

# 地理信息系统在研究种群分化的介绍与展望

师正合<sup>1\*</sup>, 曹杰<sup>1\*</sup>, 别文海<sup>1\*</sup>, 王宏宾<sup>2#</sup>

<sup>1</sup>青海大学临床医学院, 青海 西宁

<sup>2</sup>青海大学附属医院, 青海 西宁

收稿日期: 2022年6月28日; 录用日期: 2022年10月5日; 发布日期: 2022年10月12日

## 摘要

在不同自然环境中生存繁殖的物种种群由于不同的气候特征、环境因素, 以及人类生产生活的影 响可能会导致不同种群之间的基因交流障碍, 从而在各地地理种群之间逐渐产生显著的遗传分化。本文介绍了同种物种不同地理种群之间遗传多样性的形成原理、影响因素, 以及分子生物学方法对种群遗传多样性的研究方法, 同时地理信息系统对于种群遗传多样性的研究, 可以对一些寄生虫所致的寄生虫病做出及时的判断和预测, 为相关疾病的预防和治理提供理论基础。

## 关键词

遗传分化, 分子标记, 遗传多样性, 寄生虫病

# Introduction and Prospect of GIS in Studying Population Differentiation

Zhenghe Shi<sup>1\*</sup>, Jie Cao<sup>1\*</sup>, Wenhai Bie<sup>1\*</sup>, Hongbin Wang<sup>2#</sup>

<sup>1</sup>Qinghai University School of Clinical Medicine, Xining Qinghai

<sup>2</sup>Qinghai University Affiliated Hospital, Xining Qinghai

Received: Jun. 28<sup>th</sup>, 2022; accepted: Oct. 5<sup>th</sup>, 2022; published: Oct. 12<sup>th</sup>, 2022

## Abstract

Due to local climate change, differences in living environment, interference of human activities, barriers to gene exchange among populations, etc., populations of different geographical species may gradually lead to significant genetic differentiation among populations of the same species.

\*共同第一作者。

#通讯作者。

**Due to human trade and other activities, it may promote the transmission and gene exchange between different populations of the same species and increase the genetic differentiation within the population, reduce genetic differentiation among populations. This paper introduces the formation principle, influencing factors, types of molecular markers and research methods of genetic diversity among the same species of different geographical populations. Prospect: The study of population genetic diversity can make timely judgment and prediction of parasitic diseases caused by parasites, and provide a theoretical basis for the prevention and treatment of related diseases.**

## Keywords

Genetic Differentiation, Molecular Markers, Genetic Diversity, Parasitosis

Copyright © 2022 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 系统地理学

1) 系统地理学是指以密切相关的物种或同一物种的不同地理种群为研究对象, 研究物种遗传谱系形成现有地理分布格局的过程和原理[1]。系统地理学研究是利用现有样本的遗传信息重建物种的历史进化。如今, 随着系统地理学的不断深入发展, 分子生物学技术越来越多地应用于系统地理学的研究。对种群遗传结构的研究, 包括分子生物学、生态学、遗传学等学科, 可以加深我们对生物进化和演替的理解。

### 2) 种群遗传多样性变化的影响因素

#### a) 物种繁殖扩散对种群遗传多样性的影响

物种扩散一直是作为种群的一个积极方面。物种扩散可以不断增加不同新地区的总体种群基数, 由于当地特殊条件, 扩散到新地区的种群将对整个物种的遗传结构产生遗传影响。由于当地的特殊条件, 只有一部分个体可以成功传播到新的区域, 导致该区域物种的遗传结构只有一部分。这种效应被称为遗传瓶颈效应。在一个种群中, 单个基因型个体所产生后代的数目不同, 因此会使其后代中等位基因的数量发生改变, 在相对孤立的小群体中会发生基因频率的随机波动, 这叫做遗传漂流[2]。物种在到达新的繁殖地后, 遗传多样性通常会由于遗传瓶颈效应和遗传漂变效应而减少。

