

# 中国松材线虫种群遗传分析和疫源追溯研究

冯源

南京林业大学

**摘要:**【目的】由松材线虫 (*Bursaphelenchus xylophilus*) 引起的松材线虫病(pine wilt disease)是一种国际性重大森林病害, 中国是松材线虫病流行危害最严重的地区, 至 2023 年初我国已有 19 个省(自治区、直辖市)的 701 个县级行政区沦为松材线虫病疫区。本文研究中国松材线虫的遗传多样性, 并进一步在此基础上进行松材线虫病疫源追溯研究。【方法】本研究使用 Illumina 全基因组重测序的方法, 对松材线虫样本进行测序深度>40×的高通量测序。测序结果经过 FastQC 质检后用 BWA 软件将测序结果对比参考基因组, 后用 Freebayes 进行 SNP 位点挖掘。进一步使用 SNPRelate 等软件分析我国不同疫区松材线虫的种群遗传多样性, 探究我国各个疫区松材线虫的种群遗传结构, 并搭建松材线虫 SNP 数据库网站, 建立松材线虫的遗传追溯体系。【结果】本研究统计 442 株松材线虫的遗传多样性, 共获得 11, 214, 807SNPs。并且日本, 美国虫株的遗传多样性明显高于国内虫株, 广东虫株的遗传多样性明显高于国内其他地区虫株。对所有虫株的 SNP 位点进行主成分分析, 可将其归为 7 个类群。其中广东省虫株与日本美国虫株的遗传距离较近, 浙江虫株在类群 3、5 和 7 中均有分布。根据 PCA 结果及系统发育树分析, 吉林虫株在类群 3, 与广东或广西种群较近。甘肃虫株在类群 5, 与江苏或安徽种群较近。本研究构建了具有数据存储、检索、浏览、系统发育树构建、序列比对以及引物设计等功能的松材线虫疫源追溯数据库 (PWNSD)。【结论】中国松材线虫种群存在明显的遗传分化现象且交叉侵染严重, 广东的虫株可能由国外传入, 浙江虫株可能是由于经济贸易频繁导致其传播范围较广, 吉林虫株可能由广东或广西种群传入。甘肃虫株可能由江苏或安徽种群传入。PWNSD 的构建具有重要意义, 为松材线虫病疫源追溯工作提供基础。