

doi: 10.3969/j.issn.1674-0858.2016.02.16

台湾乳白蚁与赭黄乳白蚁的异名关系 ——基于形态与分子特征的分析 (等翅目: 鼻白蚁科)

柯云玲¹, 吴文静¹, 刘广宇², 李志强^{1*}

(1. 广东省昆虫研究所, 广东省野生动物保护与利用公共实验室, 广东省农业害虫综合治理重点实验室, 广州 510260;

2. 贵州大学昆虫研究所, 贵阳 550025)

摘要: 乳白蚁属 *Coptotermes* 是鼻白蚁科 Rhinotermitidae 最具经济意义的属之一, 其中的台湾乳白蚁 *Coptotermes formosanus* Shriaki 分布广、适应性强, 个体在不同种群以及不同巢龄间外部形态存在明显变异, 已报道多个同物异名。本研究发现在模式产地重新采集到经形态学鉴定为赭黄乳白蚁 *Coptotermes ochraceus* Ping et Xu 的标本, 其形态特征与台湾乳白蚁相似度较高, 又以线粒体 16S rRNA 和 CO II 基因作为分子标记, 将两者进行了序列比对, 并与美国国立生物技术信息中心 (NCBI) 中台湾乳白蚁以及其他一些乳白蚁种类的相应序列一起进行了遗传差异比较和同源性分析。结果表明, 台湾乳白蚁与赭黄乳白蚁 16S rRNA 和 CO II 序列的遗传差异均明显小于台湾乳白蚁与属内其它种之间的差异; 在基于两种分子标记构建的支序图中, 台湾乳白蚁和赭黄乳白蚁均聚为一支, 并得到了很高的自展支持率。综合分子和形态两方面的证据, 本研究建议赭黄乳白蚁为台湾乳白蚁的次异名。

关键词: 赭黄乳白蚁; 台湾乳白蚁; 16S rRNA; CO II; 遗传差异; 系统发育关系

中图分类号: Q969.29; S433

文献标志码: A

文章编号: 1674-0858 (2016) 02-0341-07

Genetic relationship between *Coptotermes ochraceus* and *Coptotermes formosanus* (Isoptera: Rhinotermitidae)

KE Yun-Ling¹, WU Wen-Jing¹, LIU Guang-Yu², LI Zhi-Qiang^{1*} (1. Guangdong Key Laboratory of Integrated Pest Management in Agriculture, Guangdong Public Laboratory of Wild Animal Conservation and Utilization, Guangdong Entomological Institute, Guangzhou 510260, China; 2. Institute of Entomology, Guizhou University, Guiyang 550025, China)

Abstract: *Coptotermes* (Isoptera: Rhinotermitidae) is an economically important genus. Within the genus, *Coptotermes formosanus* Shriaki (Isoptera: Rhinotermitidae) is one of the most destructive species with strong adaptive ability and wide distribution. Many mistakes and confusions in the classification of *Coptotermes* related to the species. It has been noted that Chinese *Coptotermes* species are in need of careful monographic revisions. In this paper, a portion of the ribosomal RNA large subunit 16S (16SrRNA) and the mitochondrial DNA cytochrome oxidase subunit II (COII) gene of the species *Coptotermes ochraceus* Ping et Xu and *C. formosanus* were obtained and sequenced. Their genetic divergence and phylogenetic relationship together with the sequences of *C. formosanus* and some other *Coptotermes* species from the National Center for Biotechnology Information (NCBI) were analyzed. The results showed that the sequence genetic divergences between *C. formosanus* and *C. ochraceus* were obviously lower than those between

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31172140)

作者简介: 柯云玲, 女, 1977 年生, 博士, 副研究员, 研究方向为社会昆虫分类学及生物学、生态学, E-mail: keyunling11@126.com

* 通讯作者 Author for correspondence, E-mail: lizhiqiang61@163.com

收稿日期 Received: 2015-12-18; 接受日期 Accepted: 2016-01-23

C. formosanus and other *Coptotermes* species. In the cladogram, the clade composed of *C. formosanus* and *C. ochraceus* were supported by the high bootstrap values. Based on the molecular phylogenetics and morphometric data, it is proposed that *C. ochraceus* is a junior synonym of *C. formosanus*.