#### b) 地理隔离对种群遗传多样性的影响

由于地理隔离, 物种种群的基因交流可能会受到阻碍。早在 1859 年, 达尔文为了解释地理隔离驱动物种形成的观点首次提出了地理隔离的概念。目前的地理隔离相关研究大多集中于其对生物进化模式和多样性的影响, 并通过地理隔离的概念来反映环境条件与生物进化和物种分布的关系[3]。长时间的地理隔离会使物种的不同种群形成各自的基因频率和基因库, 从而使不同的种群向不同的方向分化, 以产生具有完全不同表型的同一物种的不同亚种[4]。地理隔离是推动物种分布格局形成的主要因素之一, 对于一个物种种群而言, 这种地理隔离是长期存在, 并处于动态变化之中, 并且不同周期的地理事件都可能会产生地理隔离。长期地理事件例如河流的和山脉等不同地理结构的产生, 或者火灾和地震等突发的地理自然灾害等的发生, 都有可能影响物种的进化。尽管地理隔离对于物种的进化来说只是外在因素, 但一个种群在逐渐适应的过程中, 个体和种群也可以出现的对于地理隔离的响应过程。地理隔离的存在将使物种种群适应各自的栖息地, 并且逐渐独立进化。当独立进化产生后, 地理隔离可能会转变为生殖隔离。这样即使地理隔离消失, 种群之间也无法进行基因交流, 最终导致不同的种群进化为不同的物种[5]。

### c) 人类的生产生活对种群遗传多样性的影响

人类的生产生活在一定程度上影响着物种的生存和遗传活动。人类对物种遗传多样性的影响主要体现在人类贸易、耕作、城市化、航海工程等方面。人类的生产和生活方式可能会改变物种原始栖息地的生态环境,物种被迫迁移到更合适的栖息地,从而减少种群规模和种群遗传多样性。同时,人类的生产生活也可能促进不同物种之间的基因交换。刘辉等在研究犬多房棘球绦虫感染的分布特征时发现,位于青藏高原的四川省甘孜州和青海省犬多房棘球绦虫感染比较普遍且感染率较高。作者认为,这可能与当地的生产方式和生活方式有很大的相关性,但与海拔和气候几乎没有直接关系。陈福生等在研究家养山羊的地理和遗传差异时表明,在湖北、湖南、贵州、四川、云南等省建立的系统地理结构图中,不同地区的种群之间没有太大差异。最大的原因是国内山羊贸易致使种群间频繁的基因交换[6]。此外,各种人类活动也可能为物种入侵提供一种途径,这将导致原物种的系统结构遭到破坏,从而影响物种的遗传多样性。

### d) 其他环境因素对种群遗传多样性的影响

其他环境因素主要包括气候、海拔、降水量、土壤类型等。这些因素对物种的繁殖和生存有重要影响。环境因素对物种的影响主要体现在生物学、心理学、行为学、遗传学等方面。当物种适应新的繁殖环境时,自然选择将发挥作用,使物种在环境因素的压力下生存。适应性强的种群将被淘汰并不断进化,形成不同的种群遗传结构。不同种群的遗传物种在该区域的扩散往往会导致种群遗传多样性与独特的地理和环境因素有关[7]。

## 2. DNA 分子标记技术在种群遗传多样性研究方法介绍

DNA 分子标记一种基于个体间核苷酸差异的标记技术,即基于 DNA 的遗传标记,它可以更准确地揭示物种之间和物种内部的遗传差异[8]。DNA 分子标记是在形态学、细胞学和生化标记的不断发展为基础中出现的。因其具有超越前三者的技术特性和精确性,在生物遗传领域得到了广泛的应用和发展。前三种标记技术的研究对象都是基因表达的产物,换句话说,是对生物遗传变异的间接研究,其标记较少,多态性也相对较低。而 DNA 分子标记具有以下优点:第一,没有组织或器官特异性,因为无论基因表达与否,基因组不会发生改变。第二,它们中的大多数是共显性“中性”。第三,是多态性相较前三者强,且数量丰富,分布广泛[9]。

