

中国昆虫学会 2015 年学术年会

论文摘要集



主办单位：中国昆虫学会

承办单位：沈阳农业大学
辽宁省昆虫学会

协办单位：国家林业局森林病虫害防治总站
新农药创制与开发国家重点实验室（沈阳化工研究院）
辽宁省农业科学院植物保护研究所
辽宁省植物保护站
农业虫害鼠害综合治理研究国家重点实验室

支持单位：中国科学技术协会
辽宁省科学技术协会
沈阳市科学技术学会

辽宁·沈阳
2015年9月

目 录

昆虫分类

摇蚊科昆虫的 DNA 条形码初步研究.....	闫春财 等 (1)
中国广义蚕蛾科昆虫分类及其多样性.....	王 星 等 (2)
中国潜蛾科七新记录种记述.....	武春生 (3)
世界有害实蝇自动识别研究.....	陈小琳 等 (4)
突眼实蝇(双翅目:实蝇科)的系统学“身份”识别——基于形态、生物学及分子证据 ...	陈小琳 等 (5)
稻田生态系统节肢动物 DNA 条形码技术研究.....	王正亮 等 (6)
长翅目昆虫精子超微结构及其系统发育意义.....	张贝贝 等 (7)
长翅目幼虫形态多样性及其生态适应.....	姜 碌 等 (8)
异蚤蝇属性二型 DNA 鉴别及系统发育研究.....	王剑峰 等 (9)

昆虫生态

多尺度空间下害虫种群生态调控理论与应用.....	赵紫华 等 (10)
决定二化螟个体发育历期长短的关键生长阶段分析.....	姚 静 等 (11)
温度、土壤相对含水量及产卵时间对意大利蝗卵孵化的影响.....	任金龙 等 (12)
CO ₂ 浓度升高对西花蓟马及其本地近缘种花蓟马的影响.....	钱 蕾 等 (13)
梨小食心虫在梨果上的存活和种群增长情况.....	王 怡 等 (14)
转 <i>CryIAb/Ac</i> 基因水稻对稻田浮游动物群落物种多样性的影响.....	莫书银 等 (15)
桃花挥发性物质对访花昆虫生态的化学响应.....	杜秀娟 等 (16)
不同种植环境夏玉米田昆虫群落的特征及稳定性.....	柴正群 等 (17)
基于温度的小麦新发害虫白眉野草螟的种群统计特征.....	迟宝杰 等 (18)
小菜蛾预测预警模型研究.....	李振宇 等 (19)
粮食生态控制关键技术研究 with 示范.....	李文辉 等 (20)
玉米象在不同储粮中的实验种群生命表.....	张李香 等 (21)
大猿叶虫滞育准备期与产卵前期间发育和营养储备的差异分析.....	谈倩倩 等 (22)

生理生化

芦笋挥发物对芦笋木蠹蛾的电生理反应.....	刘志雄 等 (23)
RNA 干扰糖运输蛋白基因对褐飞虱生长和繁殖的影响.....	戈林泉 等 (24)
华南地区针对性小菜蛾引诱剂研制与应用.....	戴建青 等 (25)
小菜蛾气味结合蛋白 OBP2 基因的克隆、鉴定及表达模式.....	程小娟 等 (26)
瓜实蝇热激蛋白 hsp90 基因克隆及表达分析.....	姜建军 等 (27)

不同地理种群大豆蚜线粒体基因 CO II、Cytb 序列变异与遗传分化.....	李 冉 等 (28)
美国白蛾几丁质脱乙酰酶 2a (HcCDA2a) 的克隆表达与酶活测定.....	闫晓平等 (29)
亲免疫基因在昆虫免疫抑制反应中的研究.....	李 明 等 (30)
FoF1 ATPase β 亚基定位于斜纹夜蛾细胞表面且增加了细胞的通透性.....	刘樾彤 等 (31)
CypD 调控 MPTP 参与昆虫免疫抑制反应的研究.....	刘紫艳 等 (32)
棉铃虫羧酸酯酶 CarE001C 原核表达及酶活分析.....	李永强 等 (33)
高温胁迫下瓜实蝇的内参基因筛选.....	周世豪 等 (34)
螺旋粉虱热激蛋白 70 和 90 (HSP70, 90) 基因 cDNA 全长克隆及序列分析.....	牛黎明 等 (35)
大豆蚜 <i>hsp70</i> 和 <i>hsc70</i> 基因 mRNA 在热和吡虫啉胁迫下的表达差异.....	韩岚岚 等 (36)
棉铃虫围食膜蛋白与 Bt 抗性的关系.....	李怡萍 等 (37)
桃蛀螟性信息素结合蛋白 Cpun-PBP1 的克隆、表达及其与配体化合物的结合特性分析... 贾小俭 等 (38)	
CYP4G15 参与豌豆蚜碳氢化合物合成调控的研究.....	陈 楠 等 (39)
梨小食心虫气味结合蛋白 <i>GmoIOBPs</i> 的克隆表达、免疫定位及结合特性研究.....	李广伟 等 (40)
RACE 方法获得华北大黑鳃金龟几丁质脱乙酰基酶 HOCDA5 全长及其表达载体的构建.....	郜玉杰 等 (41)
基于线粒体 COI 基因的桔小实蝇岛屿种群与大陆种群遗传差异的研究.....	易春燕 等 (42)
宿主 NSF 蛋白在杆状病毒入侵和核膜出芽释放过程中的作用.....	郭 亚 等 (43)
小分子热激蛋白 Lshsp2 基因序列特征及其在灰飞虱高温适应性中的作用.....	王利华 等 (44)
参与烟粉虱免疫反应的丝氨酸蛋白酶基因分析.....	于 洁 等 (45)
粘虫谷氨酰胺转氨酶的分离纯化及其生长发育调节作用研究.....	张 蕾 等 (46)
昆虫基因组数据库 InsectBase 的构建与应用.....	尹传林 等 (47)
miR-1680 在二化螟化蛹和蛹期发育中的调控功能.....	葛 畅 等 (48)
稻飞虱翅型分化的分子机制.....	徐海君 等 (49)
内蒙古亚洲小车蝗种群遗传多样性和遗传分化的 ISSR 分析.....	韩海斌 等 (50)
自噬和 JNK 信号通路在烟粉虱和双生病毒互作中的作用.....	王岚岚 等 (51)
柞蚕热休克蛋白 70 家族基因的筛选及表达研究.....	王 勇 等 (52)

药剂毒理

桃蚜对 5 种杀虫剂的抗性及其抗性机制分析.....	汤秋玲 等 (53)
我国绿盲蝽抗药性治理研究进展.....	苗 玲 等 (54)
绿盲蝽钠离子通道基因 A1VSSC 的克隆及与三氟氯氰菊酯抗性有关的 <i>kdr</i> 突变.....	甄丛爱 等 (55)
棉蚜实时荧光定量 PCR 内参基因的筛选.....	马康生 等 (56)
四氯虫酰胺对玉米螟的抗性风险.....	冯 聪 等 (57)
番茄黄化曲叶病毒对 Q 隐种烟粉虱耐药性的影响.....	张志春 等 (58)
定虫隆 (Chlorfluazuron) 对昆虫卵巢细胞和人体细胞的毒性机制研究.....	郗新明 等 (59)
氟啶脲对甜菜夜蛾的亚致死效应研究.....	张天澍 等 (60)

氟啶虫胺胍对灰飞虱的毒理评估及亚致死效应..... 徐 鹿 等 (61)

生物防治

人工扩繁伞裙追寄蝇的复壮研究..... 岳方正 等 (62)

我国不同支系日光蜂形态学差异..... 迟梦宇 等 (63)

甘蔗螟虫引进天敌古巴蝇的研究进展..... 覃振强 等 (64)

不同遗传支系日光蜂对苹果绵蚜的攻击能力和寻找效应..... 苏 敏 等 (65)

一种异色瓢虫幼虫橙红色突变体的遗传性状及生物学特性研究..... 孙元星 等 (66)

比较两种多寄主型寄生蜂在葡萄园及临近半自然植被中的分布..... 冯 毅 等 (67)

昆虫病原线虫的分离鉴定及生物学特性分析..... 张红玉 等 (68)

人工饲料对黄玛草蛉繁殖发育的影响..... 叶静文 等 (69)

温度对赤眼蜂体内共生菌 *Wolbachia* 含量的影响..... 陈 茜 等 (70)

冷藏温度和基质对拟长毛钝绥螨存活率的影响..... 董 杰 等 (71)

白僵菌发酵液对 3 种线虫生物活性的比较研究..... 路文雅 等 (72)

拟小食螨瓢虫成虫的猎物搜索行为..... 陈俊谕 等 (73)

高含量苏云金杆菌可湿性粉剂对茶尺蠖的田间防效测定..... 龙 同 等 (74)

昆虫细胞系的建立及其应用..... 颜 晓 等 (75)

