北京林业大学学报
JOURNAL OF BEIJING FORESTRY UNIVERSITY

基于微卫星标记的广西松墨天牛遗传多样性与遗传结构研究

鲁进韬 李显琴 梁秦松 梁芳芳 蓝蒙丹 袁帅 杨振德 胡平

Research on genetic diversity and genetic structure of *Monochamus alternatus* based on microsatellite loci

Lu Jintao, Li Xianqin, Liang Qinsong, Liang Fangfang, Lan Mengdan, Yuan Shuai, Yang Zhende, Hu Ping

引用本文:
鲁进韬, 李显琴, 梁秦松, 梁芳芳, 蓝蒙丹, 袁帅, 杨振德, 胡平. 基于微卫星标记的广西松墨天牛遗传多样性与遗传结构研究[J]. 北京林业大学学报, 2026, 48(5):112–122. doi: 10.12171/j.1000–1522.20250476
Lu Jintao, Li Xianqin, Liang Qinsong, Liang Fangfang, Lan Mengdan, Yuan Shuai, Yang Zhende, Hu Ping. Research on genetic diversity and genetic structure of *Monochamus alternatus* based on microsatellite loci[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(5):112–122. doi: 10.12171/j.1000–1522.20250476

在线阅读 View online: https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20250476

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

林麝饲养种群mtDNA遗传多样性和遗传结构分析

Analysis of mtDNA genetic diversity and genetic structure of captive forest musk deer population

北京林业大学学报, 2022, 44(3): 98–105. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210050

油料树种千年桐的SSR标记开发、遗传多样性与群体结构分析

SSR marker development, genetic diversity and population structure analysis in oil tree species *Vernicia montana*

北京林业大学学报, 2021, 43(11): 50–61. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210054

仙霞岭保护区伯乐树种群结构及遗传多样性

Population structure and genetic diversity of *Bretschneidera sinensis* in Xianxialing Nature Reserve, Zhejiang Province of eastern China

北京林业大学学报, 2024, 46(11): 76–82. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20230211

基于SSR分子标记的紫椴遗传多样性分析和指纹图谱构建

Genetic diversity analysis and fingerprint mapping construction of *Tilia amurensis* based on SSR molecular markers

北京林业大学学报, 2025, 47(3): 28–37. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240399

松墨天牛4龄越冬幼虫响应低温胁迫的生理适应机制

Physiological adaptation mechanism of 4–age wintering larvae of *Monochamus alternatus* (Coleoptera: Cerambycidae) in response to low temperature stress

北京林业大学学报, 2024, 46(4): 74–83. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20220438

毛白杨耐寒种质资源遗传鉴定及评价

Genetic identification and evaluation of cold–resistant germplasm resources in *Populus tomentosa*

北京林业大学学报, 2023, 45(12): 59–67. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20220363

DOI:10.12171/j.1000−1522.20250476

基于微卫星标记的广西松墨天牛遗传多样性与遗传结构研究

鲁进韬[1] 李显琴[2] 梁秦松[1] 梁芳芳[1] 蓝蒙丹[1] 袁 帅[1] 杨振德[1] 胡 平[1]
（1. 广西森林生态与保育重点实验室，广西高校亚热带人工林培育与利用重点实验室，广西大学林学院，广西 南宁 530004；2. 广西壮族自治区国有七坡林场，广西 南宁 530225）

摘要:【目的】松墨天牛是松材线虫病的主要传播媒介，研究其种群遗传多样性与遗传结构特征，有助于厘清该物种在区域内的种群历史动态和预测扩散路径。**【方法】**采用 10 个松墨天牛的多态性微卫星位点，对广西壮族自治区范围内 12 个地理种群的 320 头松墨天牛样本进行分子标记，分析其种群遗传多样性与遗传结构。**【结果】**(1)广西松墨天牛种群总体遗传多样性处于中等水平(Na = 5.00，He = 0.522)，但种群间存在显著遗传分化(Fst = 0.095，$P < 0.05$)，部分种群表现出较高的近交特征，如柳州(LZ)种群($F = 0.39$)。(2)种群遗传多样性与年平均气温、最冷月平均气温以及平均日照时数具有显著负相关性，与采样点的平均温差具有显著正相关性。(3)分子方差分析表明广西松墨天牛 90.47% 的遗传变异存在于种群内部，9.53% 的遗传变异存在于种群间。(4)共祖先系数分析与遗传聚类分析总体格局一致($K = 3$)；遗传聚类分析进一步将 12 个供试种群划分为桂北、桂南、桂东 3 个地理类群。**【结论】**广西松墨天牛的遗传格局可能受到地理隔离、生态异质性以及人为介导扩散的多重驱动，该结果为理解松墨天牛的区域扩散机制提供了关键信息。

关键词：松墨天牛；微卫星；遗传多样性；遗传结构；分子标记
中图分类号：S763.38 **文献标志码：**A **文章编号：**1000−1522(2026)05−0112−11
引文格式：鲁进韬，李显琴，梁秦松，等. 基于微卫星标记的广西松墨天牛遗传多样性与遗传结构研究［J］. 北京林业大学学报，2026，48(5)：112−122. Lu Jintao, Li Xianqin, Liang Qinsong, et al. Research on genetic diversity and genetic structure of *Monochamus alternatus* based on microsatellite loci［J］. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(5): 112−122.

Research on genetic diversity and genetic structure of *Monochamus alternatus* based on microsatellite loci

Lu Jintao[1] Li Xianqin[2] Liang Qinsong[1] Liang Fangfang[1] Lan Mengdan[1]
Yuan Shuai[1] Yang Zhende[1] Hu Ping[1]
(1. Guangxi Key Laboratory of Forest Ecology and Conservation, Key Laboratory of Subtropical Plantation Cultivation and Utilization of Guangxi Universities, College of Forestry, Guangxi University, Nanning 530004, Guangxi, China;
2. State-owned Qipo Forest Farm of Guangxi Zhuang Autonomous Region, Nanning 530225, Guangxi, China)

Abstract: ［**Objective**］ *Monochamus alternatus* is the primary vector of pine wilt disease. Clarifying the population genetic diversity and genetic structure characteristics of this species is crucial for understanding its demographic history and predicting its dispersal routes in regional scale. ［**Method**］ Using 10 polymorphic microsatellite loci of *M. alternatus*, 320 individuals collected from 12 geographical populations in Guangxi Zhuang Autonomous Region were genotyped to analyze population genetic diversity and genetic structure. ［**Result**］ (1) The overall genetic diversity of *M. alternatus* populations in Guangxi was at a

收稿日期: 2025−11−25 **修回日期:** 2026−03−24
基金项目: 广西重点研发计划(桂科 AB25069506)，广西科技基地与人才专项(AD25069066)，广西大学学术新人项目(2025GXUXSXR09)。
第一作者: 鲁进韬。主要研究方向：森林保护。Email: ljt6212@st.gxu.edu.cn 地址：530004 广西壮族自治区南宁市大学东路 100 号广西大学林学院。
责任作者: 胡平，副教授，博士生导师。主要研究方向：森林保护。Email: hupingcs@163.com 地址：同上。
本刊网址: https://j.bjfu.edu.cn；https://journal.bjfu.edu.cn

moderate level (Na = 5.00, He = 0.522). However, significant genetic differentiation existed among populations (Fst = 0.095, $P < 0.05$), and several populations exhibited obvious inbreeding characteristics, such as the Liuzhou (LZ) population ($F = 0.39$). (2) The genetic diversity of the population has a significant negative correlation with the annual average temperature, the average temperature of the coldest month, and the average duration of sunshine. It also has a significant positive correlation with the average temperature difference at the sampling sites. (3) Analysis of molecular variance revealed that 90.47% of the genetic variation in *M. alternatus* from Guangxi occurred within populations, while only 9.53% was distributed among populations. (4) The coancestry coefficient analysis was overall consistent with the genetic clustering analysis at the optimal clustering value of $K = 3$. Genetic clustering analysis further divided the 12 tested populations into three geographical groups corresponding to northern, southern and eastern Guangxi. [**Conclusion**] The genetic pattern of *M. alternatus* in Guangxi may be jointly driven by geographical isolation, ecological heterogeneity and human-mediated dispersal. These findings provide key insights into understanding the regional dispersal mechanism of *M. alternatus*.