Key words: *Coptotermes ochraceus*; *Coptotermes formosanus*; 16S rRNA; CO II; genetic divergences; phylogenetic relationship

乳白蚁属 *Coptotermes* 是鼻白蚁科 Rhinotermitidae 中最具经济重要性的属之一 (Lo *et al.*, 2006), 特别是其中的台湾乳白蚁 *Coptotermes formosanus* Shiraki, 不仅对房屋建筑有强大的破坏力, 还具有很强的适应性和入侵性, 已成为一种世界性的重要害虫。乳白蚁属的分类长期以来主要依据兵蚁和有翅成虫的形态特征。然而, 有翅成虫通常仅在分飞繁殖时才可收集, 很难与同一巢群的兵蚁相匹配, 致使其在乳白蚁分类中的作用难以充分发挥。兵蚁虽然相对易于采集, 但其外部形态特征在不同巢群间存在较大的变异; 即使在同一巢群内, 其某些形态特征也会在很大程度上受到巢群发育状况、巢龄、环境等因素的影响。因此, 单纯依靠形态学特征对乳白蚁进行分类容易产生同物异名。*Coptotermes havilandi* Holmgren 和 *Coptotermes gestroi* Wasmann 的异名关系就是在没有同时采集到有翅成虫和兵蚁的情况下分别以同种的不同品级描述新种而产生的 (Kirton and Brown, 2003)。中国目前记载的乳白蚁有 21 种, 占到东洋区已知种类 (44 种) 的近一半, 这是令人质疑的 (Eggleton, 1999), 其中可能有很多种名都是无效名称 (Krishna *et al.*, 2013), 亟需开展细致认真的系统修订 (Eggleton, 1999; Vargo and Husseneder, 2009)。由于乳白蚁属模式标本的保存状况不一, 存在损坏甚至丢失的情况, 回到原种模式产地去重新采集的标本能与几十年前定名的标本描述相符、鉴定为同种的有限, 致使中国乳白蚁属的修订工作进展较为缓慢。利用分子生物学技术进行白蚁分类研究, 弥补了白蚁形态分类技术的局限和不足, 对包括乳白蚁属在内的白蚁种类鉴定、修订和系统发育研究起到了很大的促进作用。例如, 通过形态学特征的对比, *Coptotermes vastator* Light 被认为有可能是 *C. gestroi* 的次异名 (Kirton, 2005), 利用线粒体 12S, 16S 和 CO II 基因进行系统发育分析后, *C. vastator* 和 *C. gestroi* 的异名关系最终得以确认 (Yeap *et al.*, 2007)。丁俊杰 (2013) 利用 CO I, CO II, 16S

rRNA 和 ITS4 种分子标记对中国 10 种乳白蚁进行研究, 结果显示其中的 4 种应为台湾乳白蚁的次异名。考虑到中国白蚁分类研究期间台湾乳白蚁曾出现较多的次异名, 异名订正后, 其有翅成虫和兵蚁量值范围比目前文献记载有所扩大, 加之该种在中国的广泛分布及其外部形态在巢间和巢内的明显变异, 推测中国现有种类中可能仍存在台湾乳白蚁的同物异名种。本研究以采自赭黄乳白蚁 *Coptotermes ochraceus* Ping *et al.* 模式产地, 经形态学鉴定为同种的标本为研究对象, 对其线粒体 16S rRNA 和 CO II 序列进行扩增和测序, 并与自测的台湾乳白蚁、NCBI 中部分台湾乳白蚁以及其他一些乳白蚁种类的相应序列进行遗传差异比较和系统发育分析, 结合形态特征的对比, 建议赭黄乳白蚁为台湾乳白蚁的次异名。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究所用赭黄乳白蚁采集于贵州省黔西南州兴义市, 采集时间为 2014 年 5 月; 台湾乳白蚁分别采集于广东省肇庆鼎湖山和惠州象头山, 采集时间为 2013 年 4 月和 12 月; 采集后均用无水乙醇浸泡, -20°C 低温保存, 保存地点为广东省昆虫研究所。其他种类标本信息来源于 NCBI (National Center for Biotechnology Information), 详见表 1。

1.2 形态学鉴定

在实体解剖镜下观察兵蚁头部、前胸背板、腹部及足的颜色, 头部及前胸背板的毛被, 头部囟孔形状、上唇形状、上颚弯曲程度及后颏形态; 计数触角节数; 测量头长至上颚基、头最宽、左上颚长、后颏长、后颏最宽、后颏最狭、前胸背板最长、前胸背板最宽及后足胫节长等 9 个种类鉴定的重要指标, 根据《中国动物志昆虫纲·第十七卷·等翅目》(黄复生等, 2000) 对实验标本进行鉴定, 并与原始描述进行形态和测量值的核对, 以确保鉴定的准确性。

表 1 本研究自测及 Genbank 引用序列信息
Table 1 Termite specimens and published Genbank sequences used in this study