### 2.1. 初代分子标记技术

在早期的基因定位中第一代分子标记技术发挥了不可替代的作用。在研究染色体结构方面有常见的三种类型即限制性片段长度多态性(RFLP)、染色体原位杂交(CISH)和可变数目串联重复位点(VNTR)[10]。初代分子标记技术为后续标记技术的出现和发展奠定了基础,但是初代分子标记技术因为其技术本身的原因包括技术相对复杂、多态性低、对 DNA 质量要求高以及同位素的放射性危害等等,在实际应用中逐渐受到限制。

### 2.2. 第二代分子标记技术

一般来说,第二代分子标记技术是基于 PCR 和限制性内切酶的基础的。根据其引物的特点的不同,可分为随机引物 PCR 和特异引物 PCR。其中基于随机引物 PCR 的有随机扩增多态性 DNA (RAPD)、简单重复扩增(ISSR)和随机扩增微卫星多态性(RAMP);而简单重复序列(SSR)也称为微卫星 DNA,相关序列中的扩增多态性和靶区中的扩增多态性则是基于特异引物 PCR 的[11]。

#### 2.2.1. 随机扩增多态性 DNA (randomly amplified polymorphic DNA, RAPD)

RAPD 的基本原理是利用合成的随机引物对基因组 DNA 进行 PCR 扩增,使用的引物大小往往为 8

到 10 个碱基, 然后用电泳检测扩增产物的多态性。该方法简单快速, DNA 含量少, 不需要同位素标记。然而, RAPD 标记是显性标记, 不能区分杂合子和纯合子, 而且 RAPD 检测对于反应条件的要求苛刻, 结果易受影响, 重复性比较差[12]。

### 2.2.2. 简单重复序列间扩增(inter-simple sequence repeat, ISSR)

ISSR 标记是一种可以扩增不同大小的序列的方法, 这是因为 ISSR 引物通常是长度为 16-25bp 的微卫星, 在一个引物 PCR 反应中可以针对多个基因[13]。ISSR 具有很高的重复性, 这可能是由于使用了较长的引物[14]。与 RAPD 引物相比, ISSR 技术可以使用更高的退火温度, 严格性更高。这样看来, ISSR 技术结合了 AFLP 的大部分优点和 RAPD 的普遍性。

### 2.2.3. 随机扩增微卫星多态性(random amplify microsatellite polymorphisms, RAMP)

RAMP 是一种多重 RAPD 扩增和寡核苷酸扫描的技术。RAMP 可以从 RAPD 产生的产物中得到很多信息, 并且还具具有分析速度快、灵敏度高和多态性检测水平高等优点。RAMP 技术具有能够通过 RAPD 扩增 DNA 片段的微卫星杂交用限制性内切酶替代 DNA 消耗[15], 这一项优点是大部分的标记技术所没有的。

### 2.2.4. 简单重复序列(simple sequence repeat, SSR)

SSR 标记又叫做微卫星 DNA 标记, 它是指由几十个核苷酸组成的不断重复的一段 DNA 序列, 在基因组 DNA 中往往由 1 到 5 个核苷酸作为重复单元组成[16]。SSR 是一种十分理想化的标记技术, 有很多优点其中包括它可以区别检测出纯合子和杂合子、随机且均匀分布在整个基因组当中、在 PCR 快速检测分析时对于 DNA 的要求较低, 所需要的量也比较少。但是, SSR 的引物本身所具有的特异性导致其开发和合成的难度以及成本较大, 这就是为什么目前我们缺乏已知 SSR 位点的主要原因[16]。

### 2.2.5. 相关序列扩增多态性(sequence related amplified polymorphism, SRAP)

SPAP 技术是一种能够将 RFLP 标记转变为 PCR 标记的方法。SPAP 标记的最大的优点是它信息量大, 多态性好, 作为共显性标记, SPAP 可以识别不同的基因型[17]。其次, SPAP 技术方法及相关操作比较简单, 检测步骤仅包括 PCR 扩增和电泳[18]。然而, 当 RFLP 标记转移到 SPAP 标记后, 产物的多态性将会大幅度降低, 因此, 还需要对扩增产物进行限制性内切酶消化, 以产生扩增产物的 RFLP, 从而提高 SPAP 的多态性检测能力[18]。

