

【科研进展】我院植物检疫与入侵生物学团队提出橘小实蝇的杂交入侵假说

发布日期：2023-09-28 浏览次数：188 信息来源：植保学院 字号：[大 中 小]

近日，国际知名学术期刊《微生物组》（Microbiome）在线发表了中国农业大学植物检疫与入侵生物学团队题为“橘小实蝇种群混合调控肠道菌群组成并增强入侵力（Population mixing mediates the intestinal flora composition and facilitates invasiveness in a globally invasive fruit fly）”的原创性研究论文。该论文提出了杂交入侵假说，阐明了橘小实蝇多种群混合杂交的入侵优势，杂交种群肠道菌群变化发挥了核心功能，通过代谢变化增强了橘小实蝇入侵力。

Wang et al. Microbiome (2023) 11:213
https://doi.org/10.1186/s40168-023-01664-1

Microbiome

RESEARCH

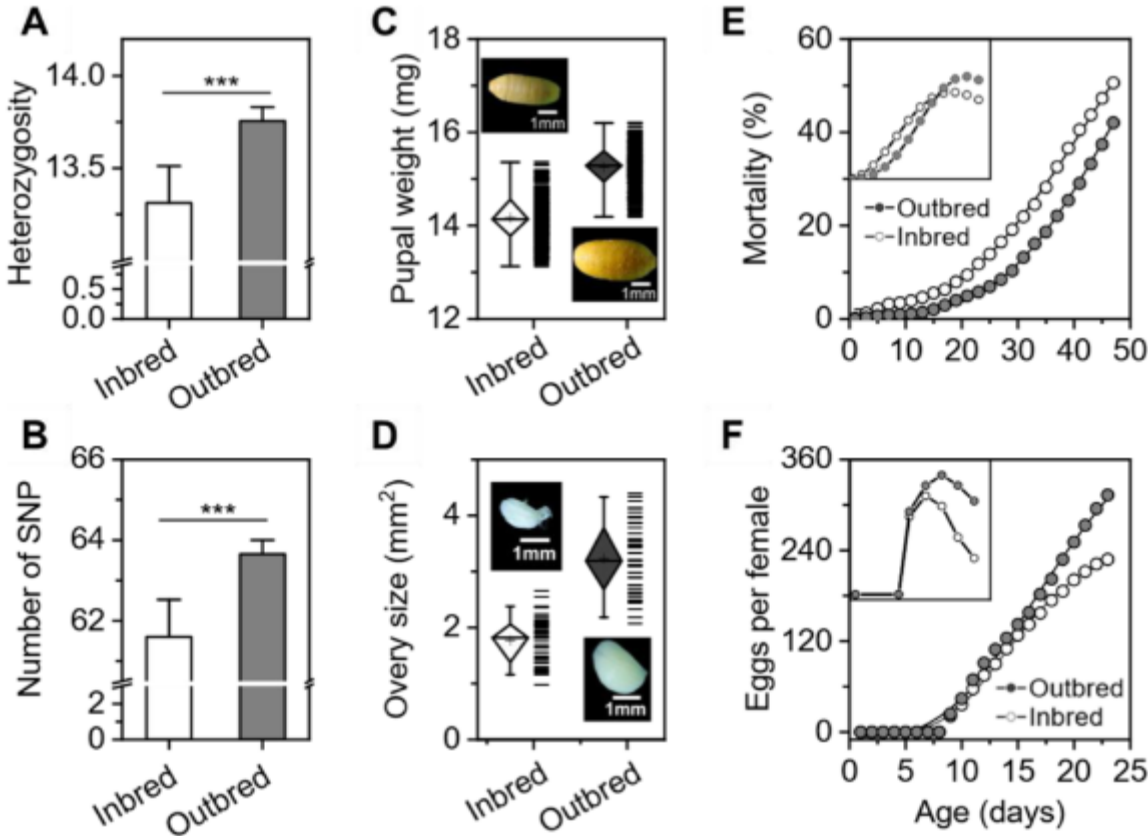
Open Access

Population mixing mediates the intestinal flora composition and facilitates invasiveness in a globally invasive fruit fly

