

菊方翅网蝽雌雄成虫图像识别技术的初步研究

潘鹏亮*, 张方梅, 尹健, 刘红敏, 周顺玉, 智亚楠

(信阳农林学院, 信阳 464000)

摘要 菊方翅网蝽主要为害菊科植物,是特种经济作物菊芋的潜在性害虫,对此害虫的形态识别和种群动态预测非常重要。昆虫几何形态特征的提取和分析是进行其自动识别、远程鉴定、种群监测和预测预报的基础。本文利用图像采集与处理技术,通过 BugShape 软件对其外部几何形态特征进行了自动和手动获取与分析。结果表明,菊方翅网蝽周长和紧凑度两个参数在不同分辨率下差异显著,雌虫球状性在不同分辨率下也差异显著。雌雄之间周长、长轴长度和短轴长度差异不显著,而偏心率、紧凑度、球状性、叶状性和圆形度差异均达到显著水平。雌雄个体的原始判别正确率为 92%~93%,交叉判别正确率为 91%~93%。使用所有 10 个参数进行判别分析时,判别的正确率与分辨率呈正相关关系。手动测量结果表明,菊方翅网蝽雌雄成虫体长分别为 (1.86 ± 0.07) mm 和 (1.80 ± 0.07) mm,中胸宽度分别为 (0.73 ± 0.02) mm 和 (0.69 ± 0.03) mm,腹部宽度分别为 (1.04 ± 0.05) mm 和 (0.84 ± 0.07) mm。利用手动测量数据进行雌雄个体判别分析的正确率达到 98%~99%。

关键词 菊方翅网蝽; 形态特征; 图像处理; 雌雄鉴定; 自动识别

中图分类号: S 433.3 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3969/j.issn.0529-1542.2017.03.012

Preliminary studies on image recognition technology for female and male adults of *Corythucha marmorata* (Uhler) (Hemiptera: Tingidae)

Pan Pengliang, Zhang Fangmei, Yin Jian, Liu Hongmin, Zhou Shunyu, Zhi Ya'nan

(Xinyang Agricultural and Forestry University, Xinyang 464000, China)

Abstract The chrysanthemum lace bug *Corythucha marmorata* (Uhler) is one of the potential pests of Jerusalem artichoke *Helianthus tuberosus*. It is very important to know its morphological characteristics and forecast the dynamics of its population. The extraction and analysis of insect geometrical features are fundamental researches for the insect automatic recognition, long-distance identification, population monitoring and forecasting. In this study, the geometrical features of the lace bug were obtained automatically and manually by using the software BugShape v1.0. The results showed that the significant difference emerged in terms of two parameters (perimeter and compactness) and sphericity of females under different scanning resolutions. The parameters (eccentricity, compactness, sphericity, lobation and circularity) were significantly different between males and females, but not in the parameters of perimeter, long axis and short axis. 92%—93% samples were correctly classified by original validation, and 91%—93% correctly classified by cross validation under different resolutions by using the above five parameters. However, the discriminant rates were positively related with the scanning resolutions when all parameters were extracted by the software. The results from the data by manual showed that the body lengths of females and males were (1.86 ± 0.07) mm and (1.80 ± 0.07) mm, respectively; the mesothorax width was (0.73 ± 0.02) mm and (0.69 ± 0.03) mm, and the abdomen width was (1.04 ± 0.05) mm and (0.84 ± 0.07) mm. 98%—99% samples were correctly classified by cross validation by using the three parameters and the ratios between them.

Key words *Corythucha marmorata*; morphological feature; image processing; sex identification; automatic identification

收稿日期: 2016-09-18 修订日期: 2016-12-04

基金项目: 信阳农林学院校内青年教师基金(201401015);豫南植物有害生物绿色防控院士工作站项目(YZ201506)

致谢: 中国农业大学彩万志教授在昆虫种类鉴定方面提供大力帮助,沈佐锐教授和高灵旺副教授在数据提取和分析方面提供了无私支持与帮助,在此一并表示感谢!