种名 Species	采集地点 Collecting site	CO II			16S			序列编号 Sequence code
		Genebank 登录号 Genebank accession no.	作者 Author	提交时间 Submission date	GeneBank 登录号 Genebank accession no.	作者 Author	提交时间 Submission date	
<i>C. ochraceus</i>	中国兴义	KU257992	Ke <i>et al.</i>	2015	KU257991	Ke <i>et al.</i>	2015	och-Guizhou
	美国	FJ870577	Zhu <i>et al.</i>	2009	AY168225	Ye <i>et al.</i>	2002	for-USA
	日本	AB626146	Tokuda	2011	AB626146	Tokuda	2011	for-Japan
	中国台湾	EU805758	Li <i>et al.</i>	2008	EU805741	Li <i>et al.</i>	2008	for-Taiwan
<i>C. formosanus</i>	中国三亚	EU805765	Li <i>et al.</i>	2008	EU805742	Li <i>et al.</i>	2008	for-Hainan
	中国东部	FJ423459	Long <i>et al.</i>	2008				for-East China
	中国鼎湖山	KU257993	Ke <i>et al.</i>	2015	KU257989	Ke <i>et al.</i>	2015	for-Guangdong1
	中国象头山	KU257994	Ke <i>et al.</i>	2015	KU257990	Ke <i>et al.</i>	2015	for-Guangdong2
	亚洲	FJ384651	Yeap <i>et al.</i>	2008				ges-Asia
	泰国				DQ004488	Jenkins <i>et al.</i>	2005	ges-Thailand
	马来西亚	AY536408	Ye <i>et al.</i>	2004	KF790956	Cheng <i>et al.</i>	2013	ges-Malaysia
	新加坡				DQ915942	Jenkins <i>et al.</i>	2006	ges-Singapore
	越南				KF703757	Nguyen <i>et al.</i>	2013	ges-Vietnam
	中国台湾	EU805756	Li <i>et al.</i>	2008				ges-Taiwan
<i>C. acinaciformis</i>	澳大利亚	KJ918315	Lee <i>et al.</i>	2014	AY558913	Szalanski and Austin	2004	aci-Australia
<i>C. curvignathus</i>	亚洲				FJ376680	Yeap <i>et al.</i>	2008	cur-Asia
	马来西亚	AY536402	Ye <i>et al.</i>	2004				cur-Malaysia
<i>C. kalshoveni</i>	马来西亚	AY536409	Ye <i>et al.</i>	2004	AY683211	Jenkins <i>et al.</i>	2004	kal-Malaysia
<i>C. sepangensis</i>	马来西亚	AJ854163	Cheng	2004	KF853388	Cheng <i>et al.</i>	2013	sep-Malaysia
<i>C. lacteus</i>	澳大利亚	KJ918294	Lee <i>et al.</i>	2014	KJ918235	Lee <i>et al.</i>	2014	lac-Australia
<i>C. heimi</i>	印度	GU931697	Yeap <i>et al.</i>	2010	AY558908	Szalanski and Austin	2004	hei-India
<i>Reticulitermes flaviceps</i>	日本	AB050708	Maekawa <i>et al.</i>	2000				<i>Reticulitermes flaviceps</i> -Japan
	美国				AY257228	Szalanski <i>et al.</i>	2003	<i>Reticulitermes flaviceps</i> -USA
<i>Reticulitermes speratus</i>	中国北京	JX142154	Chen <i>et al.</i>	2012	JX142167	Chen <i>et al.</i>	2012	<i>Reticulitermes speratus</i> -Beijing

1.3 基因组 DNA 的提取及检测

DNA 的提取采用天根生化科技 (北京) 有限公司的血液/细胞/组织基因组 DNA 提取试剂盒 (DP304) 进行: 取 2 头工蚁的头部和胸部, 用蒸馏水漂洗后置于 1.5 mL 离心管中, 加 200 μ L 缓冲液 GA 研磨, 然后加 20 μ L Proteinase K 溶液混匀,

56℃ 水浴 1 h 直至溶解, 加 200 μL 缓冲液 GB, 56℃ 放置 10 min, 加 200 μL 无水乙醇振荡 15 s, 将溶液加入吸附柱离心, 倒掉废液, 向吸附柱加入 500 μL 缓冲液 GD, 离心去掉废液, 加 600 μL 漂洗液 PW, 离心后向吸附膜加 50 μL 洗脱缓冲液 TE, 离心收集 DNA 溶液, -20°C 保存。DNA 采用凝胶电泳检测法和紫外分光光度计检测法检测。

