



北京市农林科学院
Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences



当前位置：[首页](#) > [新闻中心](#) > [科研动态](#)

我院植环所科研人员提出利用种群演化特征预测害虫的入侵性

时间：2021-07-26

来源：植环所

浏览量：126

栏目：科研动态

【字体：[减小](#) [增大](#)】

Received: 9 October 2020 | Revised: 23 May 2021 | Accepted: 29 June 2021

DOI: 10.1111/mec.16055

ORIGINAL ARTICLE

MOLECULAR ECOLOGY WILEY

Local climate adaptation and gene flow in the native range of two co-occurring fruit moths with contrasting invasiveness

Li-Jun Cao¹ | Bing-Yan Li^{1,2} | Jin-Cui Chen¹ | Jia-Ying Zhu² | Ary A. Hoffmann³ | Shu-Jun Wei¹

物入侵态势依然严峻。哪些物种会成为新的入侵生物一直是现代生态学研究的核心问题。国内外已发现了植物、鸟类和哺乳动物等类群中与入侵性相关的生物学和生活史特征，但是对入侵性害虫的研究却进展缓慢。

植环所魏书军研究员团队前期破译了我国果树上两种重要的蛀果害虫——梨小食心虫和桃小食心虫染色体水平的高质量基因组 (Molecular Ecology Resources, 2021)，系统研究了两种食心虫的种群遗传多样性和遗传结构，发现两种害虫具有相同的起源地和种群演化历史 (Molecular Biology Reports, 2012; Molecular Ecology, 2015; International Journal of Molecular Sciences, 2016; Bulletin of Entomological Research, 2017; BMC Evolutionary Biology, 2017、2018)。目前两种食心虫均广泛分布于我国落叶果树种植区，但是梨小食心虫在过去100年间已从原产地我国扩散至全球各地，成为世界性果树害虫，而桃小食心虫仍然仅分布于我国、日本、韩国和俄罗斯等东北亚一带的原产地附近，表明两种害虫具有不同的入侵性。

近日，研究团队利用种群基因组学的方法比较了这两种食心虫的演化过程，发现入侵性较强的梨小食心虫种群遗传分化主要与地理隔离相关，种群间基因流相对较高，而入侵性较弱的桃小食心虫种群遗传分化与气候因子显著相关，基因流水平相对较低，通过基因组扫描发现，梨小食心虫对气候因子的适应性进化水平较弱，桃小食心虫不同种群则对气候因子产生了较强的适应性进化，从而降低了该害虫扩散至其他地区后建立种群的可能性。该研究提出利用原产地种群的演化特征预测害虫的入侵性，丰富和发展了入侵遗传学理论。

研究论文“Local climate adaptation forbid gene flow in the native range of two co-occurring fruit moths with contrasting invasiveness”在分子生态学领域专业刊物Molecular Ecology(IF:6.185)上发表。北京市农林科学院植环所曹利军博士为论文第一作者，研究生李冰艳、助理研究员陈金翠、西南林业大学朱家颖教授和澳大利亚墨尔本大学Ary Hoffmann教授为论文共同作者，魏书军研究员为论文通讯作者。相关研究得到了国家自然科学基金项目 (32070464, 31901884) 和北京市科委国际创新资源合作专项—中澳害虫防控联合实验室 (Z201100008320013) 的资助。

全文链接: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/mec.16055>

全文二维码:



首页

本院概况

新闻中心

科研创新

科技服务

人才队伍

合作交流

党建文明

专题专栏



版权所有：北京市农林科学院

技术支持：北京市农林科学院信息技术研究中心

联系地址：北京市海淀区曙光花园中路11号农科大厦A座

备案号/经营许可号：京ICP备13038350号-1



北京市农林科学院公众号