* 通信作者 E-mail: panzai-7@163.com

菊方翅网蝽 *Corythucha marmorata* (Uhler) 属于半翅目 Hemiptera 网蝽科 Tingidae 昆虫,主要为害菊科植物^[1],是一种入侵害虫^[2],2012 年在我国首次被记述^[3]。本文作者在河南信阳栽培的菊芋 *Heli-anthus tuberosus* L. 上发现该害虫,菊芋被其为害后,初期叶片失绿,后期叶片干枯,失去光合作用,生长受到严重影响。之前的报道认为菊芋抗逆性强,几乎不用防治病虫害^[4],国内也未见在菊芋上防治菊方翅网蝽的报道。近几年,随着菊芋作为一种多用途特种经济作物被开发利用^[5-6],其种植面积不断扩大。根据菊方翅网蝽的为害特点,作者认为该害虫极有可能成为菊芋产区的潜在危险性害虫。如果对该害虫的形态识别、预测预报和防治方法等研究不加以重视,一旦大面积发生,势必会影响到菊芋产业的健康发展。

农业害虫种类的正确识别和监测是害虫防控的关键,此技术的应用基础来自于一手数据的采集^[7-8]。而利用计算机图像处理技术可以获取昆虫的外部形态特征,并可以作为昆虫种类鉴定的依据^[9-10],这为害虫种类的正确识别和精准监测提供了基础。据文献报道,通过计算机图像处理技术已经可以实现某些昆虫雌雄个体的识别,比如可以实现蚕蛹雌雄的识别等^[11],但对网蝽类害虫雌雄个体的自动鉴别还未见报道。本文拟在国内已有技术的基础上,对该害虫的外部几何形态特征进行提取,探讨获取该害虫相关参数的技术指标,初步明确哪些参数可用于区分菊方翅网蝽雌雄个体,以及利用该技术对其雌雄个体的识别正确率高低等问题。

1 材料与方法

1.1 昆虫来源

菊方翅网蝽采集于信阳农林学院实验农场菊芋植株上,采集到的带虫叶片带回室内用乙酸乙酯熏蒸致死,在解剖镜下鉴定雌雄。

1.2 图像和参数获取

利用爱普生(Epson Perfection V370 Photo)扫描仪透扫功能,获取菊方翅网蝽背面轮廓特征。标本处理时,从采集到的标本中随机挑选雌雄各 50 头。由于该害虫虫体较小,本试验采用较高的分辨率进行处理。分辨率分别设置为 1 200、2 400 dpi 和 4 800 dpi,同时在不同分辨率下扫描标准直尺,以便获得该虫相关参数的实际尺寸。

本文利用的昆虫特征提取软件为中国农业大学 IPMist 实验室自主开发的 BugShape v1.0,该软件可以自动探测昆虫目标区域,并自动计算其面积、周

长、长轴长度、短轴长度、等效圆半径、偏心率、紧凑度、球状性、叶状性和圆形成度等特征^[12]。此外,该软件还有内建的水平和垂直标尺,可以通过扫描的直尺矫正被测图像的实际大小,软件自带测量直线长度的工具可以手动测量图片中任意目标的长度。

1.3 数据处理

本试验得到的相关数据在 MS-Excel 中进行初步整理后,对数据进行方差齐性检验(Levene statistic),并通过独立样本 t 检验和单因素方差分析(One-way ANOVA)对不同分辨率下各参数在雌雄个体中的差异、雌雄个体间的差异等进行比较,单因素方差分析后的多重比较为 LSD 方法。通过判别分析(discriminant analysis)对自动测量参数和手动测量参数进行雌雄个体的归类判别,初步研究了该技术在菊方翅网蝽雌雄识别中的应用,所有统计分析均在 SPSS 22.0 中进行。

在制作图 1 时,由于 10 个参数值不在同一数量级上,因此,通过 MS-Excel 设置坐标轴格式对话框,勾选了纵坐标轴选项中的“对数刻度”,基值为 10,使所有参数在处理间对比更加明显。