Key words: *Monochamus alternatus*; microsatellite; genetic diversity; genetic structure; molecular marker

松墨天牛(*Monochamus alternatus*)是危害松科(Pinaceae)植物的蛀干害虫，也是松材线虫病(pine wilt disease，PWD)传播的关键媒介昆虫之一[1]。松墨天牛幼虫主要取食松树韧皮部与木质部组织，对寄主植物造成严重损害[2−3]。松墨天牛的生活史与松材线虫(*Bursaphelenchus xylophilus*)的传播过程密切相关，是松材线虫病流行的重要生物学基础[4]。成虫羽化后在健康松树上补充营养时，随即将携带的松材线虫传播至树体内[5]。松墨天牛在我国广泛分布于两广、江浙等多省(自治区、特别行政区)，且种群适生区呈现明显北扩趋势；国外主要分布于日本、韩国、朝鲜、俄罗斯远东及越南北部区域[6−7]。此外，松墨天牛成虫自然扩散能力有限，多数个体飞行距离通常不超过 3 000 m[8]。该物种的空间传播格局受多因素框架调控，其中人为活动是远距离传播的主要驱动因素[9]。

作为关键传播媒介之一，松墨天牛的种群遗传多样性研究对于理解松材线虫病的扩散机制和制定有效防控策略具有重要意义。分子遗传学研究有助于揭示松墨天牛的种群动态、进化轨迹及适应机制，为害虫综合治理提供理论依据[10]。基于线粒体 DNA 与微卫星等分子工具，对松墨天牛的种群遗传结构研究已取得一定进展。早期研究中，Kawai 等[9]利用线粒体 DNA 和微卫星标记的联合分析发现，松墨天牛在日本、韩国与中国大陆不同地理种群间存在显著的种群遗传分化，基因交流有限。近年来，Qi 等[11]研究了中国秦岭至大巴山这一关键生态过渡带的松墨天牛遗传结构，发现当地种群可划分为 3 个相对独立的谱系地理集群。上述研究均提及地理隔离和区域生态环境差异可能影响着松墨天牛的遗传格局，并为评估其扩散风险提供了重要依据。

广西壮族自治区地处亚热带向热带过渡地带，复杂的地形地貌及气候异质性可能促进了松墨天牛的种群隔离与遗传分化[12−14]。前期研究[15]已基于线粒体细胞色素 c 氧化酶亚基 I 基因(*COI* 基因)对该地区的松墨天牛遗传多样性进行了初步分析，但是单一分子标记方法难以全面概括遗传结构特征。微卫星是广泛分布于真核生物基因组中的短串联重复基序[16]，具有高度多态性和共显性等特点，属于种群遗传学研究中信息量较高的分子标记[17−18]。因此，本研究采用微卫星基因分型技术，分析广西松墨天牛种群的遗传多样性及种群结构。鉴于广西复杂的地形地貌与频繁的人为活动，推测该区域松墨天牛可能呈现较为复杂的遗传格局。研究结果可为揭示松墨天牛种群遗传结构及其驱动因素提供科学依据，并为松材线虫病检测预警与精准防控提供重要参考。

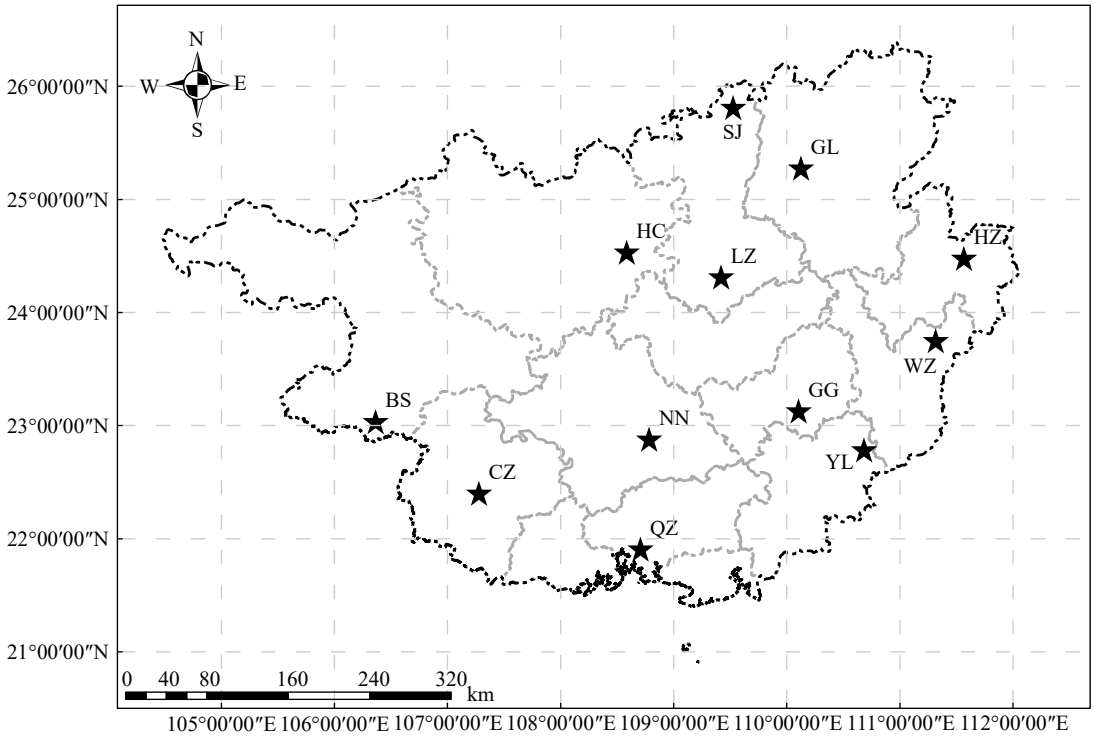
1　材料与方法

1.1　试验昆虫

本研究所用松墨天牛成虫样本于 2022—2023 年间采集于广西壮族自治区 11 个市辖区,覆盖广西西部、南部、中部、东北部及东部地区，基本反映了广西松墨天牛主要分布区的空间格局(图 1)。采样点位于马尾松(*Pinus massoniana*)纯林内，各采样点均设置在远离林缘的林分中。采用悬挂松墨天牛引诱剂(杭州费洛蒙生物科技有限公司)的方式进行诱捕。采集到的成虫个体分别置入 10 mL 塑料冷冻管中，加入 5 mL 无水乙醇浸没保存，并立即置于液氮中暂存。样品带回实验室后，转移至−80 ℃ 超低温冰箱长期保存，共采集松墨天牛成虫 320 头。

1.2　DNA 的提取

在无菌条件下，取单头松墨天牛成虫胸部肌肉



BS.百色市；CZ.崇左市；QZ.钦州市；NN.南宁市；GG.贵港市；YL.玉林市；WZ.梧州市；HZ.贺州市；LZ.柳州市；GL.桂林市；SJ.三江县；HC.河池市。下同。

图 1 样本采集地点

Fig. 1 Sample collection locations

组织，于液氮中使用研钵和研杵充分研磨后，转移至 1.5 mL 离心管中。采用 EasyPure®基因组 DNA 提取试剂盒（北京全式金生物技术有限公司）提取样品基因组 DNA。采用超微量分光光度计（UL-5000，上海美析仪器有限公司）检测 DNA 的纯度及质量浓度，将质量合格的 DNA 样品于−20 ℃ 保存备用，共计提取 320 份松墨天牛 DNA 样本。