对甜菜夜蛾高杀虫毒力的苏云金杆菌菌株的筛选及鉴定..... 张雅昆 等 (76)

Cry8Ea2 杀虫蛋白对华北大黑鳃金龟幼虫中肠微生物菌群影响的研究..... 王 伟 等 (77)

八角茴香提取物的 GC-MS 分析及其与黄绿绿僵菌对桃蚜的生物活性..... 李世广 等 (78)

不同球孢白僵菌菌株对星天牛幼虫的致病力研究..... 蔡守平等 (79)

对西花蓟马具有高效致病力的球孢白僵菌菌株筛选..... 张璐璐 等 (80)

球孢白僵菌对葱蚜高毒菌株筛选与制剂的研发..... 张 慧 等 (81)

红棕象甲幼虫致病细菌的分离鉴定..... 蒲宇辰 等 (82)

类酵母共生菌与褐飞虱致害性变异的关系..... 许益鹏 等 (83)

我国甜菜夜蛾核型多角体病毒研究新进展..... 邵天玉 等 (84)

不同营养源对伞裙追寄蝇寿命及繁殖力的影响..... 石 磊 等 (85)

应用昆虫病原线虫防治地下害虫..... 颜 珣 等 (86)

农业昆虫

桃蚜危害增加白菜营养水平以利于桃蚜生长繁殖..... 曹贺贺 等 (87)

环境因素对小菜蛾室内人工饲养的影响..... 罗艳梅 (88)

烟蚜取食感病烟草对后取食烟蚜的影响..... 史晓斌 等 (89)

杀虫基因在植物中瞬时高效表达体系建立..... 张 杰 等 (90)

辐照对竹制品中竹绿虎天牛幼虫的影响..... 林 伟 等 (91)

保定棉田主要害虫和天敌的发生规律及防控策略研究.....	毕美超 等 (92)
蓖麻粗提物对韭菜迟眼蕈蚊室内毒力评价.....	赵 鑫 等 (93)
柑桔大实蝇成虫群体生物、生态学特性与防控效应.....	冉 峰 等 (94)
桔小实蝇性成熟与未性成熟产卵器-性信息素腺体的比较转录组研究.....	张 鹤 等 (95)
泽兰实蝇幼虫肠道细菌群落的多样性.....	高 熹 等 (96)
劳氏粘虫各龄幼虫在 4 种寄主植物上的取食选择性.....	黄 芊 等 (97)
不同海拔环境对草原毛虫线粒体基因表达的影响.....	蒲 毅 等 (98)
绿翅绢野螟的羽化节律及生殖行为.....	张玉静 (99)
桉袋蛾蛹和成虫的雌雄形态鉴定.....	张媛媛 等 (100)
螺旋粉虱为害对四季豆产量的影响及其防治指标研究.....	潘 飞 等 (101)
灰同缘小叶蝉成虫对不同颜色趋性与扩散动态初步研究.....	秦文权 等 (102)
农业景观格局对果树节肢动物种群动态影响*.....	刘军和 等 (103)
超净绿色果品生产技术要求的探讨.....	陈汉杰 等 (104)
桉袋蛾生物学特性初步研究.....	罗 晶 等 (105)
黄曲条跳甲成虫、寄主植物挥发物成分及其活性研究.....	黄金萍 等 (106)
转 Bt 水稻种植与化学防治对稻田跳虫种群的影响.....	刘向辉 等 (107)
转 Bt 水稻种植与杀虫剂使用对稻田螨类群落的影响.....	刘向辉 等 (108)
不同麦长管蚜地理种群对缺水胁迫的响应比较.....	戴 鹏 等 (109)
不同寄主植物上麦长管蚜的适应性和专业化性分析.....	王 达 等 (110)
近零磁场影响下褐飞虱取食行为的 EPG 研究.....	江守林 等 (111)
防治枸杞蓟马的植物源药剂筛选及混用增效制剂研究.....	刘 畅 等 (112)
温室白粉虱人工饲养技术探索.....	范晓溪 等 (113)
新型药剂 18%卷螟杀 3 号防治稻纵卷叶螟的田间防效.....	龚朝辉 等 (114)
转换寄主证实二化螟存在水稻和茭白寄主种群.....	全为礼 等 (115)
长、短翅型褐飞虱蛋白质组的比较研究.....	梁梓强 等 (116)
白背飞虱二种翅型的形态观察和测量.....	梁士可 等 (117)

外来入侵生物

几种植物源提取物对马铃薯甲虫的触杀效果研究.....	张博宇 等 (118)
我国重要入侵害虫苹果蠹蛾的种群遗传多样性和入侵来源分析.....	段辛乐 等 (119)
我国甘蔗外来有害生物现状及对策.....	覃振强 等 (120)
豚草天敌昆虫的研究与利用概况.....	周忠实 等 (121)
生物防治为主的椰心叶甲持续治理技术研究与应用.....	彭正强 等 (122)
棉花粉蚨雌雄成虫的交配能力.....	王 超 等 (123)
基于 COI 基因分析入侵我国的红火蚁遗传多样性.....	黄奕雯 等 (124)

绿僵菌与 8 种红火蚁防控常用农药兼容性研究.....	王 磊 等 (125)
风力对棉花上棉花粉蚧短距离扩散的促进作用.....	韩 玮 等 (126)
低温条件下广聚萤叶甲成虫的耐饥力研究.....	齐国君 等 (127)
亚洲柑桔木虱遗传多样性和入侵历史研究: 基于线粒体基因和内共生菌.....	王妍晶 等 (128)
气候变化背景下外来植物入侵—昆虫的重要作用.....	卢新民 等 (129)
Si-CSP1 基因在红火蚁搬尸行为中的功能研究.....	程代凤 等 (130)
果实蝇对地中海实蝇的抵御性探讨.....	刘 慧 等 (131)
有害化学物质长期选择压力下虫生真菌的权衡策略.....	王 磊 等 (132)
药剂防治红火蚁对草坪节肢动物群落的影响.....	于 鑫 等 (133)
化学药剂防治红火蚁后在草坪上的残留动态.....	于 鑫 等 (134)
西花蓟马室内饲养及试验方法研究.....	班兰凤 等 (135)
美洲斑潜蝇性信息素结合相关蛋白的鉴定及其表达谱分析.....	张林雅 等 (136)
三叶斑潜蝇入侵十年来在我国的扩散.....	邢振龙 等 (137)
进境检疫性害虫无花果蜡蚧在上海的风险评估.....	韩阳阳 等 (138)
不同烟粉虱隐种传播中国番木瓜曲叶病毒的能力比较.....	郭 涛 等 (139)
中国境内 10 个烟粉虱隐种共生菌的多样性及体内分布.....	张 振 等 (140)
烟粉虱唾液腺在传播双生病毒中的作用.....	卫 静 等 (141)
利用 EPG 技术研究烟粉虱唾液蛋白调控植物防御反应的机理.....	徐红星 等 (142)
烟粉虱传播双生病毒的特性及分子机制.....	卫 静 等 (143)
烟粉虱基因表达分析网站.....	王羽君 等 (144)

林业昆虫

云南松切梢小蠹伴生菌主要种类初步研究.....	潘 悦 等 (145)
花都芙蓉嶂松褐天牛诱捕效果初报.....	钱明惠 等 (146)
黄脊竹蝗对不同挥发性物质的行为反应.....	张 威 等 (147)
橡胶树品种对东方真叶螨发育与繁殖的影响.....	张方平等 (148)
茶籽象危害对油茶果产量和茶油品质的影响*.....	李苗苗 等 (149)
柚木野螟生殖行为特征的初步探究.....	朱诚棋 等 (150)
广东省始兴县森林害虫种类及发生情况调查.....	李 晓 等 (151)
福建省油茶访花昆虫及其主要传粉昆虫大分舌蜂的传粉行为.....	何学友 等 (152)
八种危害油茶的新害虫.....	何学友 等 (153)
舒城县板栗主要虫害的发生与防治.....	叶明福 等 (154)
虫生广布拟盘多毛孢胞外酶对松突圆蚧的作用.....	吕成群 等 (155)
松突圆蚧酚氧化酶特性.....	吕成群 等 (156)

资源昆虫

- 蝇蛆作为鱼饲料添加剂对鱼类免疫的影响..... 毛宇翔 等 (157)
- 饲料中糖和蛋白的比例优化可提高家蝇成虫繁殖力..... 刘键柏 等 (158)
- “武陵山片区三叶虫茶开发研究中心”在湖南农业大学成立..... 文礼章 (159)
- 铜绿假单胞菌 PA01 分泌的弹性蛋白酶 B 对家蚕免疫系统的调控..... 马 力 等 (160)
- 比较分析不同产丝量家蚕的丝腺转录组..... 李 娟 等 (161)
- 家蚕对 AcMNPV 感染基因的定位分析..... 于焕君 等 (162)
- 铝对家蚕的毒性作用..... 潮梦凌 等 (163)
- 家蚕 dsRNase 在昆虫细胞中的表达可消化细胞中的核苷酸..... 刘吉升 等 (164)
- 蝴蝶的基因组测序及蝴蝶中 CRISPR/Cas9 技术的应用..... 李学燕 等 (165)
- 丁醚脲与苯丁锡二元复配剂的杀螨活性及家蚕急性毒性研究..... 杨振国 等 (166)
- 生物工程方法生产蜘蛛丝的研究进展..... 刘婷婷 等 (167)