### 2.2.6. 靶位区域扩增多态性(target region amplified polymorphism, TRAP)

TRAP 技术是在 RAPD 技术的基础上逐步发展起来的。简单来说, 这种技术的就是克隆目标标记并测序其末端, 然后根据原始 RAPD 片段两端的序列设计其特异引物, 再通过 PCR 扩增来分析基因组 DNA。与 RAPD 标记相比, TRAP 标记具有更高的稳定性和重复性[18]。目前 TRAP 技术在大豆灰斑病抗病育种中产生了重要的应用价值[19]。

### 2.2.7. 第三代分子标记技术

第三代分子标记技术的基础是高通量测序技术和 DNA 芯片技术, 常见的有单核苷酸多态性(SNP)和 DNA 条形码技术[20]。SNP 在“单核苷酸多态性”的概念提出以来, 一直作为分子标记技术的一个新的里程碑。其基本原理是基因组 DNA 中单个碱基的插入、断裂、缺失和转换产生的基因组 DNA 中的单核苷酸突变, 从而导致 DNA 序列多态性[21]。它优点有很多其中包括密度高、分布广、多态性程度高、遗传稳定性好等等, 但检测成本也要高于其他方法[22]。DNA 条形码技术则是基于 DNA 条形码概念分子技术, 简而言之, 它是一种快速定位、分析和准确识别物种的分子标记技术, 且使用的是标准的、易于扩增的, 足够可变且短的目标 DNA 片段[22]。

### 3. 未来展望

对于一个物种的种群而言, 在到达新的繁殖地时要经历不同的阶段包括传入、定殖、潜伏、扩散、爆发, 每一个阶段都跟物种的种群遗传息息相关[22]。同时遗传多样性又是影响物种适应性和生存的关键, 是种群存在下去的根本所在, 所以生物物种的遗传结构可以进一步揭示同一物种不同种群间的遗传关系。明确不同地理种群间的遗传多样性和系统发育关系, 进一步为种群分化和种群的传播蔓延提供理论基础。

目前对于农作物及经济作物害虫的研究已经逐渐深入。但系统地理学在对于一些寄生虫病的病原物种种群遗传结构的研究尚浅[23]。目前, 在寄生虫病领域针对病原感染状况与自然疫源地环境因素之间的关系还不清楚[24]。因此, 系统地理学可以应用于研究寄生虫种群遗传结构, 深入探讨环境因素对其主要宿主分布和病原种群环境生态学的影响, 建立寄生虫主要宿主分布模型并解析其病原种系遗传分化和种群历史动态特征。研究结果不仅为制定适宜的寄生虫防治策略提供生态学依据, 还可为进一步探索控制寄生虫病的发生提供新的研究思路。