1.3 微卫星位点扩增与基因分型

基于前期建立的限制性酶切位点相关 DNA 测序技术，筛选获得 10 个扩增稳定的松墨天牛微卫星位点，命名为 MonA ~ MonJ（表 1）[19]。PCR 反应体系为 2 × 热启动 PCR 预混液 25.0 μL（上海生工生物工程股份有限公司），1.0 μmol/L 浓度的正反引物各 1.0 μL，100 ng/μL 质量浓度的模板 DNA 1.0 μL，dd H_2O 补足至 50.0 μL。PCR 反应程序为 95.0 ℃ 预变性 3 min；95 ℃ 变性 15 s，52 ℃ 退火 15 s，72 ℃ 延伸 10 s，循环 30 次；72 ℃ 终延伸 5 min。扩增产物经 2.0% 琼脂糖凝胶电泳质检合格后，送至上海生

表 1 10 对微卫星引物

Tab. 1 10 pairs of microsatellite primers

位点名	基序	正向引物	反向引物	长度/bp
MonA	(AGT)6	TTTCCTTCTGATAAAACCGTTCA	GGTGATGTTTCATGATATAATAACGTA	198
MonB	(GT)6	TCGTGATTGAATGAAGTTATTAATTG	AATCGGTTGAAACGTAACGC	202
MonC	(TG)8	TCTCCCCACGTCGTAATGAT	TGTGTGCGTACAACTCGACA	209
MonD	(TA)6	CAAATCGTTATTCGGGCCTA	CATTCGTTGTATACCGATGACA	231
MonE	(TAA)9	TCAAAGGCCTTGATATCGACTT	GGTGGCCTACCAACGTAAGA	137
MonF	(GAA)6	TCACCAGTACAAGCACCGAC	GCACCTCTGGAGACGGTTAG	112
MonG	(TAA)9	TGCGTATTTTCAATATTTTGTGC	TGTTTATTACTTCTTTTTGTGATGAAA	154
MonH	(ATA)6	TGTGTCAGAAATTTGAAGCATT	ACATCTCACTATGGGGTCGG	113
MonI	(TC)11	TGGACAGCATTGTTGCTACC	CAATACTGCGGCTGAGCATA	136
MonJ	(GA)12	CGCGACAGAATTCCTTCTACTT	TTCCTGCAACTTTCCCATTC	215

注：引自文献[19]。

工生物工程有限公司进行毛细管电泳检测与基因分型，后对位点数据进行人工校对。

1.4　遗传多样性分析

毛细管电泳获得的峰值数据按 GeneAlex ver. 6.5 软件要求格式录入 Excel，后续所需格式转换通过 GeneAlex ver. 6.5 插件完成[20]。利用 GeneAlex ver. 6.5 计算遗传多样性指数，包括等位基因数（Na）、有效等位基因数（Ne）、Shannon 信息指数（*I*）、观察杂合度（Ho）、期望杂合度（He）及近交系数（*F*）。采用 R 4.2.2 软件的 pegas 包分析各种群的哈迪–温伯格平衡（Hardy-Weinberg Law，HWE）[21]。从国家气象科学数据中心（data.cma.cn）获取采样点环境因子数据，包括年平均气温、最冷月平均气温、最热月平均气温、平均温差、年平均降水量、相对湿度、年日照时数、年平均风速。采用 Python 计算遗传多样性指标与环境因子的 Pearson 相关系数以及 Spearman 秩相关系数，并绘制相关性热图。

1.5　遗传结构分析

采用 Arlequin ver. 3.5 进行分子方差分析（AMOVA），采用 IBM SPSS ver. 26.0 进行独立样本 *t* 检验（Student's *t*）[22]。利用 R ver. 4.2.2 软件的 hierfstat 包计算遗传分化系数及遗传距离（Fst）[23]。基于 Rver.4.2.2 中 LEA 程序包的非负矩阵分解算法估算个体间共祖先系数；依据最小交叉熵原则确定最优祖先种群数（*K* 值）。种群间遗传距离使用 hierfstat 计算，经轮廓系数法确定最优聚类数后，进行 Ward 最小方差聚类（ward.D2 法）[24]。采用 R ver. 4.2.2 的 geosphere 包计算种群间地理距离，利用 stats 包进行遗传距离与地理距离间的 Spearman 秩相关分析。采用 R ver. 4.2.2 的 poppr 包进行种群间主成分判别分析（discriminant analysis of principal components，DAPC），以表征种群间遗传分化模式。遗传聚类关系使用 R ver. 4.2.2 的 ggtree 包进行可视化[25]，最终组合图件在 Adobe Illustrator 2021 软件中完成。

2　结果与分析

2.1　微卫星位点检测与种群遗传多样性分析

研究结果表明，广西 12 个松墨天牛种群在微卫星位点上表现出中等水平的遗传多样性，不同种群间各遗传多样性参数存在显著差异（$P < 0.05$）（表 2）。等位基因数（Na）为 3 ~ 7，其中三江县（SJ）种群最高，崇左市（CZ）种群最低，平均值为 5。有效等位基因数（Ne）在 SJ 种群最高、钦州市（QZ）种群最低，平均值为 2.6；Shannon 信息指数（*I*）同样在 SJ 种群最高、CZ 种群最低，平均值为 1.05。观察杂合度（Ho）为 0.33 ~ 0.48，平均值为 0.40；期望杂合度（He）为 0.40 ~ 0.63，平均值为 0.52。多数种群的 Ho 低于 He，例如 LZ 种群的 Ho（0.33）低于其 He（0.60）。近交系数（*F*）大多为正值，其中柳州市（LZ）种群最高（$F = 0.39$），CZ 种群最低。

2.2　种群遗传多样性与环境因子的相关性分析

遗传多样性与采样点的环境因子相关性分析表明，广西松墨天牛部分遗传多样性与环境因子存在

表 2　松墨天牛 12 个地理种群遗传多样性统计值

Tab. 2　Genetic diversity statistics of 12 geographical populations of *Monochamus alternatus*

种群名	Na	Ne	*I*	Ho	He	uHe	*F*
GL	6.00a	2.64a	1.15a	0.41a	0.56a*	0.57a	0.27a
QZ	4.00b	1.89b	0.73b*	0.37a	0.39b*	0.40b*	0.16b
BS	4.00b	1.96b	0.86b	0.34a	0.43b*	0.44b	0.19b
CZ	3.00c*	1.88b*	0.73b*	0.35a	0.40b*	0.44b	0.08c*
GG	5.00ab	2.54a	0.98ab	0.40a	0.48ab	0.50ab	0.20ab
HC	5.00ab	2.59a	1.13a	0.48a	0.56a	0.57a	0.15b
HZ	5.00ab	3.06a	1.17a	0.46a	0.56a	0.58a	0.23ab
LZ	6.00a	2.86a	1.21a	0.33a	0.60a	0.60a	0.39a*
SJ	7.00a*	3.56a*	1.35a*	0.47a	0.63a*	0.64a*	0.22ab
NN	5.00ab	2.52a	1.02ab	0.41a	0.52ab	0.54ab	0.21ab
WZ	6.00a	3.16a	1.20a	0.43a	0.59a	0.60a	0.26ab
YL	4.00b	2.88a	1.01ab	0.42a	0.53ab	0.55ab	0.22ab
平均值	5	2.63	1.05	0.40	0.52	0.54	0.22

注：Na为等位基因数，Ne为有效等位基因数，*I*为Shannon信息指数，Ho为观察杂合度，He为期望杂合度，uHe为无偏期望杂合度，*F*为近交系数。* 表示该种群与总体均值存在显著差异（$P < 0.05$）。同列不同小写字母表示差异显著（$P < 0.05$），相同字母表示差异不显著（$P > 0.05$）。下同。

