏等,2004;刘缠民和廉振民,2004)。本文就云南省小兽宿主体表吸虱昆虫群落相似性进行研究,应用系统聚类分析对小兽宿主体表吸虱昆虫群落进行分类,并对吸虱群落的特征及其与宿主的协同进化关系进行生态学方面的初步探讨。

1 材料来源与方法

1.1 材料来源

原始资料来源于2000年6月~2004年9月对云南省17县(市)的现场调查,这17个县(市)是贡山、香格里拉、丽江、剑川、宾川、大理、元江、普洱、思茅、勐海、绥江、巧家、丘北、蒙自、文山、马关和河口。小兽宿主用鼠笼或鼠夹诱捕,吸虱采集、鉴定按常规进行(金大雄,1999)。

1.2 指标选择及计算方法

选取捕获的16种主要小兽为研究对象,定义所研究的每一种小兽宿主体表的全部吸虱为一群落单位(分类单元)。16种小兽在动物分类上隶属啮齿目(Rodentia)、食虫目(Insectivora)和攀鼯目(Scandentia)3目4科9属,分别是:齐氏姬鼠 *Apodemus chevrieri*、大绒鼠 *Eothenomys miletus*、褐家鼠 *Rattus norvegicus*、黄胸鼠 *Rattus flavipectus*、锡金小鼠 *Mus pahari*、大足鼠 *Rattus nitidus*、卡氏小鼠 *Mus caroli*、树鼯 *Tupaia belangeri*、斯氏家鼠 *Rattus rattus sladeni*、社鼠 *Niviventer confucianus*、针毛鼠 *Niviventer fulvescens*、中华姬鼠 *Apodemus draca*、臭鼯 *Suncus murinus*、灰麝鼯 *Crocidura attenuata*、大耳姬鼠 *Apodemus latronum*、珀氏长吻松鼠 *Dremomys pernyi*。本文对上述小兽宿主体表吸虱群落相似性进行研究及类群划分。16个群落实体(分类单元)和54个变量指标构成原始数据表(限于篇幅,原始数据表略)。以上述变量指标原始数据为依据,计算各群落的平均结构群落指数(平均丰富度 \bar{S} 、平均均匀度 \bar{J}' 、平均多样性指数 \bar{H}' 及平均优势度指数 \bar{C}')及各群落优势鼠种的相对优势度 D_r 、染虱率 R_L 、虱指数 I_L 、总染虱率 R_{LT} 和总虱指数 I_{LT} ,计算公式如下:

$$S = \sum S_i; J' = H'/\ln S; H' = - \sum_{i=1}^S (N_i/N) \ln(N_i/N);$$

$$C' = \sum_{i=1}^S (N_i/N); D_r = N_i/N \times 100\%; R_L = H_i/H \times 100\%; I_L = M_i/H; R_{LT} = M/H; R_{LT} = H_{LT}/H \times 100\%; I_{LT} = M_i/H$$

式中 S_i 为群落内第 i 物种; N_i 、 N 分别为群落内第 i 种个体数及总个体数; H 、 H_i 和 M 分别为某种宿主总数、带有某种吸虱的某种宿主数和某种吸虱数; H_{LT} 及 M_i 为带有各种吸虱的某种宿主数及各种吸虱总数。

为克服各种小兽数量不等所致的误差,先将每种小兽按20只一组(余数不足20只者归为最后一组)分组,求出每组的群落结构参数 S 、 J' 、 H' 、 C' ,然后再求取各组之均值,得出各群落的平均结构群落指数:平均丰富度 \bar{S} 、平均均匀度 \bar{J}' 、平均多样

性指数 \bar{H}' 及平均优势度指数 \bar{C}' 。

表 1。每一种小兽体表优势吸虱种类及其指数见

16 种主要小兽宿主体表吸虱群落结构指数见

表 2。

表 1 16 种主要小兽宿主体表吸虱群落结构指数

Table 1 The community structure indexes of sucking lice on body surface of 16 species of main small mammal hosts