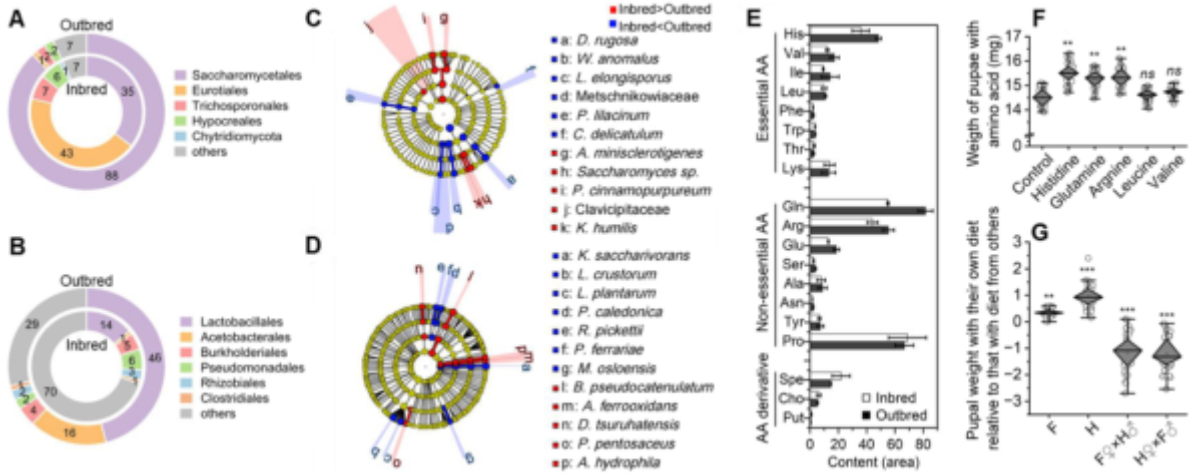
Yidan Wang¹, Zhihong Li¹ and Zihua Zhao^{1*}

橘小实蝇是全球重点关注的水果和蔬菜害虫，被多个国家列为进境检疫性有害生物。橘小实蝇寄主广泛，已经从原产地入侵到了多个大洲，迅速发展的国际贸易造成了橘小实蝇的相互传入和扩张入侵。种群溯源发现温带地区橘小实蝇来源于南方的多个种群，北方温带地区诱捕的橘小实蝇没有单独单倍型，由多个南方种群混合而成，北方种群杂合性显著增加。橘小实蝇种群入侵力鉴定和评价也是生物入侵研究的关键内容（Zhao et al., 2023. Journal of Applied Ecology）。

基于上述问题，该团队进行了橘小实蝇入侵生态学的探索研究，该课题组提出了橘小实蝇的杂交入侵假说，橘小实蝇的多地理种群是否促进了适合度？为验证这个假说，该团队收集了橘小实蝇海南和福建两个地理种群，多代饲养后形成两个地理种群的近交种群，并利用近交种群相互杂交形成了远交种群，利用虫口统计学和微生物技术验证近交和远交种群的生态表型差异和内在机制。



种群杂合度在调节生物体生活史性状中起着关键作用，这些变化导致表型进化，从而优于亲本表型，肠道微生物及其共生功能基因组是杂交后代增强入侵性的重要机制。该研究发现橘小实蝇远交种群比近交种群杂合性提高，SNP增加。橘小实蝇近交和远交种群适合度差异显著，橘小实蝇远交种群的蛹重显著增加，卵巢增大，成虫寿命延，种群适合度显著增加。橘小实蝇近交种群与远交种群形成了一系列的表型差异，远交种群入侵力显著增强。



远交种群中乳酸杆菌丰度显著升高，皱褶念珠菌和食蔗糖驹形氏杆菌在遗传杂合度较高的远交种群中均显著富集。皱褶念珠菌的富集改变了肠道中的氨基酸代谢，饲料中补充必需氨基酸导致远交种群的蛹体重增加。HSPA1S基因在远交系群体中显著下调，HSPA1S通过负调控JNK-MAPK通路，引起JH上调，导致远交橘小实蝇生物量增加。多地理种群的混合杂交能够促进橘小实蝇适合度等多个生活史指标，并且也促进了橘小实蝇耐受性，这也验证了橘小实蝇的杂交入侵假说。橘小实蝇种群的扩散过程、适合度转变及表型可塑性是揭示橘小实蝇种群入侵的重要方面，能够为植物检疫和外来入侵物种防控提供新思路和新方法。

中国农业大学为该项研究的完成单位，我院2022届已毕业硕士研究生王祎丹为本论文第一作者，赵紫华副教授为本论文的通讯作者，李志红教授参与并指导了该项研究。该研究得到了“十四五”国家重点研发课题（2021YFC2600400）、三亚崖州湾科技城管理局资助（SYND-2021-29），中国农业大学2115工程等项目资助。

Wang, Y., Li, Z., Zhao, Z. (2023). Population mixing mediates the intestinal flora composition and facilitates invasiveness in a globally invasive fruit fly. *Microbiome*, 11: 213.
论文链接: <https://doi.org/10.1186/s40168-023-01664-1>

[【打印本页】](#) [【关闭本页】](#)

0