1.4 PCR 扩增与测序

16S rRNA 和 CO II 基因采用通用引物进行扩增。16S rRNA 引物序列为: 上游引物 5'-TTACGCTGTTATCCCTAA-3', 下游引物 5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3' (Simon *et al.*, 1994; Kambhampati and Smith, 1995); CO II 引物序列为: 上游引物 5'-ATGCCAGATTAGTCAATGG-3', 下游引物 5'-GTTTAAGAGACCAGTACTTG-3' (Liu and Beckenbach, 1992; Simon *et al.*, 1994)。扩增体系总体积 50 μL , 包括 Premix TaqTM 25 μL , 上下游引物 (10 μM) 各 2 μL , ddH₂O 19 μL , 模板溶液 2 μL (含 50 ng DNA)。扩增条件: 94℃ 预变性 4 min; 94℃ 变性 1 min, 50℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 45 s, 共 30 个循环; 循环结束后 72℃ 延伸 10 min。扩增产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳进行检测, 并用 DNA marker (D2000) 标记扩增片段的大小, 以确定是否为目的片段。对于扩增效果良好且足量的样品, 送深圳华大基因有限公司进行纯化、双向测序。

1.5 DNA 序列数据分析

测序结果利用 DNASTar 7.0 软件中的 SeqMan 模块进行正反链序列拼接, 将拼接好的序列与 NCBI 上提交的同属同种或不同种的部分序列进行

同源性比较。使用 MEGA 6.0 进行序列比对。根据 DNASTar 的 Megalign 模块计算序列间遗传差异。以散白蚁属 *Reticulitermes* 为外群, 用邻接法 (NJ, Neighbor-Joining) 和最大似然法 (ML, Maximum Likelihood) 构建系统发育树, 对系统发育树各进化枝进行 Bootstrap 1000 次的置信度检验。

2 结果与分析

2.1 形态鉴定结果

本研究采集于贵州省黔西南州兴义市的标本头部淡褐色至赭黄色; 前胸背板、腹部及足比头部色浅。头部凶孔两侧各具长毛 2 根; 前胸背板中区长毛少于 10 根。头部凶孔近三角形; 上唇三角形, 端部较尖; 上颚军刀状, 端部弯曲较强; 后颏最宽处与最狭处分别位于后颏约前 1/3 和后 1/3 处。触角 16 节。这些特征与赭黄乳白蚁的原始描述较为一致。此外, 标本的头长至上颚基等 9 个重要量度值范围也与赭黄乳白蚁原始描述中的相应范围基本符合或接近 (表 2)。因此, 经鉴定并与原始描述核对后可确认该种为赭黄乳白蚁。

通过外部形态特征的观察与测量, 经鉴定, 本研究采集于广东省肇庆鼎湖山和惠州象头山的标本均为台湾乳白蚁。表 2 将自测赭黄乳白蚁的测量数据 ($n=10$) 与该种原始描述中的测量数据 (平正明等, 1986)、自测台湾乳白蚁的测量数据 ($n=5 \times 2$) 以及整合了台湾乳白蚁异名的相应测量数据 (刘炳荣等, 2014) 进行了对比, 赭黄乳白蚁与台湾乳白蚁这两个种的兵蚁在大多数重要指标的测量值上都存在不同程度的重叠。

表 2 赭黄乳白蚁与台湾乳白蚁兵蚁测量值对比 (mm)

Table 2 Measurements (in millimeters) of termite soldiers of *Coptotermes ochraceus* and *Coptotermes formosanus*

种类 Species	数据来源 Source of data	头长至上颚基 Length of head to lateral base of mandibles	头最宽 Max width of head	左上颚长 Left mandible length	后颏长 Max length of postmentum	后颏最宽 Max width of postmentum	后颏最狭 Min width of postmentum	前胸背板最长 Max length of pronotum	前胸背板最宽 Max width of pronotum	后足胫节长 Length of hind tibia
<i>C. ochraceus</i>	自测(兴义)	1.66-1.74	1.38-1.47	0.94-1.10	1.00-1.10	0.45-0.50	0.26-0.28	0.58-0.62	0.93-1.06	1.26-1.36
<i>C. ochraceus</i>	原始描述	1.66-1.80	1.28-1.43	0.99-1.04	1.05-1.17	0.43-0.47	0.25-0.29	0.56-0.64	0.90-1.02	1.22-1.30
<i>C. formosanus</i>	自测(鼎湖山)	1.54-1.56	1.16-1.19	0.95-0.99	0.95-0.97	0.42-0.42	0.22-0.22	0.48-0.53	0.86-0.88	1.01-1.03
<i>C. formosanus</i>	自测(象头山)	1.65-1.67	1.27-1.32	0.97-0.99	1.01-1.08	0.40-0.44	0.26-0.26	0.51-0.53	0.92-0.95	1.23-1.23
<i>C. formosanus</i>	整合	1.14-1.68	0.96-1.27	0.82-1.08	0.72-1.04	0.33-0.43	0.19-0.28	0.35-0.53	0.61-0.94	0.76-1.15