小兽宿主 Small mammal hosts	平均群落结构指数 Mean index of community structure				总染虱率 R_{LT} Total louse infection rate	总虱指数 I_{LT} Total louse index
	\bar{S}	\bar{J}'	\bar{H}'	\bar{C}'		
齐氏姬鼠 <i>A. chevrieri</i>	2.1475	0.5743	0.8051	0.5912	49.25	4.4211
大绒鼠 <i>E. miletus</i>	1	0.0288	0.0355	0.8138	21.39	3.0181
褐家鼠 <i>R. norvegicus</i>	1.4318	0.1052	0.1417	0.7343	24.66	9.1720
黄胸鼠 <i>R. flavipectus</i>	1.8462	0.412	0.3123	0.7057	43.49	3.2773
锡金小鼠 <i>M. pahari</i>	1.5313	0.2263	0.3067	0.8428	55.94	5.7094
大足鼠 <i>R. nitidus</i>	1.2632	0.0970	0.1252	0.9411	32.88	2.9233
卡氏小鼠 <i>M. caroli</i>	1	0	0	0.6364	24.41	0.4883
树鼩 <i>T. belangeri</i>	1	0.0072	0.0104	0.8154	16.51	6.6509
斯氏家鼠 <i>R. rattus sladeni</i>	1.4545	0.1799	0.2595	0.8860	36.67	3.7905
社鼠 <i>N. confucianus</i>	2.2000	0.4574	0.5961	0.7249	32.97	3.2324
针毛鼠 <i>N. fulvescens</i>	1.5556	0.2626	0.3180	0.8316	24.43	2.1534
中华姬鼠 <i>A. draca</i>	2.3333	0.5437	0.5782	0.6786	37.65	2.7531
臭鼩 <i>S. murinus</i>	1.7500	0.4694	0.6773	0.3666	57.04	8.3310
灰麝鼩 <i>C. attenuata</i>	2.2857	0.4903	0.6556	0.6893	58.91	17.6729
大耳姬鼠 <i>A. latronum</i>	3	0.8082	0.7367	0.5041	67.62	5.1238
珀氏长吻松鼠 <i>D. pernyi</i>	3.7500	0.9265	0.7955	0.4623	54.29	4.1714

表 2 16 种主要小兽宿主体表优势吸虱种类指数

Table 2 The indexes of dominant sucking lice on body surface of 16 species of main small mammal hosts

小兽宿主 Small mammal hosts	优势吸虱 Dominant sucking lice	优势吸虱数量	吸虱总数	宿主数量	相对优势度	染虱率 (R_L)	虱指数 (I_L)
		Number of dominant sucking lice	Total number of sucking lice	Number of hosts	($D_r \bar{X} \%$) Relative dominance	Louse infection rate	Louse index
齐氏姬鼠 <i>A. chevrieri</i>	锯多板虱 <i>Polyplax serrata</i>	3 288	5 323	1 204	61.77	37.21	2.7309
	相关甲肋虱 <i>Hoplopleura affinis</i>	1 901	5 323	1 204	35.71	25.91	1.5789
大绒鼠 <i>E. miletus</i>	缺齿甲肋虱 <i>H. edentula</i>	3 509	3 528	1 169	99.46	20.96	3.0017
褐家鼠 <i>R. norvegicus</i>	棘多板虱 <i>P. spinulosa</i>	7 128	7 998	872	89.12	20.53	8.1700
黄胸鼠 <i>R. flavipectus</i>	太平洋甲肋虱 <i>H. pacifica</i>	1 746	2 517	768	69.37	31.12	2.2734
	棘多板虱 <i>P. spinulosa</i>	765	2 517	768	30.39	23.70	0.9961
锡金小鼠 <i>M. pahari</i>	锡鼠甲肋虱 <i>H. pahari</i>	1 863	3 654	640	50.99	47.34	2.9109
	待定多板虱 <i>Polyplax</i> sp.	1 785	3 654	640	48.85	18.75	2.7891
大足鼠 <i>R. nitidus</i>	太平洋甲肋虱 <i>H. pacifica</i>	965	1 067	365	90.44	27.40	2.6438
卡氏小鼠 <i>M. caroli</i>	姜氏甲肋虱 <i>H. johnsonae</i>	104	104	213	100	24.41	0.4883
树鼩 <i>T. belangeri</i>	硬棘树鼩虱 <i>Sathrax durus</i>	1 406	1410	212	99.72	16.04	6.6321
斯氏家鼠 <i>R. rattus sladeni</i>	太平洋甲肋虱 <i>H. pacifica</i>	767	796	210	96.36	35.24	3.6524
社鼠 <i>N. confucianus</i>	太平洋甲肋虱 <i>H. pacifica</i>	446	598	185	74.58	23.78	2.4108
针毛鼠 <i>N. fulvescens</i>	太平洋甲肋虱 <i>H. pacifica</i>	321	379	176	84.70	21.59	1.8239
中华姬鼠 <i>A. draca</i>	红姬甲肋虱 <i>H. akanezumii</i>	200	446	162	44.84	20.37	1.2346
	相关甲肋虱 <i>H. affinis</i>	165	446	162	37.00	11.73	1.0185
臭鼩 <i>S. murinus</i>	麝鼩钩板虱 <i>Ancistroplax crocidurae</i>	614	1 183	142	51.9	38.73	4.3239
	弯多板虱 <i>P. reclinata</i>	569	1 183	142	48.10	36.62	4.0070
灰麝鼩 <i>C. attenuata</i>	麝鼩钩板虱 <i>A. crocidurae</i>	1 756	2 274	129	77.22	46.51	13.6124
大耳姬鼠 <i>A. latronum</i>	锯多板虱 <i>P. serrata</i>	262	538	105	48.70	50.48	2.4952
	红姬甲肋虱 <i>H. akanezumii</i>	247	538	105	45.91	42.86	2.3524
珀氏长吻松鼠 <i>D. pernyi</i>	争持甲肋虱 <i>H. erismata</i>	162	292	70	55.48	31.43	2.3143