2 结果与分析

2.1 采用不同分辨率获取的同一性别各参数的差异性

单因素方差分析结果表明,不同分辨率图片获取到的雌性菊方翅网蝽周长($F=3.093$, $df=2$, 147 ; $P=0.048$)、紧凑度($F=5.453$, $df=2$, 147 ; $P=0.005$)和球状性($F=3.159$, $df=2$, 147 ; $P=0.045$)差异达到显著水平,而其他参数差异不显著。不同分辨率获取的雄性菊方翅网蝽周长($F=7.162$, $df=2$, 147 ; $P=0.001$)和紧凑度($F=4.324$, $df=2$, 147 ; $P=0.015$)差异达到显著水平,其他参数差异则不显著(图 1)。不同分辨率的扫描图片在两个性别菊方翅网蝽参数比较中周长和紧凑度均出现显著差异,说明在不同分辨率下,菊方翅网蝽某些细节的获取方面存在一定差异。如头兜、侧背板和前翅边缘的刺列等会影响到参数周长的差异。

2.2 不同分辨率下雌雄差异显著性

独立样本 t 检验结果表明,在不同分辨率下,菊方翅网蝽雌雄个体轮廓的周长、长轴长度和短轴长度差异不显著。而偏心率、紧凑度、球状性、叶状性和圆形成度差异达到显著水平。在 1 200 dpi 的分辨率下,雌雄个体的面积和等效圆半径差异达到显著水平,但在 2 400 dpi 和 4 800 dpi 下,这两个参数在雌雄个体间差异不显著(表 1)。