2.2 序列比对和同源性分析

本研究对采自贵州省兴义市的赭黄乳白蚁、广东省肇庆鼎湖山的台湾乳白蚁和广东省惠州象头山的台湾乳白蚁的 16S rRNA 和 CO II 基因部分序列进行测序, 序列拼接后, 赭黄乳白蚁样品得到长度分别为 400 bp 和 790 bp 的 16S rRNA 基因序列和 CO II 基因序列。

选取长度为 370 bp 的 16S rRNA 序列与来自 NCBI 的其他乳白蚁序列进行对比, 共有 299 个保守位点, 70 个变异位点, 56 个简约信息位点和 13 个自裔位点。台湾乳白蚁种内序列遗传差异为 0–1.1%, 台湾乳白蚁与赭黄乳白蚁种间遗传差异为 0.3%–1.1%, 二者十分接近; 而台湾乳白蚁与属内赭黄乳白蚁以外的种间遗传差异可达 3.7%–6.4%, 明显大于台湾乳白蚁与赭黄乳白蚁之间的遗传差异。

选取长度为 631 bp 的 CO II 序列与来自 NCBI 的其他乳白蚁序列进行对比, 共有 482 个保守位点, 149 个变异位点, 119 个简约信息位点和 30 个自裔位点。台湾乳白蚁种内遗传差异为 0–0.2%, 台湾乳白蚁与赭黄乳白蚁种间遗传差异为 0.2%–0.3%, 二者为同一数量级; 而台湾乳白蚁与属内赭黄乳白蚁以外的种之间遗传差异为 5.7%–8.3%, 超过台湾乳白蚁与赭黄乳白蚁种间遗传差异的 10 倍。

将本研究测得的赭黄乳白蚁、台湾乳白蚁及 NCBI 中部分乳白蚁的 16S rRNA 序列和 CO II 序列分别进行系统发育分析, 得到的 16S rRNA 序列 ML 系统发育树和 NJ 系统发育树拓扑结构一致; COII 序列的两种系统发育树拓扑结构基本相似, 只是 *C. lacteus* 和 *C. acinaciformis* 的相对位置有所不同, 对本研究的结果没有影响。因此仅根据 ML 系统发育树探讨赭黄乳白蚁与台湾乳白蚁的关系 (图 1, 图 2)。在图 1 中, 赭黄乳白蚁与所有参与分析的台湾乳白蚁聚成了一支, 自展支持率为 83%; 在图 2 中, 赭黄乳白蚁也与台湾乳白蚁聚成了一支, 自展支持率为 100%。两种分子标记得到的结果是相互支持的。

3 结论与讨论

从文献记载及本研究对赭黄乳白蚁和台湾乳白蚁兵蚁的测量数据来看, 虽然赭黄乳白蚁个体相对偏大, 但该种与台湾乳白蚁的体部重要特征量值范围存在交叉。台湾乳白蚁兵蚁头部、胸部和后足的量度值在不同巢群间有较大变异, 随着取样范围的扩大, 台湾乳白蚁重要特征的量值范围正逐渐变宽 (王新国等, 2012); 即使在同一巢群内, 其兵蚁也存在椭圆形和近圆形两种头型以及近圆形、扁圆形或近三角形等形状的囟孔 (王