### 参考文献

- [1] 胡岩, 李有志. 地理种群遗传分化研究方法的介绍和展望[J]. 华中昆虫研究, 2017(1): 82-89.
- [2] 张文涵, 迟瑶, 钱天陆, 席唱白, 王结臣. 地理信息技术在陆生哺乳动物栖息地研究中的应用: 回顾与展望[J]. 生态学杂志, 2019, 38(12): 3839-3846.
- [3] 刘璐, 迟瑶, 吴朝宁, 钱天陆, 王结臣. 陆栖哺乳动物的地理隔离研究进展[J]. 生物多样性, 2021, 29(8): 1134-1145.
- [4] Vijayan, K. (2005) Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) Polymorphism and Its Application in Mulberry Genome Analysis. *International Journal of Industrial Entomology*, **10**, 79-86.
- [5] 李忠虎, 刘占林, 王玛丽, 钱增强, 赵鹏, 祝娟, 杨一欣, 阎晓昊, 李银军, 赵桂仿. 基因流存在条件下的物种形成研究述评: 生殖隔离机制进化[J]. 生物多样性, 2014, 22(1): 88-96.
- [6] 陈复生, 付承玉, 汪泰初. 动物线粒体基因分子系统学研究进展[J]. 安徽农业科学, 2003, 31(4): 596-598+601.
- [7] Hewitt, G.M. (1996) Some Genetic Consequences of Ice Ages, and Their Role in Divergence and Speciation. *Biological Journal of the Linnean Society*, **58**, 247-276. <https://doi.org/10.1006/bijl.1996.0035>
- [8] 白玉. DNA 分子标记技术及其应用[J]. 安徽农业科学, 2007, 35(24): 7422-7424.
- [9] 陈星, 高子厚. DNA 分子标记技术的研究与应用[J]. 分子植物育种, 2019, 17(6): 1970-1977.
- [10] Fayed, A.M. (2016) Development of some Molecular and Biochemical Markers Associated with Tolerance to Insect Attacks in Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.). *Presented as Poster on the International Congress of Entomology*, Orlando, 25 September 2016, 17-21.
- [11] Gilbert, J.E., Lewis, R.V., Wilkinson, M.J., et al. (1999) Developing an Appropriate Strategy to Assess Genetic Variability in Plant Germplasm Collections. *Theoretical and Applied Genetics*, **98**, 1125-1131.
- [12] Hongtrakul, V., Slabaugh, M.B. and Knapp, S.J. (1998) DFLP, SSCP, and SSR Markers for  $\Delta$ 9-stearoyl-acyl Carrier Protein Desaturases Strongly Expressed in Developing Seeds of Sunflower: Intron Lengths Are Polymorphic among Elite Inbred Lines. *Molecular Breeding*, **4**, 195-203. <https://doi.org/10.1023/A:1009646720400>
- [13] Fang, D.Q., Roose, M.L., Krueger, R.R. and Federici, C.T. (1997) Fingerprinting Trifoliolate Orange Germ Plasm Accessions with Isozymes, RFLPs, and Inter-Simple Sequence Repeat Markers. *Theoretical and Applied Genetics*, **95**, 211-219. <https://doi.org/10.1007/s001220050550>
- [14] 邹奕, 马龙彪, 江伟, 李文晶, 吴则东. ISSR 分子标记技术在甜菜育种中的应用[J]. 中国糖料, 2018, 40(3): 75-77+80.
- [15] 孙玥, 苏京平, 王胜军, 闫双勇, 孙林静. ISSR 分子标记技术在作物遗传育种中的应用[J]. 种子科技, 2019, 37(12): 26-27+30.
- [16] 谢佳燕, 张知彬. 随机扩增杂交微卫星方法在大仓鼠种群遗传多态性研究中的应用[J]. 动物学杂志, 2006, 41(4): 22-26.
- [17] 黎裕, 贾继增, 王天宇. 分子标记的种类及其发展[J]. 生物技术通报, 1999, 15(4): 4.
- [18] Palsbøll, P.J., Bérubé, M. and Allendorf, F.W. (2007) Identification of Management Units Using Population Genetic

Data. *Trends in Ecology & Evolution*, **22**, 11-16. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.09.003>

- [19] 邹继军. 大豆灰斑病抗病基因分子标记及抗病种质资源遗传多样性研究[D]: [博士学位论文]. 哈尔滨: 东北农业大学, 1999.
- [20] 吴玲. 基于表达序列标签的玉米单核苷酸多态性标记开发[D]: [硕士学位论文]. 雅安: 四川农业大学, 2010.
- [21] 杜玮南, 孙红霞, 方福德. 单核苷酸多态性的研究进展[J]. 中国医学科学院学报, 2000, 22(4): 392.
- [22] 彭居俐, 王绪楨, 何舜平. DNA 条形码技术的研究进展及其应用[J]. 水生生物学报, 2008, 32(6): 916-919.
- [23] 杨永华, 胡永金. 分子遗传技术与生物遗传多样性研究[J]. 农村生态环境, 1996(4): 28-31+23.
- [24] 张媛, 李晓燕, 赵光辉. 基于 DNA 水平的差异显示技术及其在寄生虫遗传变异中的应用[J]. 上海畜牧兽医通讯, 2009(1): 17-19.