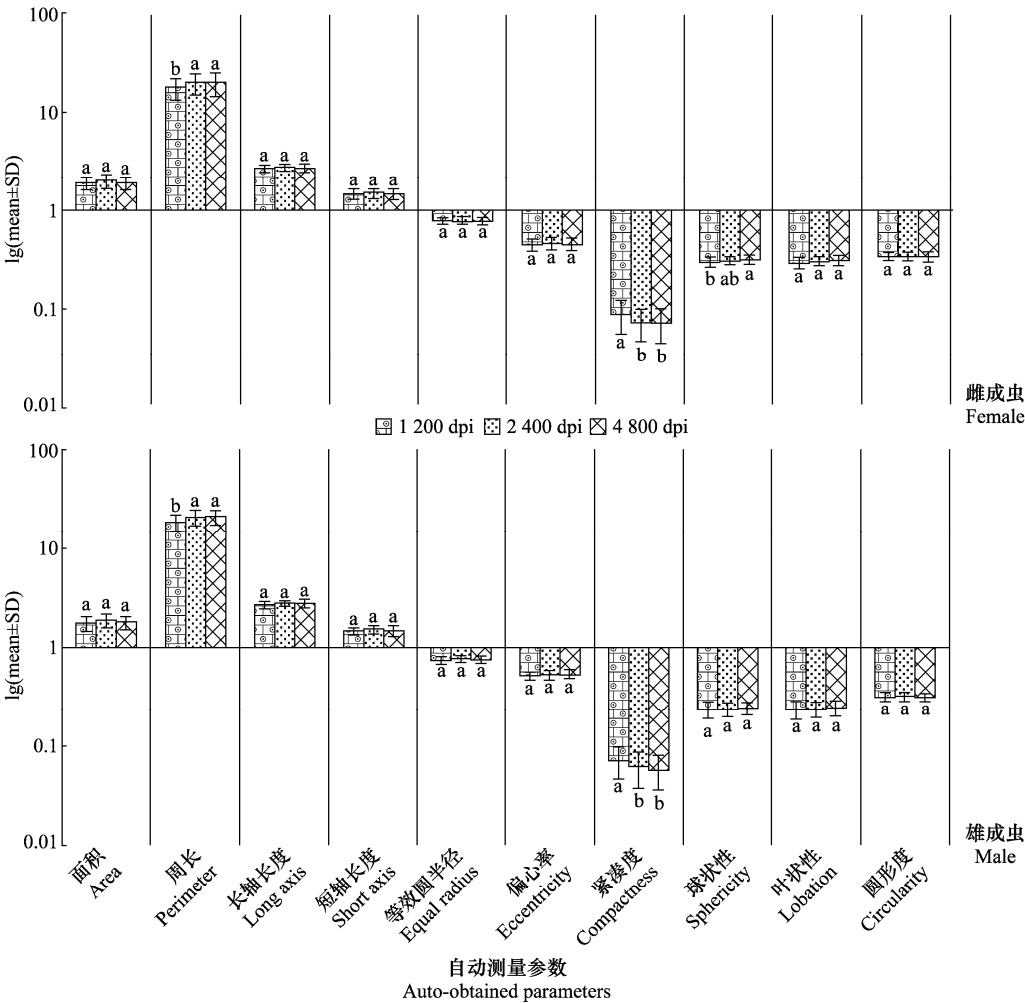


图 1 采取不同分辨率获取的各形态学参数菊方翅网蝽同一性别的差异显著性($\alpha=0.05$)
Fig. 1 Differences in the parameters for the same sex of *Corythucha marmorata* obtained by different scanning resolutions ($\alpha=0.05$)

表 1 不同分辨率下雌雄个体间各参数的差异显著性($\alpha=0.05$)¹⁾

参数 Parameter	1 200 dpi			2 400 dpi			4 800 dpi		
	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>
面积/mm ² Area	♀ 1.89±0.28 ♂ 1.74±0.29	2.708	0.008	♀ 1.97±0.32 ♂ 1.87±0.29	1.658	0.100	♀ 1.90±0.30 ♂ 1.80±0.29	1.613	0.110
周长/mm Perimeter	♀ 17.37±4.36 ♂ 18.18±3.37			♀ 19.44±4.64 ♂ 20.33±3.56			♀ 19.40±5.24 ♂ 20.57±3.50		
长轴长度/mm Long axis	♀ 2.67±0.23 ♂ 2.66±0.19	0.259	0.796	♀ 2.72±0.24 ♂ 2.73±0.16	-0.227	0.821	♀ 2.68±0.26 ♂ 2.71±0.17	-0.623	0.535
短轴长度/mm Short axis	♀ 1.47±0.17 ♂ 1.46±0.12			♀ 1.48±0.17 ♂ 1.49±0.13			♀ 1.46±0.17 ♂ 1.47±0.14		
等效圆半径/mm Equal radius	♀ 0.77±0.06 ♂ 0.74±0.06	2.754	0.007	♀ 0.79±0.06 ♂ 0.77±0.06	1.649	0.102	♀ 0.77±0.06 ♂ 0.75±0.06	1.630	0.106
偏心率 Eccentricity	♀ 0.44±0.06 ♂ 0.52±0.05			♀ 0.46±0.06 ♂ 0.53±0.05			♀ 0.46±0.06 ♂ 0.54±0.05		
紧凑度 Compactness	♀ 0.09±0.03 ♂ 0.07±0.03	2.944	0.004	♀ 0.07±0.03 ♂ 0.06±0.02	2.117	0.037	♀ 0.07±0.03 ♂ 0.06±0.02	2.905	0.005

续表 1 Table 1(Continued)

参数 Parameter	1 200 dpi			2 400 dpi			4 800 dpi		
	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>
球状性 Sphericity	♀ 0.30±0.03 ♂ 0.24±0.05	7.476	0.000	♀ 0.31±0.03 ♂ 0.24±0.04	10.909	0.000	♀ 0.32±0.03 ♂ 0.24±0.04	10.680	0.000
叶状性 Lobation	♀ 0.29±0.04 ♂ 0.23±0.05	6.829	0.000	♀ 0.30±0.03 ♂ 0.24±0.04	9.548	0.000	♀ 0.31±0.04 ♂ 0.25±0.04	8.119	0.000
圆形态 Circularity	♀ 0.34±0.03 ♂ 0.31±0.03	4.219	0.000	♀ 0.34±0.03 ♂ 0.32±0.03	3.102	0.003	♀ 0.34±0.04 ♂ 0.31±0.03	3.525	0.001