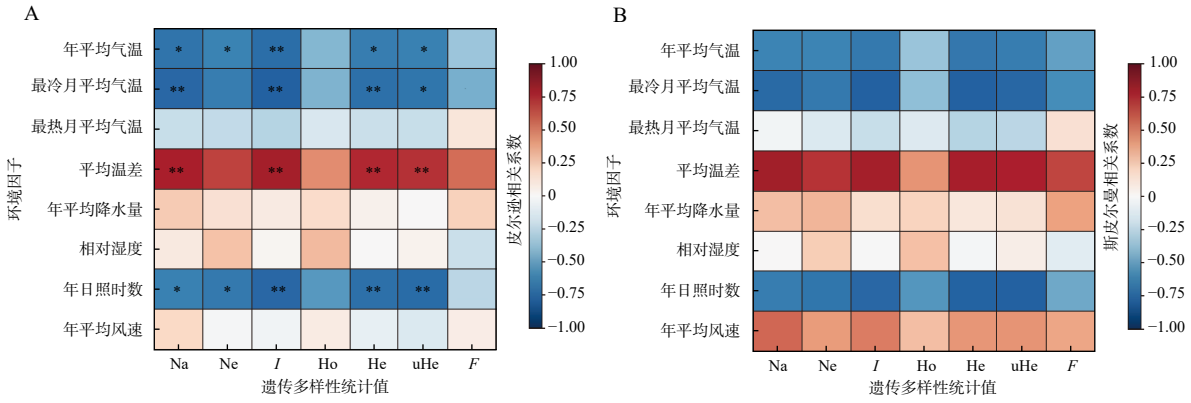
着显著相关性($P < 0.05$)(图 2)。其中，Na、*I*、He 以及 uHe 与采样点的年平均气温、最冷月平均气温以及平均日照时数均呈显著负相关，即年平均气温、最冷月平均气温以及平均日照时数越低，松墨天牛的遗传多样性指数越高。相反，Na、*I*、He 以及 uHe 与采样点的平均温差呈显著正相关，即年平均温差越大，种群遗传多样性水平越高。

2.3 哈迪−温伯格平衡检验

哈迪−温伯格平衡(HWE)检验结果显示，不同种群及位点间的遗传结构存在显著异质性(图 3)。其中，MonD 位点在 9 个种群中显著偏离 HWE($P < 0.05$)，表明该位点可能受自然选择或高突变率影响。相比之下，MonB 位点在所有种群中均严格符合 HWE($P = 1$)，表明该位点遗传平衡状态较稳定。在种群水平上，LZ 种群中有 8 个位点偏离 HWE($P < 0.05$)，表明 LZ 种群的遗传结构较其他种群更为复杂。

2.4 种群间的遗传分化

分子方差分析(AMOVA)显示，松墨天牛总遗传变异中，9.527% 来源于种群间，90.473% 来源于种群内(表 3)。种群间遗传分化系数(Fst)显示，不同种群间遗传分化程度存在差异(表 4)。具体而言，BS 种群与 QZ 种群间的分化系数最高，表明二者遗传分化程度较为明显；而 HC 种群与 SJ 种群间的分化系数较低，表明其遗传相似性较高。不同地理种群间存在遗传距离差异，总体呈现中等程度的遗传分化(表 5)。其中，WZ 与 YL 种群间遗传距离最小，GG 与 CZ 种群间遗传距离最大。此外，QZ 种群与 GG、YL 等种群的遗传距离普遍较高。遗传距离与地理距离的相关性分析表明，12 个地理种群的遗传距离与地理距离存在显著的弱正相关关系($r = 0.283$,



*代表相关性显著（$P < 0.05$），**代表相关性极显著（$P < 0.01$）。

图 2 松墨天牛遗传多样性与环境因子的相关性分析

Fig. 2 Correlation analysis between genetic diversity and environmental factors of *Monochamus alternatus*

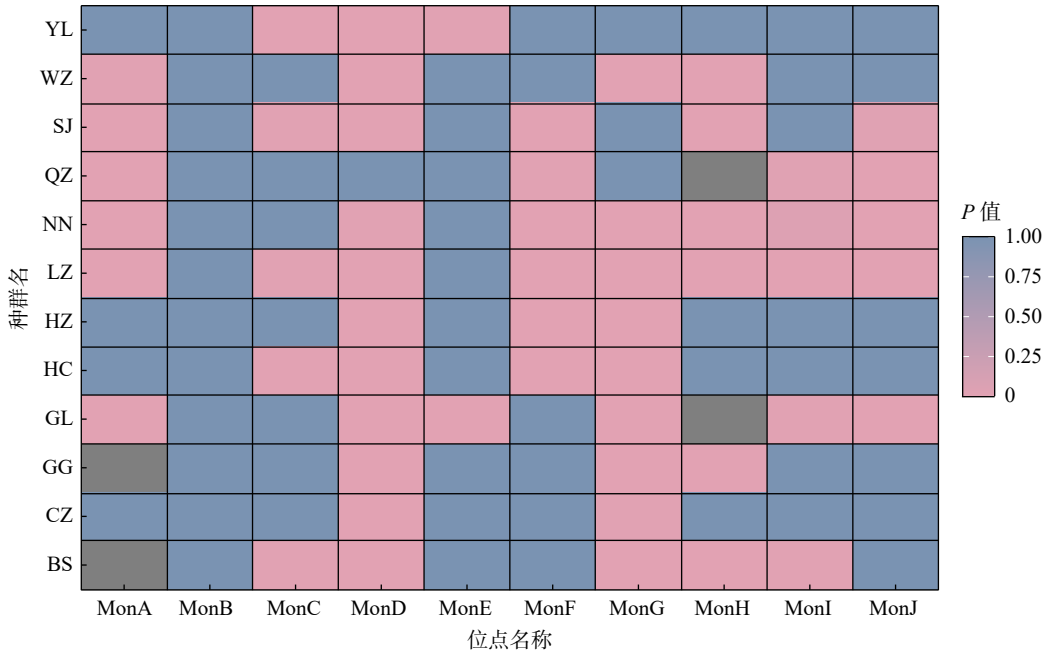


图 3 松墨天牛 12 个地理种群的 Hardy-Weinberg 平衡检测

Fig. 3 Hardy-Weinberg equilibrium detection of 12 geographical populations of the *M. alternatus*

表 3　基于微卫星的 AMOVA 分析

Tab. 3　AMOVA analysis based on microsatellites

变异来源	自由度	平方和	变异组成	变异百分比/%	固定系数
种群间	11	87.193	0.210	9.527	
种群内	331	659.769	1.993	90.473	0.095
全部	342	746.962	2.203	100.000	

表 4　松墨天牛 12 个地理种群遗传分化系数（左下）和基因流量（右上）统计值

Tab. 4　Statistical values of genetic differentiation coefficient (lower left) and gene flow (upper right) of 12 geographical populations of *M. alternatus*

种群名	GL	QZ	BS	CZ	GG	HC	HZ	LZ	SJ	NN	WZ	YL
GL		1.37	1.17	1.57	1.10	2.76	1.94	2.81	2.94	2.17	2.30	1.46
QZ	0.15		0.87	2.11	0.92	1.70	1.24	2.06	1.68	2.36	1.63	1.06
BS	0.18	0.22		1.28	1.21	2.36	1.83	2.12	2.72	1.98	1.98	1.26
CZ	0.14	0.11	0.16		1.0	2.39	1.59	3.73	2.30	4.63	1.96	1.14
GG	0.19	0.21	0.17	0.20		1.64	1.75	1.73	2.04	1.35	2.26	1.88
HC	0.08	0.13	0.10	0.10	0.13		4.51	7.67	10.60	5.55	8.08	3.02
HZ	0.11	0.17	0.12	0.14	0.13	0.05		4.84	4.91	2.55	10.38	4.19
LZ	0.08	0.11	0.11	0.06	0.13	0.03	0.05		6.73	5.36	8.00	3.30
SJ	0.08	0.13	0.08	0.10	0.11	0.02	0.05	0.040		4.89	7.30	2.75
NN	0.10	0.10	0.11	0.05	0.16	0.04	0.09	0.05	0.05		3.59	1.82
WZ	0.10	0.13	0.11	0.11	0.10	0.03	0.02	0.03	0.03	0.07		7.36
YL	0.15	0.19	0.17	0.18	0.12	0.08	0.06	0.07	0.08	0.12	0.03	