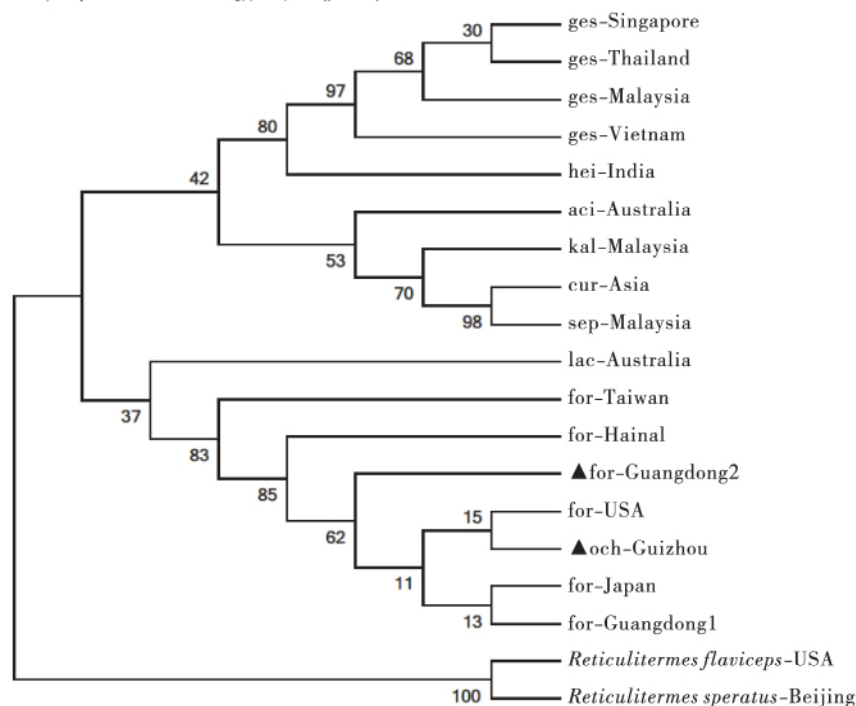


图 1 基于 16S rRNA 序列构建的乳白蚁属部分种类的 ML 系统发育树

Fig. 1 Maximum Likelihood tree of some *Coptotermes* species based on the 16S rRNA gene

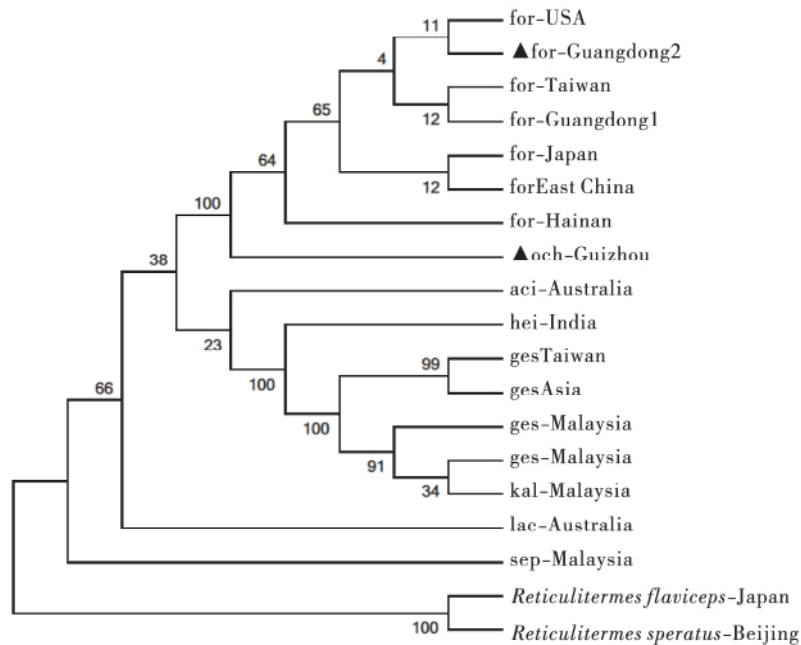


图2 基于 CO II 序列构建的乳白蚁属部分种类的 ML 系统发育树

Fig. 2 Maximum Likelihood tree of some *Coptotermes* species based on the CO II gene

新国等, 2012); 随巢龄不同, 兵蚁在体色和个体大小上也会出现很大差异 (黄复生等, 2000)。比较两个种的触角节数, 赭黄乳白蚁为 16 节, 台湾乳白蚁多数 14–15 节, 但其触角节数可随群体发育而增长 (黄复生等, 2000)。Maiti (2006) 和王新国等 (2015) 都曾报道过触角为 16 节的台湾乳白蚁兵蚁。平正明等 (1986) 在赭黄乳白蚁的原始描述中指出, 该种的乳孔口倾斜, 可与乳孔口垂直的台湾乳白蚁相区别。然而, 仅以乳孔口是否垂直来区分这两个种是不可靠的。桉树乳白蚁 *Coptotermes eucalyptus* Ping 在作为新种发表之时, 与台湾乳白蚁的鉴别特征之一就是其乳孔口不垂直 (平正明, 1984), 但在随后的研究中桉树乳白蚁被指定为台湾乳白蚁的次异名 (黄复生等, 2000)。可见, 乳孔口垂直与否与其他一些特征一样, 在台湾乳白蚁不同种群、不同巢龄的个体间可存在变异。由于赭黄乳白蚁的原始描述中未提及有翅成虫, 根据兵蚁的形态学研究结果推测, 体型普遍偏大的赭黄乳白蚁很可能是台湾乳白蚁经多年发育的大型成熟群体。

