

分布区重叠的同属两个物种是否存在杂交？

——光肩星天牛、星天牛与两者假定杂交种之间的亲缘关系

覃海文¹ 徐华潮³ Arnaud Capron² Ilga Porth⁴ 崔明明⁴ Melody A. Keena⁵ 邓小芳⁶
石娟^{1*} Richard C. Hamelin^{2*}

(1. 北京林业大学林学院 北京 100083; 2. 不列颠哥伦比亚大学林学院 温哥华 V6T 1Z4; 3. 浙江农林大学林业与生物技术学院 杭州 311300; 4. 拉瓦尔大学林业、地理和测绘学院 魁北克 G1V 0A6; 5. 美国农业部林业局 哈姆登 06514; 6. 长春市林业和园林局 长春 130033)

【目的】明确分布区重叠的假定杂交种与光肩星天牛 *Anoplophora glabripennis* 和星天牛 *A. chinensis* 之间的亲缘关系，验证光肩星天牛与星天牛是否存在杂交。**【方法】**以光肩星天牛、星天牛和假定杂交种为研究对象，依据陈世骧等（1959）和 Lingafelter & Hoebeke（2002）分类系统对假定杂交种成虫的外部形态特征进行鉴定；使用基因分型测序（Genotyping-by-sequencing, GBS）识别全基因组的单核苷酸多态性（Single Nucleotide Polymorphisms, SNPs），以揭示光肩星天牛、星天牛种群和假定杂交种的基因图谱；并研究光肩星天牛、星天牛和假定杂交种个体交配和产生杂交后代的能力。**【结果】**1) 根据形态特征确定假定杂交种属于星天牛属，该种与检索表中的已知种都有差别，与光肩星天牛和星天牛形态学主要差别是在体式显微镜观察下，假定杂交种的鞘翅肩部末端有不明显的数个瘤状突起。2) 分析了 35 个样本的 GBS 序列，在去除基因组重复区域的 SNPs 后，检测到 876,636 个 SNPs，剔除缺失 5% 以上 SNPs 和样本个数，最终得到 30 个样本（14 个光肩星天牛、8 个星天牛和 8 个假定杂交种）的 163 个 SNPs 用于主成分分析（Principal Component Analysis, PCA），前 3 轴占总方差的 79.25%，轴 1、轴 2、轴 3 分别代表 71.51%、4.25%、3.48%。PCA 第一轴明确地划分了两组，一组包括所有光肩星天牛个体和假定杂交种个体，第二组包括星天牛个体。轴 2 和轴 3 显示星天牛个体的分离，而光肩星天牛和假定杂交种在所有三个轴上紧密聚集在一起。3) 在 2017 年、2018 年、2020 年和 2021 年，光肩星天牛、星天牛和假定杂交种的交配实验都取得了成功，种内交配率、光肩星天牛与假定杂交种的交配率均在 65% 以上，假定杂交种个体之间与星天牛的交配率小于 62%，且雄性光肩星天牛的交配率高于雄性星天牛；所有交配试验组均观察到产卵行为，但光肩星天牛和星天牛、假定杂交种和星天牛的交配组的卵没有孵化，而光肩星天牛和假定杂交种的后代孵化率约为 56%、羽化率约 50%，种内交配组的后代羽化率均高于 60%。**【结论】**分布区重叠的光肩星天牛和星天牛之间不存在杂交；假定杂交种在形态上不同于先前关于光肩星天牛和星天牛种群的描述，它是光肩星天牛的一个形态变异种，应该在区别光肩星天牛和星天牛成虫时，将光肩星天牛在鞘翅肩部末端有不明显的数个瘤状突起的可能性包括在内。