1) *df*=98。

2.3 不同参数对雌雄判别准确性的影响

根据不同分辨率下菊方翅网蝽各参数的差异性,分别进行了判别分析(discriminant analysis)。结果表明,当使用具有差异显著性的参数进行雌雄个体判别时,在分辨率为1 200 dpi和4 800 dpi时,

原始判别和交叉验证判别的正确率均为93%,而分辨率为2 400 dpi时稍偏低(分别为92%和91%)。当使用该软件提取到的所有参数进行判别分析时,原始判别和交叉验证判别的正确率随着分辨率的提高而提高(表2)。

表 2 采用不同参数对菊方翅网蝽雌雄成虫判别进行正确率

Table 2 Discriminant accuracy for sex determination of *Corythucha marmorata* adults with different parameters

分辨率/dpi Scanning resolution	部分参数判别正确率/% Discriminant accuracy by partial parameters		所有参数判别正确率/% Discriminant accuracy by all parameters	
	原始判别 Original validation	交叉判别 Cross validation	原始判别 Original validation	交叉判别 Cross validation
1 200	93	93	93	91
2 400	92	91	93	92
4 800	93	93	97	93

2.4 手动测量数据分析结果

由于BugShape软件在获取长轴长度和短轴长度等参数时,只能代表菊方翅网蝽整体图片被截取后的图片长和宽,而不是虫体实际的长度和宽度。因此,本研究利用该软件自带测量工具对虫体长度

和宽度(中胸宽度、腹部宽度)等参数进行了手动测量,并进行了雌雄个体间的比较。统计分析结果表明,菊方翅网蝽在不同分辨率下,雌雄个体在体长、中胸宽度、腹部宽度以及其参数间的比值方面的差异均达到显著水平(表3)。

表 3 手动测量参数在菊方翅网蝽雌雄间的差异显著性($\alpha=0.05$)¹⁾

Table 3 Differences in the parameters by manual between females and males of *Corythucha marmorata* under different resolutions ($\alpha=0.05$)

参数 Parameter	1 200 dpi			2 400 dpi			4 800 dpi		
	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>	平均值±标准差 Mean±SD	<i>t</i>	<i>P</i>
体长/mm Body length(BL)	♀ 1.85±0.06 ♂ 1.78±0.08	5.256	<0.001	♀ 1.85±0.07 ♂ 1.80±0.08	3.461	0.001	♀ 1.86±0.07 ♂ 1.80±0.07	4.133	<0.001
中胸宽/mm Mesothorax width(MW)	♀ 0.74±0.03 ♂ 0.68±0.04	8.130	<0.001	♀ 0.73±0.03 ♂ 0.69±0.03	5.679	<0.001	♀ 0.73±0.02 ♂ 0.69±0.03	6.687	<0.001
腹宽/mm Abdomen width(AW)	♀ 1.05±0.05 ♂ 0.84±0.06	17.837	<0.001	♀ 1.05±0.05 ♂ 0.84±0.06	17.449	<0.001	♀ 1.04±0.05 ♂ 0.84±0.07	15.93	<0.001
体长/中胸宽 BL/MW	♀ 2.52±0.12 ♂ 2.61±0.14	−3.787	<0.001	♀ 2.54±0.10 ♂ 2.60±0.12	−2.766	0.007	♀ 2.57±0.08 ♂ 2.61±0.09	−2.408	0.018
体长/腹宽 BL/AW	♀ 1.77±0.07 ♂ 2.12±0.11	−18.805	<0.001	♀ 1.77±0.07 ♂ 2.14±0.11	−19.798	<0.001	♀ 1.78±0.07 ♂ 2.15±0.14	−17.68	<0.001
中胸宽/腹宽 MW/AW	♀ 0.71±0.03 ♂ 0.76±0.07	−11.985	<0.001	♀ 0.70±0.03 ♂ 0.82±0.06	−13.856	<0.001	♀ 0.70±0.03 ♂ 0.82±0.06	−12.991	<0.001