表 5　12 个地理种群的遗传距离（左下）与地理距离（右上）统计值

Tab. 5　The statistical values of genetic distance (lower left) and geographical distance (upper right) for 12 geographical populations

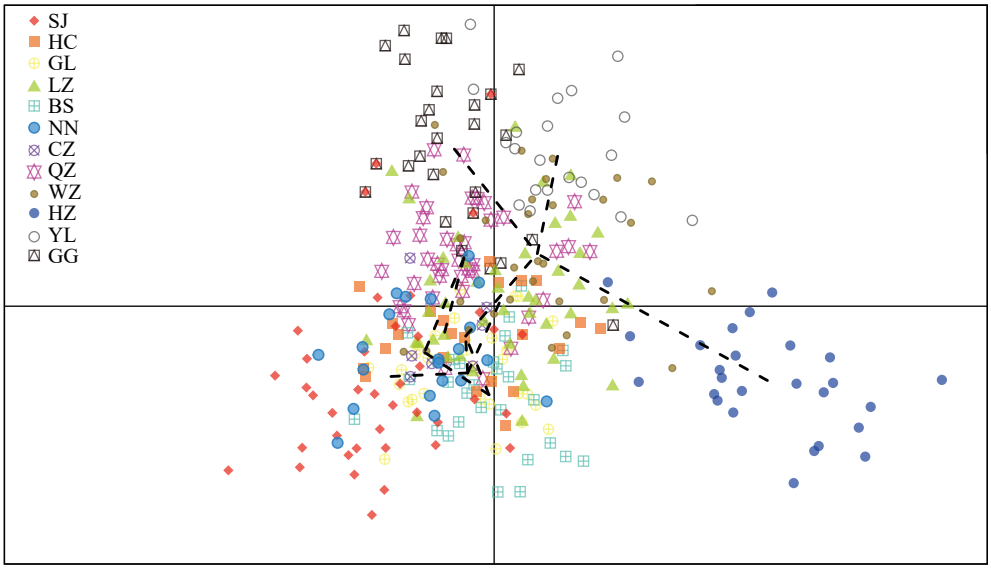
种群名	GL	QZ	BS	CZ	GG	HC	HZ	LZ	SJ	NN	WZ	YL
GL		416.9	464.2	435.3	235.4	185.3	160.4	131.8	108.1	307.8	193.1	284.2
QZ	0.12		321.6	155.0	212.6	291.1	411.6	290.8	460.9	124.2	345.2	233.2
BS	0.23	0.33		170.7	413.2	280.2	560.5	353.7	429.8	265.1	525.7	476.2
CZ	0.19	0.11	0.25		301.0	262.4	483.9	304.8	442.2	146.5	431.3	349.2
GG	0.31	0.31	0.22	0.39		206.5	199.1	147.0	313.5	156.4	134.5	72.9
HC	0.09	0.20	0.13	0.20	0.27		290.2	82.0	180.5	167.0	272.6	279.2
HZ	0.20	0.27	0.22	0.34	0.24	0.17		209.5	268.3	338.3	74.2	204.1
LZ	0.10	0.13	0.17	0.12	0.27	0.10	0.16		175.2	176.8	191.4	215.6
SJ	0.10	0.23	0.11	0.25	0.20	0.08	0.17	0.13		340.0	298.0	373.3
NN	0.14	0.11	0.16	0.09	0.34	0.12	0.28	0.12	0.15		284.9	212.5
WZ	0.15	0.21	0.19	0.26	0.15	0.09	0.08	0.10	0.12	0.20		130.0
YL	0.31	0.32	0.36	0.44	0.19	0.24	0.16	0.20	0.28	0.38	0.09	

注：地理距离单位为km。

$P = 0.013$），表明随着地理距离增加，种群间遗传差异有增大的趋势。

2.5　主成分判别分析

主成分判别分析（DAPC）结果表明，广西松墨天牛种群在空间分布上均存在重叠，表明了大部分种群间存在基因交流现象（图 4）。其中，YL、GG、SJ 及 HZ 种群的样本在遗传结构上表现出相对主体群居的偏离趋势，划分为 4 个遗传分支。进一步分析



黑色虚线表示种群与主体的分化。

图 4 松墨天牛 12 个地理种群的 DAPC 分析

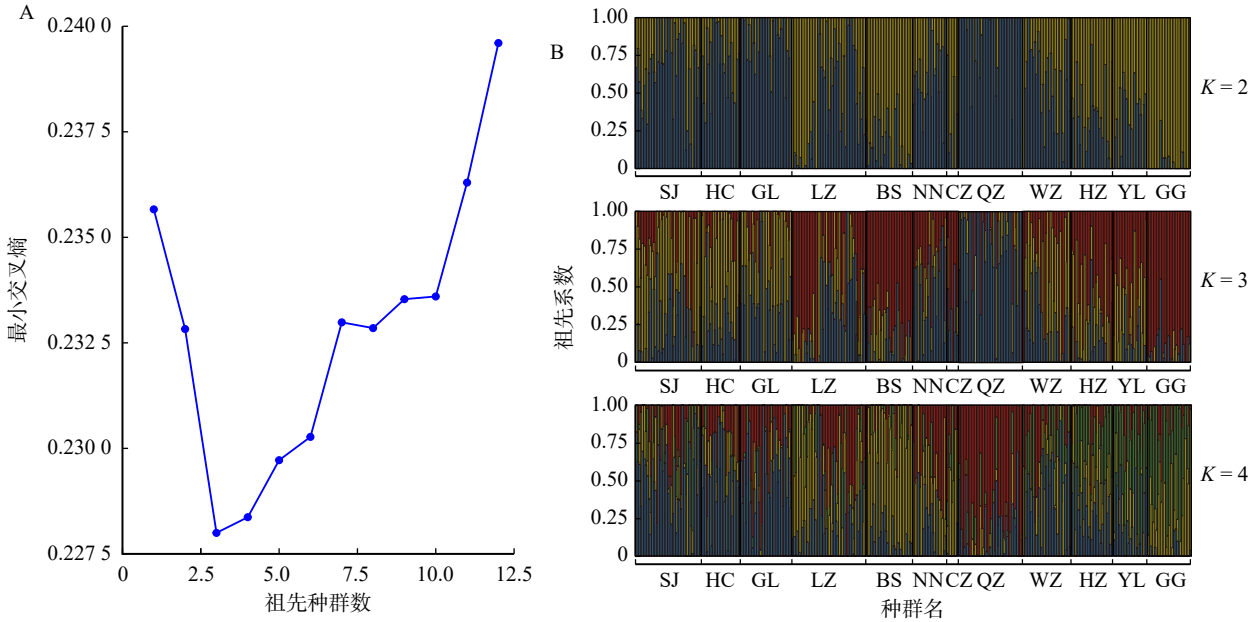
Fig. 4 DAPC analysis of 12 geographical populations of the *M. alternatus*

发现，HZ 种群的松墨天牛与整体的重叠部分偏离程度较大，表明该种群存在着遗传分化现象。

2.6 种群遗传结构分析

共祖先系数分析结果表明，当 $K=3$ 时种群分组最为适宜（图 5A）。祖源分析显示，大多数种群的样本个体间杂合程度存在显著差异，表明遗传分化明显（图 5B）。相比之下，QZ、BS、CZ 和 GG 区域的样本杂合度水平较低。除 QZ 区域（蓝色成分占主导）与 GG 和 BS 区域（红色成分占主导）表现出清晰的分化外，其余区域间未观察到明显的聚类格局。