从分子生物学的研究结果来看, 赭黄乳白蚁和台湾乳白蚁 16S rRNA 序列的遗传差异为 0.3%–1.1%。据 Szalanski *et al.* (2004) 和张卫东等 (2010), 台湾乳白蚁与同属其它种 16S rRNA 序列的遗传分歧至少在 3% 以上, 明显大于 1.1%, 却与本研究得出的台湾乳白蚁和属内赭黄乳白蚁以外的种间遗传差异一致 (3.7%–6.4%)。系统发

育分析中, 赭黄乳白蚁和台湾乳白蚁也因 16S rRNA 序列很小的差异聚成一个分支, 并且得到了较高的支持率 (83%)。CO II 序列的遗传分歧在乳白蚁属不同种间为 4.4%–11.5% (Yeap *et al.*, 2009), 本研究 CO II 序列的遗传差异在台湾乳白蚁与属内赭黄乳白蚁以外的种之间是 5.7%–8.3%, 处于上述范围之内; 而赭黄乳白蚁与台湾乳白蚁的遗传差异为 0.2%–0.3%, 远小于这个范围值的下限。基于 CO II 序列构建的系统发育树中, 赭黄乳白蚁同样与台湾乳白蚁聚成一个分支, 支持率为 100%。16S rRNA 和 CO II 两种分子标记的结果都显示赭黄乳白蚁和台湾乳白蚁应为同种。

综合形态学与分子生物学两方面的证据, 本研究建议赭黄乳白蚁应为台湾乳白蚁的次异名。

Coptotermes formosanus Skiraki, 1909

Coptotermes formosanus Skiraki, 1909, *Japanese Trans. Entom.*, 2: 239.

Termes raffrayi Matsumura, 1910, *Die schädlichen und nützlichen Insekten vom Zuckerrohr Formosas*: 1.

Coptotermes formosanus Holmgren, 1911: 192.

Coptotermes hongkongensis Oshima, 1914, *Annotationes Zoologicae Japonenses*, 8: 559.

Coptotermes intrudens Oshima, 1920, *Proc. Hawaiian Entomol. Soc.*, 4: 262.

Cryptotermes hongkongensis Campbell, 1922: 82.

Cryptotermes remotus Silvestri, 1928, *Bollettino*

del Laboratorio di Zoologia Generale Agraria ,21: 93.

Coptotermes eucalyptus Ping , 1984 , *Ecol. Syst. Trop. Subt. Fore. Res.* ,2: 186.

Coptotermes xiaoliangensis Ping , 1984 , *Ecol. Syst. Trop. Subt. Fore. Res.* ,2: 184.

Coptotermes guangzhouensis Ping , 1985 , *Entomotaxonomia* ,7: 317.

Coptotermes heteromorphus Ping , 1985 , *Entomotaxonomia* ,7: 320.

Coptotermes communis Xia et He , 1986 , *Contr. Shanghai Inst. Entomol.* ,6: 166.

Coptotermes rectangularis Ping et Xu , 1986 , *Sci. Silv. Sin.* ,22: 157.

Coptotermes guizhouensis He et Qiu , 1992 , *Science and Technology of Termites* ,9: 1.

Coptotermes ochraceus Ping et Xu , 1986 , *Sci. Silv. Sin.* ,22: 156. syn. nov.

参考文献 (References)