蜚螨研究

- 三种害螨胁迫对富士苹果叶片细胞超微结构的影响..... 张坤鹏 等 (168)
- 朱砂叶螨甲氧菊酯抗性品系种群繁殖力增强的机制研究..... 刘 星 等 (169)
- 朱砂叶螨 TcGSTM7 基因介导的甲氧菊酯抗性研究..... 申光茂 等 (170)
- 朱砂叶螨发育过程中几丁质酶基因的表达特性研究..... 徐浩然 等 (171)
- 朱砂叶螨甲氧菊酯抗性相关 miRNA 筛选..... 张一超 等 (172)
- 朱砂叶螨 γ -氨基丁酸与阿维菌素毒力效应关系研究..... 刘炎超 等 (173)

- 征稿启事** 文礼章 (封三)

摇蚊科昆虫的 DNA 条形码初步研究

闫春财¹ 郭琴¹ 闫娇¹ 王新华²

1. 天津师范大学 a. 生命科学学院, b. 天津市动植物抗性重点实验室, 天津 300387;

2. 南开大学 生命科学学院, 天津 300071

摇蚊科隶属于昆虫纲双翅目, 广布于全球各大地理分布区。中国知网记录仅仅几篇, 主要涉及 DNA 条形码技术在摇蚊物种鉴定及系统发育分析上的应用; 2007~2014 年间, Springer、Wiley 和 Web of Science 关于摇蚊科昆虫 DNA 条形码的报道约 40 篇, 主要涉及摇蚊系统学、生物多样性、生活史、幼虫群落结构等。总体上国内摇蚊 DNA 条形码研究滞后。

作者近几年分析了摇蚊亚科哈摇蚊属群 (*Harnischia generic complex*) 892 个样本长度为 658 bp 的 COI 序列, 得到如下初步结论: COI 氨基酸序列可以用来作为摇蚊科昆虫种级鉴定的分子标记。序列特征分析结果显示 COI 基因 A+T 含量 (67%) 明显高于 C+G 含量 (33%), 表现出明显的碱基偏倚性。表达产生的氨基酸在组成上苯丙氨酸 (F) 使用量最高, 表达产生的氨基酸在组成上有一定的偏向性。针对形态变异较大的软铗小摇蚊 (*Microchironomus tener*) 开展了种内遗传距离分析, 结果表明虽然软铗小摇蚊在体色及肛尖等结构上种间差异较大, 但从分子水平上分析该种的遗传距离都在 2% 以内, 属于种内范畴 (3%)。针对形态学鉴定较困难的隐摇蚊属 (*Cryptochironomus*) 雄成虫开展了种间和种内遗传距离分析, 结果表明最大种间遗传距离为 15.6%, 最小种间遗传距离为 4.9%, 最小种内遗传距离为 0.07%, 最大种内遗传距离为 1.85%, 分子标记 COI 能很好的区分形态学相近种及近缘种。在全序列分析的基础上, 使用 MEGA5.0 软件构建了基于 Kimura-2-parameter 模型最大简约法 (MP) 和邻接法 (NJ) 的哈摇蚊属群间分子系统发育树, 两种构建方法结果都表明哈摇蚊属群为单系群, 给出了分子系统发育支序图。COI 氨基酸序列可以用来作为摇蚊科属级高级阶元系统发育研究的分子标记。作者也测定 23 种摇蚊亚科摇蚊线粒体 COI 基因部分序列, 并结合从 GenBank 下载的 25 种该亚科摇蚊同源序列进行分析, 进一步研究摇蚊亚科物种的分类和系统进化关系。构建的 NJ 和 MP 系统发育树表明: *Polypedilum generic complex* 中的 *Stictochironomus*、*Endochironomus*、*Phaenopsectra* 和 *Polypedilum* 聚在一支, 亲缘关系较近; *Stenochironomus* 单独聚为一支; *Tanytarsus generic complex* 中的大部分属的亲缘关系也较近; 哈摇蚊属群仅有部分属聚在一起, 均与基于形态学系统发育研究结果一致。

关键词: 摇蚊科, DNA 条形码, 线粒体基因, 物种鉴定, 系统发育分析

中国广义蚕蛾科昆虫分类及其多样性

王 星^{1,2} 王 敏³ Vadim V. Zolotuhin⁴ Toshiya Hirowatari⁵ 吴士纬⁶ 黄国华^{1,2}

1. 湖南农业大学植物病虫害生物学与防控湖南省重点实验室, 湖南长沙 410128; 2. 湖南农业大学植物保护学院, 湖南长沙 410128; 3. 华南农业大学农学院, 广东广州 510640; 4. Department of Zoology, State Pedagogical University of Ulyanovsk, pl. Lenina, RUS-432700, Ulyanovsk, Russia; 5. Entomological Laboratory, Faculty of Agriculture, Kyushu University, 6-10-1 Hakozaki, Fukuoka 812-8581, Japan;

6. 中央研究院生物多样性研究中心, 台湾台北 11529

本研究报道了中国广义蚕蛾科共77种, 隶属于3亚科25属, 占据全世界已记载种类的五分之一以上。创建了3个新属、发现了10个新种: 斑蚕蛾属*Valvaribifidum* Wang, X., Huang & Wang, M., 2011、圆翅蚕蛾属*Rotunda* Wang, X. & Zolotuhin, 2015、拟钩蚕蛾属*Comparmustilia* Wang, X. & Zolotuhin, 2015、华南斑蚕蛾*Valvaribifidum huananense* Wang, X., Huang & Wang, M., 2011、贡山茶蚕蛾*Andraca gongshanensis* Wang, X., Zeng & Wang, M., 2011、天平窗蚕蛾*Prismosticta tianpinga* Wang, X., Huang & Wang, M., 2011、艳齿翅蚕蛾*Oberthueria yandu* Zolotuhin & Wang, X., 2013、珈齿翅蚕蛾*Oberthueria jiatongae* Zolotuhin & Wang, X., 2013、伦齿翅蚕蛾*Oberthueria lunwan* Zolotuhin & Wang, X., 2013、戴氏赭蚕蛾*Triuncina daii* Wang, X. & Zolotuhin, 2015、雄氏赭蚕蛾*Triuncina xiongi* Wang, X. & Zolotuhin, 2015、柏氏颚蚕蛾*Gnathocinara boi* Wang, X. & Zolotuhin, 2015和雅江异钩蚕蛾*Promustilia yajiangensis* Wang, X. & Zolotuhin, 2015。报道了1个中国新纪录属6个中国新纪录种: 瑟蚕蛾属*Sesquiluna* Forbes, 1955、费氏灰白蚕蛾*Trilocha friedeli* Dierl, 1978、卡氏斑白蚕蛾*Bivincula kalikotei* Dierl, 1978、仏氏瑟蚕蛾*Sesquiluna forbesi* Zolotuhin & Witt, 2009、嘞如钩蚕蛾*Mustilizans lepusa* Zolotuhin, 2007、疤冬蚕蛾*Smerkata brechlini* (Zolotuhin, 2007)和咋钩蚕蛾*Mustilia castanea* Moore, 1879。新组合有: 圆翅蚕蛾*Rotunda rotundapex* (Miyata & Kishida, 1990), **comb. nov.**、闪赭蚕蛾*Triuncina nitida* (Chu & Wang, L.Y., 1993), **comb. nov.**、塞垂耳蚕蛾*Gunda sesostris* (Vuillot, 1893), **comb. nov.**、伏冬蚕蛾*Smerkata fusca* (Kishida, 1993), **comb. nov.**、赭拟钩蚕蛾*Comparmustilia sphingiformis* (Moore, 1879), **comb. nov.**、半灰拟钩蚕蛾*Comparmustilia semiravida* (Yang, 1995), **comb. nov.**、直缘拟钩蚕蛾*Comparmustilia gerontica* (West, 1932), **comb. nov.**。新级位有: 异钩蚕蛾属*Promustilia* Zolotuhin, 2007, **stat. nov.**和冬蚕蛾属*Smerkata* Zolotuhin, 2007, **stat. nov.**。同时, 给出了中国广义蚕蛾科昆虫名录及其成虫外部形态与生殖器图片和部分种类的幼期生态照, 进一步提供了分亚科、分属、分种的检索表以及各物种在中国的地理分布图。模式标本保存在湖南农业大学植物保护学院、华南农业大学农学院、Kyushu University Museum和Thomas J. Witt Entomological Museum, Germany。

