

分布区扩张的群体遗传学后果：类型与过程，以栎瘿蜂为模型系统

Graham N. Stone, Rachel J. Atkinson, Gordon Brown, Antonis Rokas

1 University of Edinburgh Institute of Cell, Animal and Population Biology, The Kings Buildings, WestMains Road, Edinburgh EH9 3JT

2 Department of Biology, University of Stirling, Stirling FK 4 L A

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 生物入侵是不均衡世界的一个永恒话题，尤其是当人类有意或无意地引入物种后。很多引入显然是无害的，但另外一些则有着严重的后果，会给入侵地的生物以至于整个生物群落造成影响。本文总结了分布区扩张的常见模式，概述了它们对遗传多样性和种群结构式样所造成的影响。描述了如何根据以一批遗传标记所得到的遗传多样性式样来推断入侵途径，来揭示伴随扩张选择和漂变在形成种群遗传样式中的作用。本文对日益增多的群体遗传学方法进行了总结，这些技术可以用来在不同的时间尺度上推断种群规模所发生的巨大变化（瓶颈效应及种群扩张）。最后，我们以欧洲栎瘿蜂（膜翅目，瘿蜂科，瘿蜂族）一系列入侵的数据为例对一些方法进行了说明。从500~10 000年的时间尺度上，多态的等位酶位点上等位基因频率的数据表明：1）遗传多样性沿入侵路线呈不断下降的趋势，支持了冰河期避难所作为遗传多样性中心的作用；2）入侵地区的种群与该物种原产地的种群相比，遗传上的分化更为强烈。这种种群结构在空间上的变异可能是被栎瘿蜂开发的资源尤其是栎树寄主在斑块上出现变异的反映。

关键词 [入侵](#) [引入](#) [群体遗传学](#) [虫瘿](#) [瘿蜂科](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

Graham N. Stone graham.stone@ed.ac.uk

作者个人主页: Graham N. Stone; Rachel J. Atkinson; Gordon Brown; Antonis Rokas

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (871KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“入侵”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [Graham N Stone](#)

· [Rachel J Atkinson](#)

· [Gordon Bron](#)

· [Antonis Rokas](#)