

舞毒蛾不同地理种群的遗传多样性分析及其快速鉴定

季文拽¹ 邬颖² 赵捷¹ 左伊凡¹ 石娟^{1*}

(1. 北京林业大学林学院 北京 100083; 2. 湖南省林业科学院 长沙 410000)

【目的】以国际重大检疫性害虫为对象，结合多种分子标记全面探索了不同地理范围内舞毒蛾的遗传结构以及亚种分化情况。进一步的，开发舞毒蛾和其近缘种的特异性引物进行快速鉴定，从而为舞毒蛾的综合防治，监测预警提供科学依据。【方法】广泛采集舞毒蛾三个亚种分布区内的样本，采用线粒体基因 COI, ND2、ND6、ATP6 和 ATP8, SSR 和 SNP 等多种分子标记对不同地理种群的舞毒蛾遗传多样性进行了研究。以舞毒蛾及其近缘种木毒蛾和模毒蛾为研究对象，采用 SS-COI 技术，针对特异性区域开发分子快速检测技术。【结果】1)线粒体基因 COI 揭示了中国两个种群（贵州和辽宁）的舞毒蛾的基因型与俄罗斯西伯利亚的舞毒蛾相似却不完全一致。2)其他线粒体基因揭示了中国的舞毒蛾种群分布在了四个不同的群体中：中国 I 和韩国、俄罗斯远东的种群聚集在一起；中国中部和西南部的舞毒蛾构成了中国 II 分支，形成亚洲型舞毒蛾的姐妹群；中国 III 代表来自贵州息烽及内蒙古库都尔地区的舞毒蛾种群；中国 IV 代表贵州遵义舞毒蛾种群。中国 III 和 IV 进化支嵌套在了来自欧洲和北美的舞毒蛾里。3)基于 SSR 标记的遗传结构显示，舞毒蛾被划分为中国北方与俄罗斯远东群体、中国南方群体、日本群体、欧洲群体、北美与俄罗斯希拉群体这五个群簇。4)基于 SNP 标记的主成分分析和遗传结构均将舞毒蛾种群分为了欧洲型舞毒蛾群簇、亚洲型舞毒蛾群簇以及中国南方种群三个群簇。5)开发了针对舞毒蛾，模毒蛾，木毒蛾的特异性引物分别为 4 对，4 对，3 对，最低检测浓度分别为 30pg, 50pg, 500pg。【结论】乌拉尔山脉并不是亚洲型舞毒蛾与欧洲型舞毒蛾的自然屏障，且中国存在欧洲型舞毒蛾的入侵现象。除此之外，分子和形态的联合分析揭示了中国南方种群形成了一个独立的亚种。遗传距离和地理距离矩阵的相关性检验呈显著正相关，地理隔离是导致舞毒蛾产生遗传分化的重要原因之一。舞毒蛾和近缘种的特异性引物均能特异性的识别目标物种。