关键词: 鳞翅目, 蚕蛾科, 新属, 新种, 新纪录, 形态学, 幼虫寄主植物, 地理分布, 中国

中国潜蛾科七新记录种记述*

武春生

中国科学院动物研究所, 动物进化与系统学院重点实验室, 北京 100101

在研究中国潜蛾科昆虫区系分类的过程中, 发现中国新纪录种 7 个, 描述了形态特征。现将名录及其寄主植物和地理分布报道如下。

(1) 桂樱潜蛾 *Lyonetia bakuchia* Kuroko, 1964

寄主植物: 大叶桂樱 *Prunus zippenliana*。

分布: 江西; 日本。

(2) 柃木潜蛾 *Lyonetia euryella* Kuroko, 1964

寄主植物: 柃木 *Eurya japonica*。

分布: 江西; 日本。

(3) 杨梅潜蛾 *Lyonetia myricella* Kuroko, 1964

寄主植物: 小花柏拉木 *Blastus pauciflorus*、杨梅 *Myrica rubra*。

分布: 江西; 日本。

(4) 苎麻潜蛾 *Lyonetia boehmeriella* Kuroko, 1964

寄主植物: 苎麻。

分布: 江西; 日本。

(5) 杜鹃潜蛾 *Lyonetia ledi* Wocke, 1859

寄主植物: 杜鹃 *Rhododendron* spp.、五角异杜鹃 *Menziesia pentantandra*、狭叶杜香 *Ledum palustre*、高杨梅 *Myrica gale*。

分布: 江西; 日本, 俄罗斯, 欧洲, 美国。

(6) 雅潜蛾 *Lyonetia yasudai* Kuroko, 1964

寄主植物: 灰背清风藤 *Sabia discolor*、刺叶樱 *Prunus spinulosa*、大叶桂樱 *P. zippeliana*、光叶石楠 *Photinia glabra*、尖栎 *Quercus acuta*。

分布: 江西; 日本。

(7) 旋花潜蛾 *Bedellia somnulentella* (Zeller, 1847)

寄主植物: 篙天剑 *Calystegia sepium*、田旋花 *Convolvulus arvensis*、番薯 *Ipomoea somnulenta*、甘薯 *I. batatas*。

分布: 浙江、北京; 乌兹别克斯坦, 土耳其, 欧洲, 日本, 北美, 澳大利亚, 新西兰。

关键词: 鳞翅目, 潜蛾科, 新记录种, 中国

*基金项目: 国家自然科学基金 (31172129)。

世界有害实蝇自动识别研究

陈小琳¹ 侯新文² 王江宁¹ 周力兵³ 汪兴鉴¹

1. 中国科学院动物研究所 动物进化与系统学院重点实验室, 北京 100101; 2. 中国科学院自动化研究所 模式识别国家重点实验室, 北京 100190; 3. 云南出入境检验检疫局, 云南昆明 675600

实蝇科 Tephritidae 是一类十分重要的经济类昆虫, 它的快速和准确鉴定一直是困惑国内外植检及农林等部门的难题。长期以来, 该科的自动识别研究在国内外均仅有少量学者涉及, 且未研发出任何可实际应用的系统。中科院动物所、自动化所和云南检疫局等单位合作进行实蝇科重要害虫自动识别系统的研发, 近年取得了较大进展。

其研究内容主要包括图像信息库建设、识别标准研制、核心识别模块构建和框架软件编程。前二者是研究核心和主体, 后者则集成研究结果, 与用户直接交互。实蝇固定姿态的部位识别, 采用手工裁剪各部位外接矩形, 归一化后提取特征, 分别进行训练和分类, 最终将不同部位分类结果融合建立原型系统。实蝇图像的整体识别, 采取无手工分割法, 提取兴趣点和局部特征, 结合空间位置关系, 以图像检索方式分类。图像信息库建设和物种识别标准, 采用实蝇比较形态、分类和图像特征分析法, 查明影响特征提取、匹配及基于内容检索的主要因子, 为算法筛选及分类器设计提供判定标准和指导意见。目前建立了高质量世界有害实蝇图像信息库和识别标准 6 属 75 种, 含果实蝇属 38 种、寡鬃实蝇属 10 种、小条实蝇属 10 种、按实蝇属 11 种、绕实蝇属 5 种和长尾实蝇属 1 种, 包括整体外部形态及关键外部分类特征。框架软件使用 VC++6.0 设计和编程, 包括“图像采集”、“图像预处理”、“识别”、“结果显示”及“文字检索与查询”五模块; 主要流程为: 添加图像→预处理→确定识别区域→自动识别→识别结果显示。应用系统为开放式构架, 可支持第三方模式识别工具开发, 对单个样本的识别一般在 90 s 以内, 前 8 正确识别率一般可达 95% 以上, 较有效兼顾了识别速度和准确性。经检测能一定程度上解决口岸实蝇检疫、监测及农林等部门部分有害实蝇的快速和准确鉴定问题, 适合在实际工作中使用。

关键词: 世界有害实蝇, 自动识别, 核心模块, 物种图像信息库建设与识别标准, 前 8 正确识别率 95%

突眼实蝇（双翅目：实蝇科）的系统学“身份”识别

——基于形态、生物学及分子证据

陈小琳^{1*} Allen Norrbom² Amnon Freidberg³ Douglas Chesters¹ Md Sajedul Islam⁴ 朱朝东^{1**}

1. 中国科学院动物研究所 动物进化与系统学院重点实验室, 北京 100101; 2. Systematic Entomology Laboratory, ARS, USDA, Washington, DC, USA; 3. Department of Zoology, The George S. Wise Faculty of Life Sciences, Tel Aviv University, Tel-Aviv 69978, Israel; 4. Department of Entomology, The Pennsylvania State University, University Park, PA 16802, USA

突眼实蝇(the stalk-eyed fruit flies)隶属于双翅目 Diptera 实蝇科 Tephritidae 狭腹实蝇族 Adramini, 复眼位于头部突起的细长眼柄上, 形态奇特; 下分 2 属, 突眼实蝇属 *Pelmatops* 和拟突眼实蝇属 *Pseudopelmatops*。其主要分布于我国的云南、四川、浙江和台湾等省区, 个别种亦分布于中国周边的印度、泰国和越南等境内。近年来较全面开展了其形态分类、地理分布、寄主植物、生物学及系统发育等整合系统学研究, 力图为全方位识别其系统学“身份”及深入探讨眼柄的起源和演化等奠定基础。

通过野外广泛采集、国内外标本借阅和馆藏标本检视, 相继发现 3 新种、2 国家新记录种、5 省新记录种和 1 新组合种, 其地理分布从东洋区延伸至古北-东洋过渡区; 首次描述复眼与头颈后突及雌雄外生殖器(分别与视觉、飞行及交配产卵等相关)的细微形态结构特征, 发现两属有明显不同, 提示其生活习性及其演化趋势可能不同。此外, 通过野外定点调查观察与笼养实验相结合的方法, 确认拟突眼实蝇属寄主为蔷薇科的盾叶莓 *Rubus peltatus*, 其中窄带拟突眼实蝇的产卵部位在夏季和秋季不同(夏季为寄主根茎表皮裂缝下, 秋季为透翅蛾幼虫在寄主茎上形成的“虫苞”及裂缝下)。并发现雌雄有长时间求偶互动及雄性有寻找合适产卵部位并长时间守候现象等。另一方面, 以突眼实蝇 2 属及其近缘 2 属 *Ichneumonosoma*、*Soita* 为内群, 开展基于 27 个外部形态特征和 28S rDNA 及线粒体 COI 基因序列的属间及种间系统发育关系探讨, 结果表明 4 属及突眼实蝇分支(*Pelmatops* + *Pseudopelmatops*)均为单系群, 且突眼实蝇分支与 *Soita* 属的亲缘关系更近。并综合形态、生物学及分子证据等, 推测突眼实蝇与其寄主植物及危害其上的透翅蛾科昆虫很可能形成复杂的“共演化”关系。