1.3 聚类分析

应用多元统计方法中的系统聚类分析对上述 16 种小兽宿主体表的吸虱群落(16 个群落实体 \times 54 个变量指标)进行聚类,具体过程在统计软件 SPSS12.0 上执行,选择 Q 型聚类:即对样品(分类单元)聚类,指定参与聚类分析的变量为 54 个变量指标;具体聚类方法选择平均组间连接法(Average between-groups linkage),距离测度选用欧氏平方距离(Squared Euclidean distance),并要求输出树形聚类图显示分类结果。

2 结果与分析

系统聚类分析结果如图 1 所示,在 $\lambda = 12.3$ 水平处将 16 种小兽体表吸虱群落分为 8 类。从此树形聚类图可以看出,在动物系统分类上同属于鼠属 *Rattus* 的大足鼠、斯氏家鼠、黄胸鼠、褐家鼠聚为一类,黄胸鼠、褐家鼠与前两者距离则相对较远,这可能与大足鼠、斯氏家鼠在生境选择上偏野栖,而黄胸鼠、褐家鼠偏以室内为栖息地有关,以致其体表寄生吸虱种类有所差异。大足鼠、斯氏家鼠体表的太平洋甲肋虱的相对优势度分别为 90.44% 和 96.36%;黄胸鼠体表吸虱种类主要为太平洋甲肋虱和棘多板虱,相对优势度分别为 69.37% 和 30.39%;而褐家鼠体表主要为棘多板虱,相对优势度为 89.12%。针毛鼠和社鼠属白腹鼠属 *Niviventer*, 体表优势吸虱

均为太平洋甲肋虱,相对优势度分别为 84.87% 和 74.58%, 体表吸虱种类与大足鼠和斯氏家鼠相似,故聚类结果 4 者聚在一起。这可能因为白腹鼠属极近似于鼠属,野栖,过去长期被归入鼠属(Chasen, 1940), Marshall(1977) 根据此类群的某些特征而在鼠属中新建了 *Niviventer* 亚属, Musser(1981) 又把 *Niviventer* 亚属提升为一个独立属,由其体表寄生吸虱种类可以推测,白腹鼠属和鼠属存在较近的近缘关系。卡氏小鼠和锡金小鼠属小鼠属 *Mus*, 但卡氏小鼠体表吸虱种类单一,只有姜氏甲肋虱,锡金小鼠则主要为锡鼠甲肋虱和未定种多板虱,相对优势度分别为 50.99% 和 48.85%, 依据体表吸虱群落的相似性进行聚类,两种小兽各自成为一类。齐氏姬鼠、中华姬鼠和大耳姬鼠同为姬鼠属 *Apodemus*, 其体表吸虱主要为相关甲肋虱、红姬甲肋虱和锯多板虱,故 3 种小兽聚为一类。食虫目 Insectivora 鼯鼠科 Soricidae 臭鼯属 *Suncus* 的臭鼯和麝鼯属 *Crocidura* 的灰麝鼯体表吸虱主要为麝鼯钩板虱,故两者聚为一类。大绒鼠、树鼯、珀氏长吻松鼠分别属啮齿目绒鼠科绒鼠属 *Eothenomys*、攀鼯目 Scandentia 树鼯科 Tupaiidae 树鼯属 *Tupaia*、啮齿目松鼠科 Sciuridae 长吻松鼠属 *Dremomys*, 其体表主要吸虱分别为缺齿甲肋虱、硬棘树鼯虱、争持甲肋虱,相对优势度分别为 99.46%、99.72%、55.48%, 动物分类上 3 种小兽近缘关系较远,故各自聚为一类。

