

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,
undefined - undefined 页

题目: 喜旱莲子草茎叶解剖结构从原产地到入侵地的变异式样

作者: 潘晓云¹ 梁汉钊¹ Alejandro Sosa² 耿宇鹏¹ 李 博¹ 陈家宽^{1*}

1 生物多样性和生态工程教育部重点实验室, 复旦大学生物多样性科学研究所, 上海 200433

2 South American Biological Control Laboratory, USDA-ARS, Hurlingham-Buenos Aires 1868, Argentina

摘要: 长期以来人们一直认为, 外来种入侵及其危害是由于一个物种从原产地到入侵地其环境因子改变(如天敌压力的减弱等)而导致的。近年来, 越来越多的研究者开始认识到, 生物入侵过程实际上是一个现代人类活动影响下的物种的快速进化过程, 生物入侵的进化遗传学已成为入侵生物学研究中最活跃的分支之一。作者比较了来自原产地(阿根廷)和入侵地(中国和美国)的喜旱莲子草(*Alternanthera philoxeroides*)的11个种群在茎、叶解剖结构方面的变异式样, 发现所研究的19个性状在原产地(阿根廷)和入侵地(中国和美国)的变异情况明显不同: 在原产地种群中, 共有9个性状指标存在显著差异, 遗传率在49-89%之间, 这9个性状是气孔密度、气孔指数、茎直径、髓腔直径、维管柱直径、皮层厚度、维管柱面积比、髓腔面积比和叶形指数; 而在入侵地种群间, 19个性状指标均无明显差异。这表明喜旱莲子草从原产地到入侵地其遗传多样性降低; 入侵地喜旱莲子草种群间的形态变异主要为表型可塑性。根据19个形态指标对喜旱莲子草11个种群进行主成分分析和聚类, 结果显示: 所有入侵地种群和原产地的Ar1种群(Santa Fé, 59°49' W, 29°16' S)聚为一类, 原产地的Ar4 (Tandil, 59°03' W, 37°11' S)单独聚为一类, 原产地的其他4个种群聚为一类。表明Ar1种群可能与入侵中国的喜旱莲子草在基因型上更为接近。这一结果为进一步揭示喜旱莲子草入侵机理(如杂交适应性)和在原产地寻求对应天敌的生物防治工作提供了基础数据。

关键词: 生物入侵, 形态变异, 表型可塑性, *Alternanthera philoxeroides*

通讯作者: 陈家宽 (E-mail: jkchen@fudan.edu.cn; xypan@fudan.edu.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 493 次, 全文被下载 214 次。

[下载PDF文件 \(342463 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kxcb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>