关键词: 突眼实蝇, 形态分类, 生物学, 系统发育, 整合系统学, 共演化

*E-mail: xlchen@ioz.ac.cn

**通讯作者, E-mail: zhucd@ioz.ac.cn

稻田生态系统节肢动物 DNA 条形码技术研究

王正亮* 李 超 方文渊 俞晓平**

中国计量学院生命科学学院, 浙江省生物计量及检验检疫技术重点实验室, 浙江杭州 310018

稻田节肢动物是稻田生态系统的重要生物类群, 对水稻的生长发育, 产量效益, 生态环境的变化等起着重要的影响和指示作用。对其种类快速准确的鉴定是探讨水稻害虫的发生发展, 进行害虫种群数量预测及优化控制工作的重要基础。DNA 条形码是通过一个标准化的短基因片段的序列变异来鉴定物种, 提供了可信息化的分类学标准和手段, 弥补了传统昆虫鉴别方法主要依赖于成虫形态鉴定的不足, 已广泛应用于农林昆虫等的物种分类鉴定及生物多样性研究领域。本研究采用吸虫, 盆拍, 陷阱和扫网等取样方法, 在浙江省主要水稻产区采集获得 3 600 余份节肢动物样品。依据形态鉴定, 其涵盖包括农业害虫, 中性昆虫和天敌在内种类共 2 纲, 12 目, 近 200 种。以线粒体基因 *COI*、*CytB*、*16S rRNA* 等为候选目标基因, 提取各样本基因组后, 以通用引物或优化设计后的引物进行 PCR 扩增, 测序及比对分析, 建立了一套“样品采集-鉴定保存-基因组提取-引物设计及优化-PCR 扩增测序-比对分析-构库”较为完整的 DNA 条形码检测流程。目前已得到条形码序列 1000 余条, 每种样本至少含 3 条条形码序列。以稻田蜘蛛的 *COI* 序列分析为例, 在不同分类水平下, 种内平均遗传距离均 10 倍小于种间遗传距离。据 K2P 模型计算, 肖蛸属蜘蛛属内各种之间平均遗传距离为 3.38%, 远远高于种内的平均遗传变异距离(0.21%)。研究结果表明 DNA 条形码技术可以作为稻田生态系统节肢动物物种鉴定的有效工具, 将在提高农业部门对稻田生态系统的监控能力, 掌握重要害虫的发生规律并做出有效的防治策略方面发挥重要作用。

关键词: DNA 条形码, 稻田生态系统, 节肢动物, 物种鉴定

*E-mail: 13a0902081@cjlu.edu.cn

**通讯作者

长翅目昆虫精子超微结构及其系统发育意义*

张贝贝** 花保祯***

西北农林科技大学昆虫博物馆, 陕西杨凌 712100

长翅目 Mecoptera 是全变态类昆虫中最古老的类群之一, 是唯一在幼虫期具有复眼的类群, 在昆虫纲系统发育中占有独特地位。虽然众多学者对长翅目进行了不同方面的研究, 但其系统发育地位仍存有争议。昆虫具有许多特征, 分类学家利用这些特征来构建系统发育, 研究生物的起源与演化, 探讨各类生物间的亲缘关系。而精子作为高度特化的生殖细胞, 形态多样、结构精细, 具有快速趋异进化的特性, 研究其超微结构可为昆虫系统发育分析提供可靠的特征依据。

本研究采用光学显微镜、荧光显微镜及透射电子显微镜技术, 对中国长翅目蝎蛉科 Panorpidae、蚊蝎蛉科 Bittacidae 和拟蝎蛉科 Panorpididae 昆虫精子进行超微结构的研究, 试图为长翅目的系统发育分析提供可靠的特征依据。

研究发现, 精巢小管中精子成束存在; 精子束呈弹簧状, 由 128 条精子组成。成熟精子细长、1000 μm 以上, 由头部、颈区和长鞭毛组成。头部较短, 由双层顶体复合体和细胞核组成。顶体复合体位于细胞核顶端, 长度很短, 只有 2 μm 左右, 分为外圈顶体层和中央的顶体本体。细胞核圆柱状, 长约 30 μm , 直径 0.5 μm 左右, 由致密的染色质组成, 具有两条延伸至颈区的纵向沟。颈区由中心粒及致密、筒状的中心粒侧体构成。鞭毛较长, 主要包括一条轴丝、两条线粒体衍生物、两个副体和两个副结构。鞭毛各组成部分呈螺旋状排列、长度不尽相同; 随长度的增加, 一条线粒体衍生物及其同侧的副体先消失, 另一条则随后消失, 轴丝最后也消失。

前人研究认为, 长翅目昆虫精子的轴丝结构为“9 + 2”型, 即 9 条双微管和 2 条中心微管。我们的研究发现, 拟蝎蛉科昆虫精子的轴丝结构为“9 + 9 + 2”型, 轴丝双微管的外围具有 9 条长度较短的副微管。“9 + 9 + 2”型轴丝的发现, 纠正了 Baccetti (1996) 提出的长翅目直接从双尾目演化而来的观点, 同时提出了长翅目其它科精子“9 + 2”型轴丝结构是由“9 + 9 + 2”型进化逆转而来的观点。

关键词: 长翅目, 精子, 轴丝, 副微管, 进化逆转

*基金项目: 国家自然科学基金 (31172125)。

**E-mail: zhangbeibei@nwfufu.edu.cn,

***通讯作者, E-mail: huabzh@nwfufu.edu.cn

长翅目幼虫形态多样性及其生态适应*

姜 碌 花保祯**

西北农林科技大学昆虫博物馆, 陕西杨凌 712100

长翅目 Mecoptera 是全变态昆虫最古老的类群之一, 因其幼虫头部具有一对复眼, 而被认为是研究全变态昆虫进化起源的关键类群。长翅目幼虫包括蛎型、蠋型、和蛴螬型, 食性涵盖肉食性、植食性、和腐食性, 生存环境遍及河流、土壤、以及苔藓表面, 在形态特征和生存方式上呈现出较为丰富的多样性。

我们通过连续 10 多年的野外观察和人工饲养, 获得了分布在中国的长翅目幼虫标本 36 种, 其中拟蝎蛉科 1 种, 蚊蝎蛉科 5 种, 蝎蛉科 30 种。通过观察和对比, 发现不同种类幼虫在形态特征, 取食方式, 以及生活习性等方面存在明显差异。

蚊蝎蛉科与蝎蛉科幼虫一直被认为是腐食性, 而拟蝎蛉科幼虫的食性迄今尚不完全明确。研究发现, 蚊蝎蛉科幼虫主要取食节肢动物尸体内部的软组织; 而蝎蛉科幼虫既取食软组织也取食坚硬的体壁。通过扫描电镜观察发现, 蚊蝎蛉科幼虫上颚臼齿内侧密布较长的刺列, 可用来过滤软组织中的固体残渣; 蝎蛉科幼虫臼齿内侧密布尖锐的臼齿, 可以用来研磨固体食物颗粒; 而拟蝎蛉科幼虫臼齿内侧光滑, 既没有密布的刺列, 也没有锋利的臼齿, 因此我们推断拟蝎蛉科幼虫很可能无法取食固体食物。

蚊蝎蛉科, 蝎蛉科, 与拟蝎蛉科幼虫均为土生, 然而这些幼虫的生活习性可进一步分为两类, 土表生活和土下生活, 与其相对应的形态特征也存在明显特化。扁蚊蝎蛉 *Bittacus planus* 幼虫主要生活在土表, 其幼虫体表密布有分支的毛突, 可以用来附着泥土作为隐蔽; 大双角蝎蛉 *Dicerapanorpa magna* 幼虫也生活在土表, 其背部体色加深为深棕色, 模拟土表的颜色作为隐蔽; 路氏新蝎蛉 *Neopanorpa lui* 幼虫主要生存在土下, 其体表刚毛极短, 头部具有明显凹陷的沟槽, 以便增大头壳机械强度, 适应地下掘土的生活方式; 而宽甸拟蝎蛉 *Panorpodes kuandianensis* 幼虫生活在土下, 静栖不好动, 其视觉器官完全退化, 运动器官高度退化, 然而机械传感器和味觉传感器相对发达 (刺型感器长, 锥形感器膨大)。同时, 这些幼虫的消化系统、运动器官、体表刚毛和体色等方面也存在着相应的特化。

我们以现有的 30 种蝎蛉科昆虫为材料, 提取了 46 个幼虫外部形态特征, 通过支序学分析, 发现蝎蛉科各类群幼虫具有大量的共有衍征, 支持了各属、种团的单系性, 为进一步建立基于幼虫形态特征的系统发育树提供重要依据。

关键词: 长翅目, 幼虫, 口器, 食性, 习性, 系统发育

*基金项目: 国家自然科学基金 (31172125, 31372186)。

**通讯作者, E-mail: huabzh@nwfufu.edu.cn

异蚤蝇属性二型 DNA 鉴别及系统发育研究*

王剑峰 黄莉娜 刘广纯**

沈阳大学生命科学与工程学院, 城市有害生物治理与生态安全辽宁省重点实验室, 辽宁沈阳 110044

异蚤蝇属 *Megaselia* 是双翅目 Diptera 蚤蝇科 Phoridae 中最大的类群, 体型较小, 具典型性二型现象, 超过 60% 为单性种类。在此基础上划分建立的属内阶元和分类系统存在较大争议, 因此面临物种鉴定、雌雄配对与系统发育重建的难题。本研究针对传统分类学研究的难点, 在其基础上应用 DNA 条形码技术解决了部分异蚤蝇属种类鉴定、雌雄配对难题, 并对系统发育关系进行初步探讨。