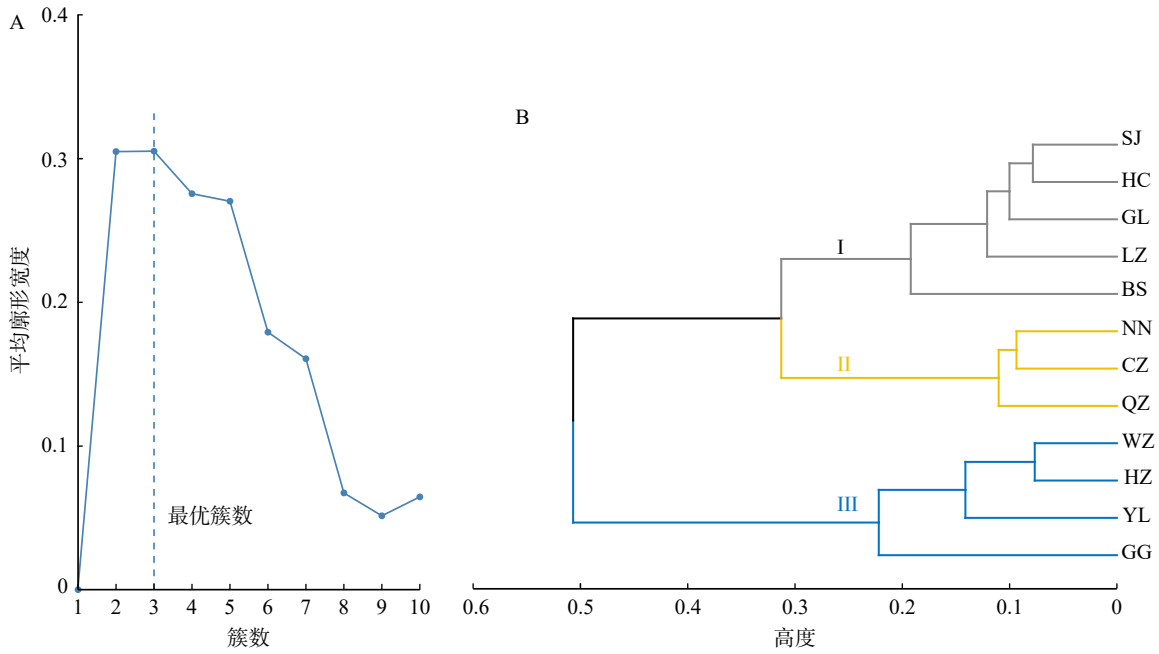
采用平均轮廓系数法确定最优聚类参数（$K=3$），并构建松墨天牛地理种群的 Upgma 系统发育树（图 6A）。系统发育分析表明，12 个地理种群可划分为 3 个主要分支（图 6B）：SJ、HC、GL、LZ 和 BS 种群聚为分支 I，NN、CZ 和 QZ 种群归为分支 II，WZ、HZ、YL 和 GG 种群聚合构成分支 III。结合地理分布可知，分支 I 主要对应桂北地区，分支 II 主要对应桂南地区，分支 III 主要对应桂东地区。



A. 基于亲缘关系分析，最优祖先种群数量 $K=3$（即最小交叉熵的最低点）。B. 320 个条目的祖先系数显示为堆叠条形图，每个分量归一化为 0 ~ 1 刻度。$K=2$, 3 和 4 下的个体共祖先比例被可视化为分割成 K 个彩色部分的垂直线，均代表推断出的不同遗传簇，与 K 值的数量相对应。

图 5 松墨天牛 12 个地理种群的遗传结构分析

Fig. 5 Genetic structure analysis of 12 geographical populations of *M. alternatus*



I、II、III 分别为具有遗传结构的 3 个分支。

图 6　松墨天牛 12 个地理种群的遗传聚类分析

Fig. 6　Genetic clustering analysis of 12 geographical populations of *M. alternatus*

3　讨　　论

本研究采用微卫星标记对采集自中国广西 12 个采样点的 320 头松墨天牛进行基因分型，旨在探究其遗传多样性水平和遗传格局。在松墨天牛遗传多样性研究方面，Shoda-Kagaya 等[26]利用微卫星标记对日本多个地点的松墨天牛种群遗传多样性进行了研究，结果显示观察杂合度（Ho）平均值为 0.364，表明其遗传多样性处于中等水平。Han 等[27]采用 SNP 重测序标记分析了中国顺昌市的松墨天牛种群，发现多个采样点的期望杂合度（He）值介于 0.202 ~ 0.238 之间，表明其遗传多样性相对较低。与上述研究相比，广西松墨天牛与日本种群类似，总体呈现中等遗传多样性水平。因此，可推测区域松墨天牛整体保留了较为丰富的遗传变异，有助于该物种提升种群的环境适应能力，有利于种群维持与延续。

生态环境异质性可通过推动种群积累特异性遗传变异来加剧分化，尤其是植被类型与气候条件的差异[28]。Gao 等[29]证实，月平均气温、最冷月平均气温和最暖季度平均气温影响了松墨天牛潜在分布，而本研究也发现了温度变化可显著影响其遗传多样性。结合胡蓉等[30]研究，低温可致松墨天牛寿命缩短，从而抑制其自然扩散，间接提升种群遗传多样性。综上所述，广西松墨天牛遗传多样性存在地域差异，而温度相关气候因子是调控其遗传多样性的重要环境因素。

AMOVA 分析显示，松墨天牛的遗传分化主要存在于种群内部，90.473% 的总变异归因于种群内差异，而种群间分化仅占 9.527%，这种高水平的种群内变异可能源于物种较强的扩散能力与繁殖策略[31]。基于共组先系数的遗传结构分析表明，同一采样点的不同样本间存在显著的遗传差异，导致总体上缺乏明显的聚类格局。前期关于分子遗传学的研究已证实松墨天牛是一种具有广泛传播能力的物种，人为活动（如疫木调运）增强了其长距离扩散能力[26, 32]。先前研究也证实了这一现象，在广西松墨天牛种群中检测到长距离基因流的证据[15]。DAPC 分析结果显示，广西地区松墨天牛种群整体呈现单一群落结构特征，这一结果与 AMOVA 分析所揭示的结果呼应，进一步印证了该区域松墨天牛种群间基因交流较为充分。与此同时，DAPC 分析发现该种群存在遗传分化，所形成的 4 个遗传分支，进一步说明松墨天牛在发生广泛基因交流的同时，仍受到地理隔离或环境异质性等因素的制约，进而表现出特定的遗传结构。结合前人研究成果[33]，可总结出携带松墨天牛卵或幼虫的松木或未经检疫的松木制品跨区域流通是种群间基因流的重要通道，印证了疫木调运对遗传结构的导向作用。

广西松墨天牛种群间存在中等程度遗传分化，此现象可能是地理隔离与生态差异共同作用所致[34]。广西地域辽阔且采样点间距较远，地理隔离对种群间基因流形成一定限制[35−36]。研究显示，12 个地理种群的遗传距离与地理距离呈显著弱正相关，表明地理隔离对其遗传结构存在影响，但非主要驱动因