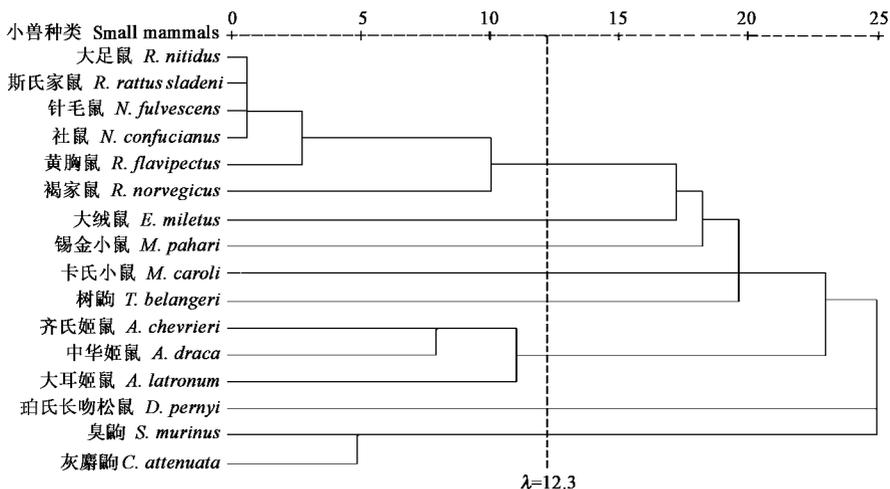


图 1 16 种主要小兽宿主体表吸虱群落聚类树形图

Fig. 1 The dendrogram for communities of sucking lice on body surface of 16 species of small mammals

3 讨论

在生态学研究中,我们经常遇到多指标数据的

分类问题。多元统计分析中的系统聚类分析适宜做多指标复杂数据的分类研究。群落相似性及群落分类是群落生态学研究的重要内容(赵志模和郭依泉, 1990)。本文采用系统聚类分析对云南省 16 种主要

小兽宿主体表吸虱群落进行了分类。本文的树形聚类图反映了分类单元间的近缘关系及演化次序。由数量分类学的基本原理可知,亲缘关系越近,越早地聚合为一类;反之,亲缘关系越远,越晚聚合为一类。本文研究结果总的显示出以下信息:(1)小兽体表吸虱群落结构简单,物种多样性很低;(2)多数小兽体表都有固定的吸虱种类寄生,吸虱的宿主特异性高;(3)在动物分类上隶属同一个小兽,其体表吸虱群落相似程度高,在系统聚类分析中大多被归为一类,即在动物分类上近缘的小兽,其体表吸虱群落相同或相似,尤其表现在鼠属、白腹鼠属、姬鼠属、鼯鼠科的小兽体表吸虱群落聚类中。大多数吸虱群落相似性大小与相应小兽宿主在动物分类上的近缘性高低呈现高度一致。

从树形聚类图不难看出,啮齿目鼠科鼠属、白腹鼠属、姬鼠属和食虫目鼯鼠科臭鼯属、麝鼯属的小兽,其体表吸虱群落的聚类顺序与宿主动物在动物分类上的地位密切关联。同一个“属”或“科”的宿主,当所处生境相似时,其体表吸虱群落大多聚为一类,宿主动物在动物分类地位上越接近,其体表吸虱群落的相似程度往往越高。聚类结果显示同一科或属的小兽体表吸虱群落聚为一类,分属不同科或属的小兽体表吸虱群落各自聚为另外的群落类群。有的宿主动物虽然在动物分类上的地位比较接近,但由于所栖息的生境差异较大,其体表吸虱昆虫群落的聚类关系与宿主动物分类地位不完全吻合。郭宪国等(1995, 1996)曾用系统聚类分析及模糊聚类分析等多元统计方法对小兽宿主体表革螨群落进行过研究,表明革螨群落的相似性大小受宿主动物对生境选择及其在动物分类上的地位这双重因素的影响。本文研究表明小兽宿主体表寄生吸虱较革螨具有更高的宿主特异性,吸虱与宿主的在动物分类上的近缘性高低呈现较高的一致性,可以认为吸虱及其宿主之间相互关系的探讨是研究协同进化的理想对象。