基于部分线粒体 COI 序列构建了部分异蚤蝇属昆虫的 DNA 数据库, 得出异蚤蝇属种内序列差异、种间序列差异标准。选取了异蚤蝇属以及外群共 132 个样品 (实验扩增得到 116 个样品, GenBank 下载 16 个样品), 包括异蚤蝇属昆虫 2 亚属 8 组 55 种 121 个样品 (22 种有 ≥ 2 样品, 18 种具雌雄二型样品), 外群选取栅蚤蝇等 4 属 11 个样品。结果表明异蚤蝇属内 228 对种内差异, 差异范围为 0.00%~4.88%, 7032 对种间序列差异, 差异范围为 3.36%~23.77%。异蚤蝇属的种内、种间序列差异相对其他类群偏大, 但性二型个体均能有效聚在一起, 表明 DNA 条形码技术解决蚤蝇问题的有效性。

形态与分子两方面结果支持异蚤蝇属的并系结果, 在 MP 树和 MrBayes 树中, 异蚤蝇属种类同栓蚤蝇属、栅蚤蝇属、伐蚤蝇属和栉胸蚤蝇属种类外群交叉在一起, 且属间序列差异的平均值为 15.03%, 范围为 10.92%~22.56%, 同异蚤蝇属内种间平均差异 (13.12%) 比较, 范围有一定的重叠。同时, 异蚤蝇属 8 组种类在 MP 树和 MrBayes 中相互混合在一起, 无明显按亚属、组聚为一支, 而存在形态差异的不同组个体却聚为一支, 说明异蚤蝇属内 8 组的形态分类特征并不稳定, 存在一定的交叉和重叠现象, 将其分为 8 组也并非系统发育关系的真实体现。进一步增加蚤蝇样品和不同 DNA 标记是今后有望解决异蚤蝇属系统发育问题的方向。

关键词: 蚤蝇科, 异蚤蝇属, DNA 条形码, 性二型, DNA 分类

*基金项目: 国家自然科学基金 (31201743; 31372245), 辽宁省教育厅项目 (L2013452)。

** 通讯作者, E-mail: liugc@syu.edu.cn

多尺度空间下害虫种群生态调控理论与应用*

赵紫华^{1,2**} 高峰¹ 贺达汉³ 戈峰^{2***}

1. 中国农业大学 农学与生物技术学院昆虫系, 北京 100193; 2. 中国科学院动物研究所 虫害鼠害综合治理研究国家重点实验室, 北京 100101; 3. 宁夏大学农学院, 宁夏银川 750021

不同尺度空间下农田生态系统具有不同的生境斑块组成结构, 尺度性也是生态系统的重要特征之一。过去大量的害虫综合治理研究都是基于特定的空间尺度, 田间尺度上种植模式和管理条件能够影响害虫及天敌的种群动态, 而且景观尺度上的作物-非作物的镶嵌体结构及演变过程也同样驱动着害虫-天敌系统的动态过程。因此害虫种群生态调控需要在多尺度空间下进行, 通过调节种植模式、管理技术、转基因技术、甚至改变农业景观格局的空间配置等方法, 切断害虫种群的生活史, 建立和恢复天敌种群, 从而最大程度提高农业生态系统自身的控害功能。尤其是田间尺度与景观尺度相结合的研究方法是将来生境管理研究的重要内容, 地上作物健康和地下土壤健康也是害虫生态调控的两个重要策略, 形成土壤-植物-害虫-天敌的综合研究系统, 近年来北美和欧洲对多尺度空间下害虫生态调控都做了大量工作。本文总结了多尺度空间下生态系统环境条件与天敌种群间的作用机制及假说, 包括田间尺度上主要通过轮作与间套作、覆盖作物、减免耕及有机种植等方式改善作物健康和土壤健康, 最终提高天敌种群和抑制害虫; 景观尺度上通过生境斑块的空间配置来改变植物资源的空间配置, 同样提高作物和土壤健康, 最终提高农业生态系统健康和可持续性。以期为深入地解析景观格局及复杂性对生物多样性的影响, 揭示农业景观变化对昆虫种间关系的作用机制, 在实践上为利用农田景观格局控制害虫种群发生提供新的途径与方法。

关键词: 斑块, 生境管理, 生物多样性, 生物防治, 生活史

*基金项目: 国家自然科学基金(31400349; 31101491)。

**E-mail: zhzhao@cau.edu.cn

***通讯作者, E-mail: gef@ioz.ac.cn

决定二化螟个体发育历期长短的关键生长阶段分析*

姚 静 罗光华 方继朝

江苏省农业科学院植物保护研究所，江苏南京 210014

二化螟是水稻上的重要害虫之一，其对水稻产生危害严重，重要原因之一是田间二化螟种群世代重叠严重，导致难以得到有效防控。认识二化螟世代重叠形成的原因，对于有效防控二化螟有重要帮助。本研究分别以室内连续传代饲养的第 16 代二化螟种群和田间新采集的于室内繁殖 1 代的二化螟种群作为试虫。在六孔板中，用人工饲料单头饲养二化螟试虫，观察二化螟各生长阶段的发育进度与发育历期。研究结果显示，二化螟个体在生长发育过程中，个体总生长发育历期的长短与个体化蛹时所处的龄期和末龄历期长短有很大关系。在群体中，存在 5 龄化蛹、6 龄化蛹、7 龄化蛹和 8 龄化蛹的个体，同时还存在一直不化蛹的个体。由此表明，二化螟个体化蛹时所处的龄期和个体从最后一次蜕皮至最终化蛹所经历的时长，这两个阶段是决定二化螟个体总发育历期长短的关键生长阶段。

关键词：二化螟，发育历期，化蛹龄期，关键阶段

*基金项目：现代农业产业技术体系建设专项资金（CARS-01-25）；国家自然科学基金青年基金（31201505）；江苏省农业科技自主创新资金（CX(13)5025）。

温度、土壤相对含水量及产卵时间对意大利蝗卵孵化的影响*

任金龙 赵莉** 宫安 孟克吉尔勒·索宁甫力 徐浩

新疆农业大学农学院, 新疆乌鲁木齐 830052

意大利蝗 *Calliptamus italicus* L.广泛分布于欧亚大陆和北非; 在我国主要分布于新疆北疆地区海拔 800~2 300 m 的荒漠、半荒漠草原, 为该草地的为害优势种。为明确环境因素(温度、土壤相对含水量)及产卵时间对意大利蝗卵孵化的影响, 于 2014 年 4~6 月间采用三因素完全随机区组设计, 系统研究温度(17℃, 22℃, 27℃, 32℃和 35℃)、土壤相对含水量(5%, 15%, 25%, 35%, 45%和 55%)及卵期(8 月上旬、中旬和下旬所产卵)对意大利蝗卵孵化率和历期的影响, 研究结果如下:

在恒温 17℃~37℃ 范围内, 意大利蝗卵孵化率以 27℃ 条件下最高(70.52%); 卵的发育历期随着温度的升高逐渐缩短, 温度(T_0)与卵历期(T)呈极显著负线性关系($T = -5.6128T_0 + 25.564$, $R^2 = 0.7932$)。在土壤相对含水量 5%-55% 范围内, 卵孵化率随土壤相对含水量的增加而升高, 当土壤相对含水量为 5%、15%、25%、35%、45%、55% 时, 卵孵化率分别为 13.42、43.51、67.96、75.51、80.71、82.71%; 卵的发育历期随土壤相对含水量的上升逐渐增加, 当土壤相对含水量为 5%、15%、25%、35%、45%、55% 时, 卵的发育历期分别为 7.19、9.13、9.10、9.48、8.64、8.82 d。在 8 月上旬、中旬、下旬雌成虫所产卵中, 其卵孵化率分别为 61.27、66.51、54.13%, 以 8 月中旬所产卵的孵化率显著最高($P < 0.05$)。根据埃塔平方值(η^2)大小判断因素的主次程度, 影响卵孵化率的因素由主到次分别为: 土壤相对含水量($\eta^2=0.766$)、温度($\eta^2=0.352$)、产卵时间($\eta^2=0.248$)、温度×土壤相对含水量($\eta^2=0.110$)、土壤相对含水量×产卵时间($\eta^2=0.106$)、温度×产卵时间($\eta^2=0.101$); 影响卵历期的因素由主到次分别为: 温度($\eta^2=1.000$)、产卵时间($\eta^2=0.920$)、土壤相对含水量($\eta^2=0.839$)、土壤相对含水量×产卵时间($\eta^2=0.826$)、温度×土壤相对含水量×产卵时间($\eta^2=0.747$)、温度×土壤相对含水量($\eta^2=0.643$)。

意大利蝗卵发育的适温范围为 22℃-32℃, 适宜土壤相对含水量范围为 35%-55%; 8 月中旬所产蝗卵的孵化率最高; 最适因素组合为恒温 27℃、土壤相对含水量 45%、8 月中旬所产卵; 影响意大利蝗卵孵化率和孵化历期的最主要因素分别为土壤相对含水量和温度。