1) *df*=98。

判别分析结果表明,不同分辨率下被测个体原始判别的正确率达到 99%,仅有一头雌性被误判为雄性。交叉验证判别的正确率在 2 400 dpi 时达到 99%

(一头雌性被误判),而 1 200 dpi(一雌一雄被误判)和 4 800 dpi 时为 98%(两头雌性被误判)(表 4)。

表 4 利用手动测量参数对菊方翅网蝽雌雄个体的判别分析

Table 4 Discriminant analysis for females and males of *Corythucha marmorata* with data by manual

分辨率/dpi Scanning resolution	判别正确率/% Discriminant accuracy		误判个体/头 Misjudged samples	
	原始判别 Original validation	交叉判别 Cross validation	原始判别 Original validation	交叉判别 Cross validation
1 200	99	98	1♀	1♀1♂
2 400	99	99	1♀	1♀
4 800	99	98	1♀	2♀

3 结论与讨论

菊方翅网蝽雌雄个体周长和紧凑度在不同分辨率下均出现显著差异,雌性个体球状性差异也显著,而雄性个体球状性差异不显著。说明使用不同分辨率进行图像获取时,该害虫的周长随着分辨率的提高有显著变化。主要原因是此类害虫边缘结构,尤其是头兜、侧背板以及前翅边缘上的刺列清晰度存在差异,而周长的计算与昆虫图像边界点的数量多少有关^[12]。此外,紧凑度是与周长和面积相关的参数^[12],周长的差异导致了紧凑度产生了显著差异。而球状性主要与图像重心到边界最短距离和重心到边界最大距离相关,此参数只在雌性菊方翅网蝽个体中产生了差异,且随着分辨率的提高呈直线变化,说明此参数很可能受分辨率影响较大。

在不同分辨率下,菊方翅网蝽雌雄个体间周长、长轴长度和短轴长度差异不显著,初步认为这三个参数在试验所设置的分辨率下不能单独作为雌雄鉴别的依据。而偏心率、紧凑度、球状性、叶状性和圆形度在雌雄性之间差异均达到显著水平,可以作为两性判别依据。偏心率是昆虫图像宽度与长度的比值,紧凑度是与周长和面积相关的函数^[12]。说明一些参数通过比值转换或函数转换后,也可能作为判别雌雄性的指标。通常情况下,由于昆虫的个体发育会受到温度、食料等多种因素的影响,其个体大小会存在一定的差异^[13]。仅仅比较体长、体宽等绝对值往往会出现同种同性别个体间差异显著^[14],而把此类参数进行比值、函数转换后,可以作为昆虫数值分类的重要依据^[15-17]。

判别分析表明,使用具有差异显著性的 5 个参数(偏心率、紧凑度、球状性、叶状性和圆形度)进行雌雄个体判别时,3 个分辨率(1 200、2 400 dpi 和

4 800 dpi)的原始判别正确率为 92%~93%,交叉判别正确率为 91%~93%。而使用软件提取的 10 个参数进行判别时,原始判别的正确率为 93%~97%,交叉判别正确率为 91%~93%。本结果表明,利用此技术对菊方翅网蝽雌雄个体进行判别时,10 个参数的判别正确率与分辨率高低有一定的关系,图像获取时分辨率越高,雌雄个体判别的正确率越高。通过人为剔除一些参数后,1 200 dpi 和 4 800 dpi 分辨率的判别结果无差异,正确率均为 93%,而 2 400 dpi 下判别正确率略有下降,具体原因还有待做进一步的研究。