本文结果提示,吸虱昆虫与所寄生的小兽宿主存在同步进化的关系,特定的小兽体表,其体表吸虱群落的构成比较稳定,宿主动物的亲缘关系越近,其体表吸虱群落的相似性越高,这是吸虱昆虫与其小兽宿主协同进化的一个重要生态学证据。

参 考 文 献 (References)

Chasen FN, 1940. A handlist of Malaysian mammals (A systematic list of the mammals of the Malay Peninsula, Sumatra, Borneo and Java, including

- the adjacent small islands). *Bull. Raffles Mus.*, 15: 1-229.
- Chen B, 1989. A numerical taxonomic study of *Anoplophora nobilis* (Ganglbauer) and *A. glabripennis* (Motschulsky) (Coleoptera: Cerambycidae). *Acta Entomol. Sin.*, 32(3): 341-349. [陈斌, 1989. 黄斑星天牛和光肩星天牛的数值分类研究(鞘翅目:天牛科). 昆虫学报, 32(3): 341-349]
- Chin DX, 1999. Taxonomy and Fauna of Sucking Lice (Anoplura) in China. Beijing: Science Press. 1-132. [金大雄, 1999. 中国吸虱的分类和检索. 北京: 科学出版社. 1-132]
- Clayton DH, Lee PL, Tompkins DM, Brodie III ED, 1999. Reciprocal natural selection on host-parasite phenotypes. *Am. Nat.*, 154(3): 261-270.
- Colwell RR, 1970. Polyphasic taxonomy of the genus *Vibrio*: numerical taxonomy of *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus*, and related *Vibrio* species. *J. Bacteriol.*, 104(1): 410-433.
- Ehrlich PR, Raven PH, 1964. Butterflies and plants: a study in coevolution. *Evolution*, 18: 586-608.
- Ellen RP, Grove DA, 1985. Assignment of *Actinomyces viscosus* and *Actinomyces naeslundii* strains to numerical taxonomy clusters by immunofluorescence based on antifibril antisera. *J. Clin. Microbiol.*, 21(5): 850-853.
- Guo XG, Qian TJ, Guo LJ, Dong WG, 2004. Similarity comparison and classification of sucking louse communities on some small mammals in Yunnan, China. *Entomologia Sinica*, 11: 199-209.
- Guo XG, Ye BH, Gu YM, Chen YM, 1995. A fuzzy clustering analysis on gamasid mite communities in different habitats and regions in the west of Yunnan province. *Entomological Knowledge*, 32(6): 352-355. [郭宪国, 叶炳辉, 顾以铭, 陈渊民, 1995. 云南西部不同生境区域革螨群落的模糊聚类分析. 昆虫知识, 32(6): 352-355]
- Guo XG, Ye BH, Gu YM, Chen YM, 1996. Studies on the similarity and classification of gamasid mite communities on small mammals in the west of Yunnan province. *Chinese Journal of Parasitology and Parasitic Diseases*, 14(1): 42-45. [郭宪国, 叶炳辉, 顾以铭, 陈渊民, 1996. 云南西部小兽革螨群落相似性及分类研究. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 14(1): 42-45]
- Han JC, Yu LC, He LM, Hao BF, Xu CX, 2007. The RAPD analysis on the phylogeny of *Pyemotes* spp. on different hosts. *Acta Entomol. Sin.*, 50(1): 90-94. [韩继成, 于丽辰, 贺丽敏, 郝宝峰, 许长新, 2007. 不同寄主蒲螨种群间亲缘关系的 RAPD 初步分析. 昆虫学报, 50(1): 90-94]
- Johnson KP, Bush SE, Clayton DH, 2005. Correlated evolution of host and parasite body size: tests of Harrison's rule using birds and lice. *Evolution Int. J. Org. Evolution*, 59(8): 1744-1753.
- Liu CM, Lian ZM, 2004. Quantitative classification and similarity coefficients of grasshopper community on the southern slope of Taibai Mountain of Qinling. *Journal of Northwest Forestry University*, 19(1): 85-88. [刘维民, 廉振民, 2004. 太白山南坡蝗虫群落数量分类及相似性分析. 西北林学院学报. 19(1): 85-88]
- Liu YQ, 1980. A study of Chinese *Ethmia* Hübner (Lepidoptera: Ethmiidae) in classification, distribution and numerical taxonomy. *Entomotaxonomia*, 2(4): 267-284. [刘友樵, 1980. 中国草蛾属的(鳞蛾属)翅目: 草蛾科)的种类、分布及数值分类研究. 昆虫分