关键词: 意大利蝗卵, 温度, 土壤相对含水量, 产卵时间, 孵化率

*基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(201003079)。

**通讯作者, E-mail: zlym57@sohu.com

CO₂ 浓度升高对西花蓟马及其本地近缘种花蓟马的影响

钱 蕾 桂富荣*

云南农业大学植物保护学院, 云南昆明 650201

人类活动的加剧(如矿物燃料的燃烧、森林的砍伐等)导致了温室气体排放增加,进而引起了全球气候变暖。CO₂是植物生存的基础,其浓度的增加不仅会影响植物的生长发育,还间接地影响植食性昆虫的生长发育与繁殖。西花蓟马是对蔬菜、花卉等多种农作物具有毁灭性危害的世界性入侵害虫,自2003年以来在北京、云南、浙江、山东等多地均有危害报道,其中云南省是西花蓟马发生的重灾区。前期调查发现,云南省的蓟马种类以西花蓟马和花蓟马为主,其中西花蓟马为外来入侵昆虫,花蓟马为其本地近缘种。近年来,笔者在CO₂浓度升高对西花蓟马及其本地近缘种花蓟马的影响方面开展了系统性研究。

利用人工气候箱模拟实验比较了400和800 μL/L CO₂浓度条件下西花蓟马和花蓟马的发育历期、存活率、繁殖力(平均产卵期、雌成虫寿命、产卵量和性比)及种群参数,结果表明:高CO₂浓度下两种蓟马的发育历期明显缩短;花蓟马的累积存活率下降了26.30%,而西花蓟马的累积存活率差异不显著;西花蓟马的单雌平均产卵量增加了4.17粒,而花蓟马的繁殖力低于对照。高CO₂浓度处理下西花蓟马种群的净生殖率(R_0)、内禀增长率(r_m)和周限增长率(λ)均显著增加,平均世代周期(T)、种群加倍时间(t)均明显缩短;花蓟马则相反,其种群的 R_0 、 r_m 和 λ 均显著降低, T 和 t 均明显长于对照。说明入侵种西花蓟马对未来高CO₂浓度大气环境的适应性强于本地种花蓟马。

昆虫对周围环境的变化极其敏感,环境胁迫会引起昆虫体内一系列的生理变化,并伴随着昆虫体内内源毒素的产生。昆虫解毒酶系的活性可以被各种外源、内源化合物诱导,迅速作出反应以适应环境的变化。利用人工气候箱测定西花蓟马和花蓟马成虫体内解毒酶和保护酶活性在高CO₂浓度环境中的生理代谢响应结果发现,两种蓟马的羧酸酯酶(CarE)、乙酰胆碱酯酶(AchE)、微粒体多功能氧化酶(MFO)、过氧化氢酶(CAT)和过氧化物酶(POD)活性均随着CO₂浓度的升高而增强。说明两种蓟马均能通过调节体内的酶活性来适应环境的变化,且西花蓟马适应环境的能力强于花蓟马。

研究结果不仅能为未来CO₂浓度升高环境下入侵害虫西花蓟马及本地种花蓟马的发生为害提出预警,还可以为预测全球气候变化条件下西花蓟马与本地蓟马的竞争取代关系及发生危害趋势奠定基础。

*通讯作者, E-mail: furonggui18@sina.com

梨小食心虫在梨果上的存活和种群增长情况*

王 怡¹ 孔维娜² 郭艳琼¹ 马瑞燕**

1 山西农业大学农学院, 山西太谷 030801; 2 山西省农业科学院植物保护研究所, 山西太原 030031

梨小食心虫 *Grapholita molesta* (Busck) 是一种世界性的蛀果类害虫, 通过幼虫蛀食嫩梢、果实和种子降低果树光合作用, 影响果实品质。其时空范围与寄主范围均分布广泛, 具有较强的适应能力。梨小食心虫主要为害蔷薇科仁果类和核果类果树。并且, 食物的多样性带来了梨小食心虫生活史的多样性。梨小食心虫具有转主为害特性。梨果为重要转主寄主, 不但在桃果收获后给梨小食心虫提供可食资源, 同时也给第二年越冬代奠定基础。为了研究梨果这一梨小食心虫越冬寄主对梨小食心虫越冬代的影响。我们选择酥梨为研究对象, 对其存活率、蛹重和种群增长情况进行测定。结果表明: 在梨果上卵的孵化率较高为 $0.94\% \pm 0.02\%$; 初孵幼虫的蛀果率也较高为 $0.89\% \pm 0.04\%$ 。但是老熟幼虫的脱果率较低, 只有 $0.31\% \pm 0.04\%$; 化蛹率也较高为 $0.87\% \pm 0.06\%$; 但是其羽化率较低, 只有 $0.61\% \pm 0.09\%$ 。通过对蛹重的测量来对梨小食心虫个体的生长情况进行评价, 发现梨果上的蛹重较重为 (0.0129 ± 0.00044) g。昆虫个体相对而言较为健康。结合最终的产卵量, 饲喂梨果的梨小食心虫产出的卵量也较多, 单雌产卵量为 (49.36 ± 7.52) 粒。运用生命表综合分析种群生长情况后, 发现用梨果饲喂的种群内禀增长率 r_m (0.0732 ± 0.0114) 和净生殖率 R_0 (9.2853 ± 2.8812) 较高。种群增长速度较快。综合分析, 我们可以推测, 梨小食心虫越冬代在梨果上的种群生长情况呈现更加明显的“优胜劣汰”。幼虫蛀入果实后生长健康的幼虫个体可以继续取食, 直至脱果, 而健康状况较差的幼虫个体则更容易淘汰死亡。羽化阶段会消耗昆虫个体的能量, 进入到羽化阶段后, 又有一部分会因能量不足而无法羽化淘汰死亡。成功羽化的这部分成虫, 不仅母代本身的生长状况良好, 而且还具有更高的后代产出, 更有利于子代的发展。这种更加明显的“优胜劣汰”在梨小食心虫越冬代显得尤为重要。可以帮助梨小食心虫度过对生长不利的秋冬季节, 保持种群的持续发展。

关键词: 梨小食心虫, 梨果, 越冬代, 生长情况

*基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(201103024)、山西省青年科技研究基金(2013021025-3)和山西省青年科技研究基金(2013021025-2)。

** 通讯作者, E-mail: maruiyan2004@163.com

转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻对稻田浮游动物

群落物种多样性的影响*

莫书银 孙丽川 刘文海 刘雨芳**

湖南科技大学生命科学学院, 湖南湘潭 411201

浮游动物主要包括微小水生昆虫、枝角类、桡足类、原生动物、轮虫等类群, 其个体小, 对环境水质变化敏感, 常是评价水质状况的重要指标。稻田浮游动物是稻田水生生态系统的重要组成部分, 也是转基因抗虫水稻的非靶标生物之一, 是安全评价的重要对象。为了解转基因抗虫水稻对稻田浮游动物群落的安全性, 本文以转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻“华恢 1 号”(HH1) 为试验材料, 以其非转基因亲本水稻“明恢 63”(MH63) 为对照, 以浮游动物为指示生物, 通过江西南昌和湖南湘潭两地连续 2 年的大田实验, 研究了转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻对稻田浮游动物群落物种多样性的影响。研究结果显示: 2012 年在南昌的 HH1 稻田生境中, 主要采到多刺裸腹蚤 *M. macrocopa* 等物种, 与 MH63 稻田生境比较, 两群落物种相似性系数为 0.9474。2012 年在湘潭的 HH1 稻田生境中, 主要采到多刺裸腹蚤等物种, 与 MH63 稻田生境比较, 两群落物种相似性系数为 0.8571。2013 年在南昌的 HH1 稻田中, 主要采到多刺裸腹蚤等物种, 与 MH63 稻田生境比较, 两群落物种相似性系数为 0.72; 2013 年在湘潭的 HH1 稻田中, 主要采到多刺裸腹蚤 *M. macrocopa*、肋形尖额蚤 *A. costata*、微型裸腹蚤 *M. micrura*、枝角类幼虫、方形网纹蚤 *C. quadrangula*、长额象鼻蚤 *B. longirostris*、矩形尖额蚤 *A. arectangula*、拟蚤属 *Daphniopsis* 1 种、直额弯尾蚤 *C. rectirostris*、镰角锐额蚤 *A. excsia*、桡足类幼虫、近亲尖额蚤 *A. affinis*、锯缘真剑水蚤 *E. serrulatus*、广布中剑水蚤 *M. leuckarti*、粗壮温剑水蚤 *Th. dybowskii*、羽摇蚊 *C. plumosus* 幼虫、真介虫 *Eucypris*、泥介虫 *Hyocypris*、荆棘匣壳虫 *C. aculeata*、蹄形腔轮虫 *L. unguolata*、剪形臀尾轮虫 *B. forficula*、线虫 *Nemata* 等物种, 与 MH63 稻田生境比较, 两群落物种相似性系数为 0.75。群落物种相似性指的是群落间或取样间物种组成的相似程度, 它是群落分析的一个重要基础。通过对群落的结构动态、群落的相似性比较进行群落相似性分析, 能较客观地反映不同群落间的相似程度。当相似性系数达到 50%~60%, 可以认为群落间的相似程度已经很高。2012 与 2013 年连续 2 年 2 地的研究结果为: 转 *Cry1Ab/Ac* 基因抗虫水稻 HH1 稻田浮游动物群落与其亲本非转基因稻 MH63 稻田浮游动物群落的相似性系数均等于或高于 72%。这说明转 *Cry1Ab/Ac* 基因抗虫水稻 HH1 与非转基因稻 MH63 稻田浮游动物群落物种组成多样性无显著影响。