- Ding JJ. Revision of the Genus *Coptotermes* (Isoptera: Rhinotermitidae) in China [D]. Nan Chang: Jiangxi Agricultural University ,2013 , 1-55. [丁俊杰. 中国乳白蚁属分类修订研究 [D]. 南昌: 江西农业大学, 2013 , 1-55]
- Eggleton P. Termite species description rates and the state of termite taxonomy [J]. *Insectes Sociaux* ,1999 ,46: 1-5.
- Huang FS , Zhu SM , Ping ZM , et al. Fauna Sinica. Insecta. Vol. 17. Isoptera [M]. Beijing: Science Press ,2000. [黄复生, 朱世模, 平正明, 等. 中国动物志·昆虫纲·第二十七卷·等翅目 [M]. 北京: 科学出版社, 2000]
- Kambhampati S , Smith PT. PCR primers for the amplification of four insect mitochondrial gene fragments [J]. *Insect Molecular Biology* , 1995 ,4: 233-236.
- Kirton G , Brown VK. The taxonomic status of pest species of *Coptotermes* in Southeast Asia: Resolving the paradox in the pest status of the termites , *Coptotermes gestroi* , *C. havilandi* and *C. travians* (Isoptera: Rhinotermitidae) [J]. *Sociobiology* ,2003 ,42: 43-63.
- Kirton LG. The importance of accurate termite taxonomy in the broader perspective of termite management. In: Lee CY , Robinson WH , eds. Proceedings of the Fifth International Conference on Urban Pests [C]. Penang: P&Y Design Network ,2005 ,1-7.
- Krishna K , Grimaldi DA , Krishna V , et al. Treatise on the Isoptera of the World [M]. Bulletin of the American Museum of Natural History ,2013 ,377: 1-182.
- Liu BR , Zhong JH , Guo MF , et al. The study of measurement variability of *Coptotermes formosanus* (Isoptera: Rhinotermitidae) and its taxonomic significance [J]. *Journal of Environmental Entomology* ,2014 ,36 (5): 724-729. [刘炳荣, 钟俊鸿, 郭明昉, 等. 台湾乳白蚁种群兵蚁量度长度范围及其分类学意义分析 [J]. 环境昆虫学报, 2014 ,36 (5): 724-729]
- Liu H , Beckenbach AT. Evolution of the mitochondrial cytochrome oxidase II gene among orders of insects [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution* ,1992 ,41: 41-52.
- Lo N , Eldridge RH , Lenz M. Phylogeny of Australian *Coptotermes* (Isoptera: Rhinotermitidae) species inferred from mitochondrial CO II sequences [J]. *Bulletin of Entomological Research* ,2006 ,96: 433-437.
- Maiti PK. A taxonomic monograph on the world species of termites of the family Rhinotermitidae (Isoptera: Insecta) [J]. *Zoological Survey of India* ,2006 ,20: 32-88.
- Ping ZM. Two new species of the genus *Coptotermes* (Isoptera: Rhinotermitidae) [J]. *Trop. Subtrop. For. Ecosys.* ,1984 ,2: 184-189. [平正明. 乳白蚁属两新种 (等翅目: 犀白蚁科) [J]. 热带亚热带森林生态系统研究, 1984 ,2: 184-189]
- Ping ZM , Xu YL , Xu CG , et al. Trunk-dwellers termites and five new species from Guizhou Province , China [J]. *Scientia Silvae Sinicae* , 1986 ,22 (2): 153-160. [平正明, 徐月莉, 徐春贵, 等. 贵州省蛀害树干的等翅目及五新种 [J]. 林业科学, 1986 ,22 (2): 153-160]
- Simon C , Frati F , Beckenbach A , et al. Evolution , weighting , and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers [J]. *Annals of the Entomological Society of America* ,1994 ,87: 651-701.
- Szalanski AL , Austin JW , Scheffrahn RH , et al. Molecular diagnostics of the Formosan subterranean termite (Isoptera: Rhinotermitidae) [J]. *Florida Entomologist* ,2004 ,87 (2): 145-151.
- Vargo El , Husseneder C. Biology of subterranean termites insights from molecular studies of *Reticulitermes* and *Coptotermes* [J]. *Annual Review of Entomology* ,2009 ,54: 379-403.
- Wang XG , Liang F , Xi GH , et al. Comparison of different isolates of *Coptotermes formosanus* soldiers based on morphologic characteristic and COI gene sequence [J]. *Journal of Zhongkai University of Agriculture and Engineering* ,2012 ,25 (3): 10-14. [王新国, 梁帆, 奚国华, 等. 台湾乳白蚁不同巢群兵蚁形态学及 COI 基因序列比较 [J]. 仲恺农业工程学院学报, 2012 ,25 (3): 10-14]
- Wang XG , Wang DG , Liang F , et al. Morphological comparisons of eight species of *Coptotermes* termite (Isoptera: Rhinotermitidae) [J]. *Journal of Zhongkai University of Agriculture and Engineering* ,2015 ,28 (1): 1-7. [王新国, 王定国, 梁帆, 等. 八种乳白蚁兵蚁的形态学研究 [J]. 仲恺农业工程学院学报, 2015 ,28 (1): 1-7]
- Yeap BK , Othman AS , Lee VS , et al. Genetic relationship between *Coptotermes gestroi* and *Coptotermes vastator* (Isoptera: Rhinotermitidae) [J]. *Journal of Economic Entomology* ,2007 ,100: 467-474.
- Yeap BK , Othman AS , Lee CY. Molecular systematics of *Coptotermes* (Isoptera: Rhinotermitidae) from East Asia and Australia [J]. *Annals of the Entomological Society of America* ,2009 ,102 (6): 1077-1090.
- Zhang WD , Xu MF , Liao L , et al. Phylogenetic analysis of genus *Coptotermes* (Isoptera: Rhinotermitidae) based on 16S rRNA gene [J]. *Entomotaxonomia* ,32 (2): 93-99. [张卫东, 徐森锋, 廖力, 等. 乳白蚁属部分种类 16S rRNA 的分子系统发育关系 (等翅目: 鼻白蚁科) [J]. 昆虫分类学报, 2010 ,32 (2): 93-99]