手动测量数据的结果显示,在不同分辨率下,菊方翅网蝽雌雄个体间体长(♀1.86±0.07 mm,♂1.80±0.07 mm)、中胸宽度(♀0.73±0.02 mm,♂0.69±0.03 mm)、腹部宽度(♀1.04±0.05 mm,♂0.84±0.07 mm)以及其参数间的比例均达到显著水平。雌雄个体原始判别的正确率均为 99%,只有一头雌虫被误判为雄虫,交叉判别的正确率为 98%~99%,有 1~2 头雌虫或雄虫被误判。与使用此技术对其他昆虫种类的判别相比^[18],本研究对菊方翅网蝽雌雄个体的判别正确率较高,绝大多数个体都能够被正确识别。通过对菊方翅网蝽成虫外部几何形态特征的提取与分析初步研究,结果表明,图像处理技术可以区分其雌雄个体,这有利于将来对该害虫进行远程鉴定,或对其种群发生趋势进行很好的预测。

参考文献

[1] 虞国跃. 菊方翅网蝽[J]. 植物保护, 2014,40(5): 7.
[2] 沈佳思,朱敏,崔旭红,等. 外来入侵菊方翅网蝽生物学特性及实验种群生命表[J]. 应用生态学报, 2016,27(5): 1657-1662.
[3] 党凯,高磊,朱瑾. 菊方翅网蝽在中国首次记述(半翅目,网蝽