素。此外，广西地形复杂，采样点涵盖多种地貌类型，包括喀斯特地貌（如 GL）、丹霞地貌（如 GG）、流水地貌（如 LZ）和滨海地貌（如 QZ）[37]。其中，GG 与 QZ 区域，以及 BS 与 QZ 区域的 Fst 值偏高，地理距离与生态差异共同导致上述分化。QZ 地区与其他区域遗传距离较大，与其独特生境及人为调控相关。据调查，QZ 地区的松林呈不连续斑块状分布，而木麻黄（*Casuarina equisetifolia*）、桉树和杉木（*Cunninghamia lanceolata*）等伴生树种构成了异质性景观[38−39]，这显著降低了局域种群的有效规模，可能导致该地区松墨天牛种群的相对隔离。此外，作为沿海城市，QZ 的木材监管相对严格，非法木材流通案例较少，从而限制了松墨天牛的长距离基因流。此外，HWE 检验显示广西大多数松墨天牛种群均有 2～8 个微卫星位点不符合 HWE。据此推测多数种群可能受到遗传漂变影响，部分种群甚至可能经历了显著的扩张事件。此外，HWE 的广泛偏离，特别是观察杂合度普遍低于期望杂合度（Ho < He）的趋势，也可能表明某些位点存在无效等位基因。前期研究表明，GG 种群近期经历了大规模扩张[15]。结合本研究发现该地区 7 个位点偏离哈迪−温伯格平衡的结果，进一步表明历史扩张事件已导致该区域遗传多样性的丧失与近交程度的加剧[40]。总体而言，在非自然因素影响下，地理隔离也可导致广西松墨天牛形成特定的遗传结构。其中人为活动影响着松墨天牛自然扩散，导致其种群呈局域化遗传分化特征。

遗传聚类分析将 12 个地理种群划分为不同的分支，分别在桂北、桂南和桂东形成 3 条遗传谱系。这反映了不同区域的松墨天牛种群在历史演化过程中已发展出相对独立的遗传支系。与 *Massicus raddei*[41]和 *Aromia bungii*[42]类似，松墨天牛也形成了特定的地理遗传结构。然而，蛀干害虫独特的扩散能力会影响其遗传结构[42−43]。值得注意的是，基于共祖先系数的遗传结构分析显示存在广泛基因混合且聚类界限模糊，而基于 Ward 最小方差聚类法的聚类分析结果则显示出 3 个明显的地理分支。该现象为广西松墨天牛的种群动态提供了更为精细的遗传背景，遗传结构所揭示的广泛基因混合很可能反映了近期及正在持续的基因流，该过程受到人为活动的重大影响，从而在个体水平上模糊了遗传边界。种群大小波动可改变其有效种群大小，从而加剧遗传漂变，导致等位基因丢失或固定以及杂合度降低[44]。如悬铃木方翅网蝽（*Corythucha ciliata*）在入侵东亚过程中，少数个体作为奠基者建立新种群时，其基因组多样性显著下降[45]；光肩星天牛（*Anoplophora glabripennis*）在种群建立后的本地扩张过程中同样经历了遗传瓶颈，导致入侵种群相较原产地种群出现明显的遗传多样性丧失[46]。然而，遗传聚类分析揭示了长期地理隔离塑造的更深层次历史遗传结构，表明尽管目前松墨天牛存在较大的基因交流，历史系统地理格局仍然可被检测，从而反映出其遗传结构的复杂性。此外，本研究存在着一定的局限性，采样范围仅限广西境内，且仅采用微卫星标记，难以全面解析跨区域遗传格局及演化历史。后续研究将结合多分子标记技术，拟扩增广西相邻省份采样点，为厘清其遗传格局成因与扩散路径提供更全面的科学依据。

4 结　　论

本研究利用 10 个微卫星标记揭示了广西松墨天牛复杂的遗传结构，发现其遗传多样性处于中等水平，且大部分变异存在于种群内部，存在显著的基因流。此外，广西松墨天牛存在清晰的历史遗传结构，种群聚类为 3 个地理谱系，分别为桂北、桂南和桂东。这种历史隔离与当代混合并存的双重格局，可能分别由自然屏障和人为介导的扩散所驱动，凸显了采取多层面管理策略的必要性。后续研究将增加广西相邻省份的样本采集，结合多分子标记与 GIS 解析其遗传格局及扩散路径。

参 考 文 献

[1] 宁眺, 方宇凌, 汤坚, 等. 松材线虫及其关键传媒墨天牛的研究进展 [J]. 昆虫知识, 2004, 41(2): 97−104.
Ning Y, Fang Y L, Tang J, et al. Advances in research on *Bursaphelenchus xylophilus* and its key vector *Monochamus* spp [J]. Entomological Knowledge, 2004, 41(2): 97−104.

[2] Nan J, Qi J, Yang Y, et al. Population density and host preference of the Japanese pine sawyer (*Monochamus alternatus*) in the Qinling-Daba Mountains of China [J]. Insects, 2023, 14(2): 181.

[3] 赵锦年, 应杰. 松墨天牛取食为害与松树枯死关系的研究 [J]. 林业科学, 1989, 25(5): 432−438.
Zhao J N, Ying J. A study on relationship between the damage of pine sawyer beetle (*Monochamus alternatus*) and pine dying [J]. Scientia Silvae Sinicae, 1989, 25(5): 432−438.

[4] Togashi K, Arakawa Y. Horizontal transmission of *Bursaphelenchus xylophilus* between sexes of *Monochamus alternatus* [J]. Journal of Nematology, 2003, 35(1): 7.

[5] 宋冀营, 骆有庆, 石娟, 等. 松材线虫染病松树上钻蛀性昆虫生态位的研究 [J]. 北京林业大学学报, 2005, 27(6): 108−111.
Song J Y, Luo Y Q, Shi J, et al. Niche characteristics of boring insects within *Pinus massoniana* infected by *Bursaphelenchus xylophilus* [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2005, 27(6): 108−111.

[6] 刘佳奇, 赵立娟, 等. 松墨天牛 4 龄越冬幼虫响应低温胁迫的生

理适应机制 [J]. 北京林业大学学报, 2024, 46(4): 74−83.
Liu J Q, Zhao L J, Liu L, et al. Physiological adaptation mechanism of 4-age wintering larvae of *Monochamus alternatus* (Coleoptera: Cerambycidae) in response to low temperature stress [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2024, 46(4): 74−83.

[7] Lee S, Oh D J, Lee S, et al. Subspecific synonym of *Monochamus alternatus* (Coleoptera: Cerambycidae): population genetics and morphological reassessment [J]. Journal of Economic Entomology, 2022, 115(6): 1987−1994.

[8] 张建军, 张润志, 陈京元. 松材线虫媒介昆虫种类及其扩散能力 [J]. 浙江林学院学报, 2007, 24(3): 350−356.
Zhang J J, Zhang R Z, Chen J Y. Species and their dispersal ability of *Monochamus* as vectors to transmit *Bursaphelenchus xylophilus* [J]. Journal of Zhejiang A&F University, 2007, 24(3): 350−356.

[9] Kawai M, Shoda-Kagaya E, Maehara T, et al. Genetic structure of pine sawyer *Monochamus alternatus* (Coleoptera: Cerambycidae) populations in northeast Asia: consequences of the spread of pine wilt disease [J]. Environmental Entomology, 2006, 35(2): 569−579.

[10] Pamilo P, Gertsch P, Thorén P, et al. Molecular population genetics of social insects [J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 1997, 28(1): 1−25.

[11] Qi J, Nan J, Zhao X, et al. Genetic structure of *Monochamus alternatus* (Hope) in Qinling-Daba Mountains and expansion trend: implications for pest prevention and management[J]. Ecology and Evolution, 2024, 14(10): e70373.

[12] 胡宝清, 蒋树芳, 廖赤眉, 等. 基于 3S 技术的广西喀斯特石漠化驱动机制图谱分析: 以广西壮族自治区为例 [J]. 山地学报, 2006, 24(2): 234−241.
Hu B Q, Jiang S F, Liao C M, et al. TUPU analysis on driving mechanism of Guangxi karst rocky desertification based on 3S techniques [J]. Jornal of Moutain Science, 2006, 24(2): 234−241.

[13] Chen T, Peng L, Liu S, et al. Land cover change in different altitudes of Guizhou-Guangxi karst mountain area, China: Patterns and drivers [J]. Journal of Mountain Science, 2017, 14(9): 1873−1888.