- 类学报, 4(4):267-284]
- Mao HS, Ma Y, Wang ZZ, 1992. Studies on numerical classification of Chinese Mei flower cultivars. *Journal of Beijing Forestry University*, 14(4):59-65.[毛汉书, 马燕, 王忠芝, 1992. 中国梅花品种数益分类研究. 北京林业大学学报, 14(4):59-65]
- Møller AP, Rózsa L, 2005. Parasite biodiversity and host defenses: chewing lice and immune response of their avian hosts. *Oecologia*, 14(2):169-176.
- Musser GG, 1981. Results of the Archbold Expeditions No. 105 notes on systematics of Indo-Malayan murid rodents and descriptions of new genera and species from Ceylon, Sulawesi and the Philippines. *Bull. Amer. Mus. (Nat. Hist)*, 16(3):236-256.
- Rózsa L, 1993. An experimental test of the site specificity of preening to control lice in feral pigeons. *J. Parasitol.*, 79(6):968-970.
- Sneath P, Sokal R (Translated by Zhao TQ), 1984. Numerical Taxonomy - The Principles and Practice of Numerical Classification. Beijing: Science Press. 8-11, 16-17.[Sneath P, Sokal R(赵铁桥译), 1984. 数值分类学 - 数值分类的原理和应用. 北京: 科学出版社. 8-11, 16-17]
- Tan BL, Ding Y, Huang MD, 1997. Structural similarity analysis in arthropod communities in pine forests. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 8(4):387-390.[谭炳林, 丁勇, 黄明度, 1997. 松林节肢动物结构相似性分析. 应用生态学报, 8(4):387-390]
- Tan JC, Deng X, Yuan ZH, 1998. Community structure of insects and spiders in different types of tea plantation. *Acta Ecologica Sinica*, 18(3):289-294.[谭济才, 邓欣, 袁哲明, 1998. 不同类型茶园昆虫、蜘蛛群落结构分析. 生态学报, 18(3):289-294]
- Zhang JS, Guo ZZ, Xiong JW, 1989. Study on the numerical classification and succession of insect community in the citrus orchards of Guizhou. *Journal of Guizhou Agricultural College*, 2:47-54.[张京社, 郭振中, 熊继文, 1989. 贵州柑桔园昆虫群落数量分类及演替研究. 贵州农学院学报, 2:47-54]
- Zhao ZM, Guo YQ, 1990. Principles and Methods of Community Ecology. Chongqing: Chongqing Branch, Publishing House of Scientific and Technical Documentation. 147-210.[赵志模, 郭依泉, 1990. 群落生态学原理与方法. 重庆: 科学文献出版社重庆分社. 147-210]
- Zhong Y, Zhang YY, 1987. Study in numerical classification of the cultivars of lotus. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 5(1):49-58.[钟扬, 张晓艳, 1987. 荷花品种数量分类研究. 武汉植物学研究, 5(1):49-58]
- Zhou JY, Song SD, 1996. A numerical taxonomic study on the eggs of some Chinese Noctuidae (Lepidoptera: Noctuidae). *Entomotaxonomia*, 18(2):145-149.[周静芋, 宋世德, 1996. 夜蛾科卵的数值分类研究. 昆虫分类学报, 18(2):145-149]
- Zhu HF, Zhang GX, Zhong TS, 1975. Numerical taxonomic studies on aphids. *Acta Entomol. Sin.*, 18(2):211-215.[朱弘复, 张广学, 钟铁森, 1975. 蚜虫的数值分类. 昆虫学报, 18(2):211-215]
- Zhuang ZH, Wu WL, Chen ZX, 2004. Clustering 21 floras basing on variable selection and principal components analysis. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition)*, 33(1):104-109.[庄振宏, 吴文龙, 陈宗洵, 2004. 21个自然保护区植物区系分类定量研究. 福建农林大学学报(自然科学版), 33(1):104-109]

(责任编辑:袁德成)