- 科)[J]. 动物分类学报, 2012, 37(4): 894-898.
 - [4] 师国荣, 师增胜. 旱地菊芋优质高产栽培技术[J]. 农业科技与信息, 2010(1): 18.
 - [5] 于静, 田喜颖. 吉林省菊芋栽培技术[J]. 特种经济动植物, 2015(10): 38-39.
 - [6] 任玉敏. 多用途植物菊芋的栽培及利用探讨[J]. 现代农村科技, 2015(21): 14-15.
 - [7] 张云慧, 程登发. 突发性暴发性害虫监测预警研究进展[J]. 植物保护, 2013, 39(5): 55-61.
 - [8] 吴孔明, 陆宴辉, 王振营. 我国农业害虫综合防治研究现状与展望[J]. 昆虫知识, 2009, 46(6): 831-836.
 - [9] 蔡小娜, 韩旭, 沈佐锐, 等. 基于蛾翅翅脉特征的夜蛾昆虫数字化分类研究(鳞翅目: 夜蛾科)[J]. 环境昆虫学报, 2016, 38(2): 348-353.
 - [10] 杨红珍, 沈佐锐, 李湘涛. 昆虫自动鉴定技术与展望[J]. 四川动物, 2011, 30(5): 834-838.
 - [11] 陶丹, 王峥嵘, 李光林, 等. 基于解模糊算法的蚕蛹图像恢复及雌雄识别[J]. 农业工程学报, 2016, 32(16): 168-174.
 - [12] 于新文, 沈佐锐, 高灵旺, 等. 昆虫图像几何形状特征的提取技术研究[J]. 中国农业大学学报, 2003, 8(3): 47-50.
 - [13] Chown S L, Gaston K J. Body size variation in insects: a macroecological perspective [J]. Biological Reviews, 2010, 85(1): 139-169.
 - [14] 周隆, 文礼章, 王少丽, 等. 不同寄主种群 B 型烟粉虱体内营养和成虫体长差异比较[J]. 植物保护, 2011, 37(4): 87-90.
 - [15] 赵汗青, 沈佐锐, 于新文. 数学形态学在昆虫分类学上的应用研究 II. 在总科阶元上的应用研究[J]. 昆虫学报, 2003, 46(2): 201-208.
 - [16] 赵汗青, 沈佐锐, 于新文. 数学形态学在昆虫分类学上的应用研究. I. 在目级阶元上的应用研究[J]. 昆虫学报, 2003, 46(1): 45-50.
 - [17] 沈佐锐, 赵汗青, 于新文. 数学形态学在昆虫分类学上的应用研究. III. 在科阶元上的应用研究[J]. 昆虫学报, 2003, 46(3): 339-344.
 - [18] 蔡小娜, 黄大庄, 沈佐锐, 等. 利用翅的数学形态特征对蛾类昆虫进行分类鉴定的系统研究 I——在总科级阶元上的应用[J]. 中国农业大学学报, 2013, 18(4): 96-104.
- (责任编辑: 田 喆)
-
- (上接 48 页)
- [16] Bai X, Mamidala P, Rajarapu S P, et al. Transcriptomics of the bed bug (*Cimex lectularius*) [J]. PLoS ONE, 2011, 6 (1): e16336.
 - [17] Zhu J Y, Li Y H, Yang S, et al. *De novo* assembly and characterization of the global transcriptome for *Rhyacionia leptotubula* using illumina paired-end sequencing [J]. PLoS ONE, 2013, 8 (11): e81096.
 - [18] 罗梅, 张鹤, 宾淑英, 等. 基于转录组数据高通量发掘扶桑绵粉蚧微卫星引物[J]. 昆虫学报, 2014, 57 (4): 395-400.
 - [19] Xie W, Meng Q S, Wu Q J, et al. Pyrosequencing the *Bemisia tabaci* transcriptome reveals a highly diverse bacterial community and a robust system for insecticide resistance [J]. PLoS ONE, 2012, 7 (4): e35181.
 - [20] 朱家颖, 吴国星, 杨斌. 基于转录组数据高通量发掘黄粉甲微卫星引物[J]. 昆虫学报, 2013, 56 (7): 724-728.
 - [21] 袁远, 张丽芳, 吴国星, 等. 云南切梢小蠹微卫星的高通量发掘[J]. 环境昆虫学报, 2014, 36(2): 166-170.
 - [22] Zhang Yajuan, Hao Youjin, Si Fengling, et al. The *de novo* transcriptome and its analysis in the worldwide vegetable pest, *Delia antiqua* (Diptera: Anthomyiidae) [J]. G3: Genes | Genomes | Genetics, 2014, 4 (5): 851-859.
 - [23] Huang Q Y, Sun P D, Zhou X G, et al. Characterization of head transcriptome and analysis of gene expression involved in caste differentiation and aggression in *Odontotermes formosanus* (Shiraki) [J]. PLoS ONE, 2012, 7 (11): e50383.
 - [24] 刘玉娣, 侯茂林. 褐飞虱 EST 资源的微卫星信息分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(3): 239-247.
 - [25] Li L T, Zhu Y B, Ma J F, et al. An analysis of the *Athetis lepigone* transcriptome from four developmental stages [J]. PLoS ONE, 2013, 8 (9): e73911.
 - [26] Zhang F G, Guo H Y, Zheng H J, et al. Massively parallel pyrosequencing-based transcriptome analyses of small brown planthopper (*Laodelphax striatellus*), a vector insect transmitting rice stripe virus (RSV) [J]. BMC Genomics, 2010, 11 (1): 303.
 - [27] 潘海涛, 汪俊君, 王盈盈, 等. 小麦 EST-SSR 标记的开发和遗传作图[J]. 中国农业科学, 2010, 43 (3): 452-461.
 - [28] Pannebakker B A, Niehuis O, Hedley A, et al. The distribution of microsatellites in the *Nasonia* parasitoid wasp genome [J]. Insect Molecular Biology, 2010, 19(S1): 91-98.
 - [29] Schug M D, Wetterstrand K A, Gaudette M S, et al. The distribution and frequency of microsatellite loci in *Drosophila melanogaster* [J]. Molecular Ecology, 1998, 7(1): 57-70.
 - [30] Megléc E, Nève G, Biffin E, et al. Breakdown of phylogenetic signal: a survey of microsatellite densities in 454 shotgun sequences from 154 non model eukaryote species [J]. PLoS ONE, 2012, 7 (7): e40861.
 - [31] Zhang D X. Lepidopteran microsatellite DNA: redundant but promising [J]. Trends in Ecology & Evolution, 2004, 19 (10): 507-509.
 - [32] Jhanwar S, Priya P, Garg R, et al. Transcriptome sequencing of wild chickpea as a rich resource for marker development [J]. Plant Biotechnology Journal, 2012, 10 (6): 690-702.
- (责任编辑: 田 喆)