[14] Qi D L, Yu R, Zhang R S, et al. Comparative studies of Danxia landforms in China [J]. Journal of Geographical Sciences, 2005, 15(3): 337−345.

[15] 鲁进韬, 邱峙嵩, 许原, 等. 基于线粒体 CO Ⅰ基因的广西松墨天牛种群遗传多样性和遗传结构研究 [J]. 应用昆虫学报, 2024, 61(6): 1250−1259.
Lu J T, Qiu Z S, Xu Y, et al. Genetic diversity of *Monochamus alternatus* (Coleoptera: Ceratoideae) in Guangxi based on variation in the mitochondrial COI gene [J]. Chinese Journal of Applied Entomology, 2024, 61(6): 1250−1259.

[16] Guichoux E, Lagache L, Wagner S, et al. Current trends in microsatellite genoty [J]. Molecular Ecology Resources, 2011, 11(4): 591−611.

[17] Parker P G, Snow A A, Schug M D, et al. What molecules can tell us about populations: choosing andusing a molecular marker [J]. Ecology, 1998, 79(2): 361−382.

[18] Richard G F, Kerrest A, Dujon B. Comparative genomics and molecular dynamics of DNA repeats in eukaryotes [J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2008, 72(4): 686−727.

[19] Lu J T, Zhang S Z, Liu J X, et al. Development of simple sequence repeat of *Monochamus alternatus* (Coleoptera: Cerambycidae) based on restriction site-associated DNA sequencing [J]. Biology, 2024, 13(11): 880.

[20] Peakall R, Smouse P E. GenAlEx6.5 [J]. Bioinformatics, 2012, 28: 2537−2539.

[21] Paradis E. PEGAS: an R package for population genetics with an integrated-modular approach [J]. Bioinformatics, 2010, 26(3): 419−420.

[22] Excoffier L, Lischer H E L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows [J]. Molecular Ecology Resources, 2010, 10: 564−567.

[23] Goudet J. HIERFSTAT, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics [J]. Molecular Ecology Notes, 2005, 5(1): 184−186.

[24] Frichot E, François O. LEA: an R package for landscape and ecological association studies [J]. Methods in Ecology and Evolution, 2015, 6(8): 925−929.

[25] Yu G, Smith D K, Zhu H, et al. 2017. ggtree: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data [J]. Methods in Ecology and Evolution, 2017, 8(1): 28−36.

[26] Shoda-Kagaya E. Genetic differentiation of the pine wilt disease vector *Monochamus alternatus* (Coleoptera: Cerambycidae) over a mountain range-revealed from microsatellite DNA markers [J]. Bulletin of Entomological Research, 2007, 97(2): 167−174.

[27] Han X, Li Y, Huang W, et al. Landscapes drive the dispersal of *Monochamus alternatus*, vector of the pinewood nematode, revealed by whole-genome resequencing [J]. Forest Ecology and Management, 2023, 529: 120682.

[28] 温远光, 李治基, 李信贤, 等. 广西植被类型及其分类系统 [J]. 广西科学, 2014, 21(5): 484−513.
Wen Y G, Li Z J, Li X X, et al. Types of vegetation and its classified system in Guangxi [J]. Guangxi Sciences, 2014, 21(5): 484−513.

[29] Gao R, Liu L, Zhao L, et al. Potentially suitable geographical area for *Monochamus alternatus* under current and future climatic scenarios based on optimized MaxEnt model [J]. Insects, 2023, 14: 182.

[30] 胡蓉, 刘玉, 陶佳慧, 等. 温度对松墨天牛传播松材线虫的影响 [J]. 中南林业科技大学学报, 2023, 43(1): 66−71.
Hu R, Liu Y, Tao J H, et al. Effects of temperature on the transmission of *Bursaphelenchus xylophilus* by *Monochamus alternatus* [J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2023, 43(1): 66−71.

[31] Martins R P, Diniz-Filho J A F. The evolutionary ecology of

interactive synchronism: the illusion of the optimal phenotype [J]. European Journal of Ecology, 2017, 3(2): 107−115.

[32] Hu S, Ning T, Fu D, et al. Dispersal of the Japanese pine sawyer, *Monochamus alternatus* (Coleoptera: Cerambycidae), in mainland China as inferred from molecular data and associations to indices of human activity [J]. PLoS ONE, 2013, 8(2): e57568.

[33] 王曦苗, 曹业凡, 汪来发, 等. 松材线虫病发生及防控现状 [J]. 环境昆虫学报, 2018, 40(2): 256−267.
Wang X Z, Cao Y F, Wang L F, et al. 2018. Current status of pine wilt disease and its control status [J]. Journal of Environmental Entomology, 2018, 40(2): 256−267.

[34] Delbert W H, Alan R T. Correlation of pairwise genetic and geographic distance measures: inferring the relative influences of gene flow and drift on the distribution of genetic variability [J]. Evolution, 1999, 53(6): 1898−1914.

[35] Ward R D, Jorstad K E, Maguire G B. Microsatellite diversity in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) introduced to western Australia [J]. Aquaculture, 2003, 219: 169−179.

[36] Wang L, Hu F, Miao Y, et al. Changes in vegetation dynamics and relations with extreme climate on multiple time scales in Guangxi, China [J]. Remote Sensing, 2022, 14(9): 2013.

[37] Wang G, Liu Y, Wang H, et al. A comprehensive risk analysis of coastal zones in China [J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 2014, 140: 22−31.

[38] Wang X, Shi H, Wu X, et al. Microbial diversity in coastal *Casuarina equisetifolia* forest and its potential in counteracting bacterial wilt infections [J]. Pest Management Science, 2025, 81(8): 4621−4634.

[39] 黄国勤, 赵其国. 广西桉树种植的历史、现状、生态问题及应对策略 [J]. 生态学报, 2014, 34(18): 5142−5152.
Huang G Q, Zhao Q G. The history, status quo, ecological problems and countermeasures of eucalyptus plantations in Guangxi [J]. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(18): 5142−5152.

[40] Wigginton J E, Cutler D J, Abecasis G R. A note on exact tests of Hardy-Weinberg equilibrium [J]. The American Journal of Human Genetics, 2005, 76(5): 887−893.

[41] Zhang Y, Manzoor A, Wang X. Mitochondrial DNA analysis reveals spatial genetic structure and high genetic diversity of *Massicus raddei* (Blessig) (Coleoptera: Cerambycidae) in China [J]. Ecology and Evolution, 2020, 10(20): 11657−11670.

[42] Lee S, Lee S. Multigene phylogeny uncovers oviposition-related evolutionary history of Cerambycinae (Coleoptera: Cerambycidae) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2020, 145: 106707.

[43] Zhang L J, Xiao B H, Wang Y, et al. The mango seed weevil *Sternochetus mangiferae* (Fabricius) (Coleoptera: Curculionidae) is characterized by low genetic diversity and lack of genetic structure [J]. Agricultural and Forest Entomology, 2021, 23(3): 353−360.

[44] Liebgold E B, Kramer C F, Roomian T C, et al. Heterozygosity-behavior and heterozygosity-fitness correlations in a salamander with limited dispersal [J]. Population Ecology, 2018, 60(3): 251−260.

[45] Du Z, Wang X, Duan Y, et al. Global invasion history and genomic signatures of adaptation of the highly invasive sycamore lace bug [J]. Genomics, Proteomics & Bioinformatics, 2024, 22(6): qzae074.

[46] Carter M, Smith M, Harrison R. Genetic analyses of the Asian longhorned beetle (Coleoptera, Cerambycidae, *Anoplophora glabripennis*), in North America, Europe and Asia [J]. Biological Invasions, 2010, 12(5): 1165−1182.

（责任编辑 范 娟
责任编委 张星耀）