关键词: 转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻, 浮游动物, 稻田, 安全评价

*基金项目: 国家转基因生物新品种培育重大专项(2012ZX08011002)。

**通讯作者, E-mail: yfliu2011@126.com

桃花挥发性物质对访花昆虫生态的化学响应*

杜秀娟^{1**} 刘永红² 毛东程³ 王泽娟³

1. 山西林业职业技术学院林学系, 山西太原 030009; 2. 山西林业职业技术学院园林系, 山西太原 030009;
3. 山西林业职业技术学院林学系环境监测与治理技术专业 6017 班, 山西太原 030009

2015 年 4 月 29 日 10:00~13:10 山西省太原市万柏林生态园海拔约 1 280 m 桃园内, 采用活体桃花枝进行动态顶空罩袋-密闭式循环式吸附捕集法采样, ATD-GC/MS(自动热脱附-气质联用)技术分析了这时期阳坡与阴坡桃花枝的挥发性物质成分。阳坡与阴坡样地均采集当日盛花期 2 棵样树, 每个样树上采集 2 个桃花枝, 1 个桃花枝位于桃树上坡端, 1 个桃花枝位于桃树下坡端, QC-1S 型大气采样仪采样每个桃花枝 10 min。挥发性物质种类采用单棵采样树 2 个采样桃花枝和。初步分析发现桃花枝挥发性物质成分较少, 相对百分含量低, 阳坡中, 样树 1 桃花挥发性物质可能是 12 种分别为甘醇、3-甲基丁酮、己醛、乙苯、二乙烯苯、庚酮、2-乙基-1-己醇、乙酰苯、3-乙基-甲基-庚烷、2-丁烷-1-庚醇十二烷、十四烷、十五烷, 样树 2 桃花挥发性物质可能是 7 种分别为己醛、2-乙基-1-己醇、十二烷、十二酮、十四烷、十五烷、十六烷; 阴坡中, 样树 1 桃花挥发性物质是 6 种可能为己醛、2-乙基-1-己醇、十二烷、十三烷、十四烷、十五烷, 样树 2 挥发性物质是 8 种可能为己醛、2-乙基-1-己醇、十二烷、十二酮、十三烷、十四烷、十五烷、十六烷。

昆虫通过桃花挥发性物质定向桃花, 为桃花传粉与授粉, 促进桃果结实。2015 年 4 月 25 拍照调查了阴坡与阳坡桃园中访花昆虫群落的物种组成、丰富度、多度与多样性, 5 点采样法设置样地, 单棵样树上调查 3 个桃花枝, 多度、丰富度与多样性指数均采用 3 个采样枝物种与个体数总和计算。访桃花昆虫膜翅目多, 中华蚁蜂 *Smigromyren chinensis* 与意大利蜜蜂 *Apis mellifera* 个体数较多。SPSS17.0 软件中 Pearson 相关性分析 4 月 29 日桃花挥发性物质与, 采集挥发物之前 4 月 25 日访桃花昆虫群落丰富度、多度、多样性相关性, 明确桃花挥发性物质对访桃花昆虫生态的化学响应, 结果表明, 阳坡桃花挥发性物质物种数与阴坡或阳坡访桃花昆虫群落丰富度、多度、多样性均显著正相关; 阴坡桃花挥发性物质种类与阴坡或阳坡访桃花昆虫群落的丰富度、多度、多样性均相显著负相关。

关键词: 桃花挥发性物质, 访花昆虫生态, 丰富度, 多度, 多样性, 化学响应

*基金项目: 山西林业职业技术学院科研教改项目 (201502)。

**通讯作者, 女, 博士, 讲师, 山东省鄄城人, 主要从事森林保护方面的教学与科学研究,

E-mail: dudragonfly@163.com

不同种植环境夏玉米田昆虫群落的特征及稳定性*

柴正群^{1**} 可胜杰² 黄吉² 马丽² 周玖璇² 陈国华^{2***} 李强^{2***}

1. 云南农业大学热带作物学院, 云南普洱 665000; 2. 云南农业大学植物保护学院, 昆明 650201)

【目的】 本研究旨在比较分析多样性种植环境夏玉米田和单一种植环境夏玉米田昆虫群落特征及影响群落的主要因子, 探讨玉米田农业多样性种植控制玉米害虫的生态机理。**【方法】** 采用目测法、扫网法、黄板诱集、黄盘诱集、糖醋液诱集和陷阱诱集 6 种方法对云南普洱不同种植环境夏玉米田昆虫群落进行系统调查。应用群落特征指数、主分量分析对不同种植环境夏玉米田昆虫群落特征、时间格局及影响群落的主要因子进行对比分析。**【结果】** 研究区夏玉米田昆虫(包括蜘蛛)共计 10 174 头, 隶属 15 目 100 科 261 种。单一种植环境夏玉米田昆虫(包括蜘蛛)共计 5 604 头, 隶属 13 目 84 科 168 种; 多样性种植环境夏玉米田昆虫(包括蜘蛛)共计 4 570 头, 隶属 15 目 87 科 209 种。与单一种植环境夏玉米田相比, 多样性种植环境夏玉米田昆虫群落物种数、多样性指数、均匀性指数、丰富度指数、天敌物种数及个体数均较高; 植食性昆虫个体数及其所占比例、优势集中性指数和优势度指数较低; 群落较稳定; 群落多样性、均匀性、丰富度等指数随时间变化波动较小。多样性种植环境夏玉米田, 影响昆虫群落的最主要因子为捕食性昆虫物种数、食叶昆虫物种数和个体数, 而单一种植环境夏玉米田, 影响昆虫群落的最主要因子为寄生性昆虫物种数、食叶昆虫物种数和个体数。**【结论】** 与单一种植环境夏玉米田相比, 多样性种植环境夏玉米田物种数、多样性指数、丰富度指数、天敌物种数及个体数均较高, 优势度指数较低; 昆虫群落物种分布较均匀, 群落更稳定, 说明多样化性种植环境能有效改善夏玉米田昆虫群落结构, 能维持群落内种间平衡和群落稳定性。

关键词: 种植环境, 玉米, 昆虫多样性, 群落特征

*基金项目: 国家自然科学基金(31360436); 云南省现代农业玉米产业体系项目。

** 第一作者, E-mail: chaizhengqun@163.com

*** 通讯作者, E-mail: chenghkm@126.com; liqiangkm@126.com

基于温度的小麦新发害虫白眉野草螟的种群统计特征*

迟宝杰^{1**} 梁晓辰¹ 张云慧² 程登发² 刘 勇^{1***}

1. 山东农业大学植物保护学院, 山东泰安 271018;

2. 中国农业科学院植物保护研究所植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100193

【目的】无论涉及经济与否, 了解昆虫详细的生活史及其如何对温度进行响应都是对其进行预测预报及有效控制的必要信息。白眉野草螟 *Agriphila aeneociliella* (Eversmann, 1844)是 2010 年在我国小麦上新发现的一种害虫。以幼虫为害早春小麦根茎基部, 使小麦生产遭受巨大损失。本研究旨在明确温度对其生长发育繁殖的影响, 对该害虫的预测预报和有效防控具有重要的指导意义。**【方法】**本文基于年龄阶段两性生命表理论, 对 18-27℃ 范围内, 不同温度条件下白眉野草螟的种群参数进行了统计分析, 明确了温度对白眉野草螟整个生长发育阶段及繁殖的影响, 并明确了其发育始点和有效积温。**【结果】**在 18-27℃ 范围内其由卵发育到成虫的时间在 18℃ 下最长, 需 147.26 d, 在 25℃ 下最短, 需 119.67 d; 18℃ 下成虫前期存活率最高, 达到 72.6%; 25℃ 下繁殖力最强, 单雌产卵量可达到 495.53 粒/天; 23 及 25℃ 条件下其内禀增长率、周限增长率最高, 世代周期最短; 幼虫有六或七个龄期, 且随温度升高经过 7 个龄期的幼虫所占百分比呈线性升高。**【结论】**白眉野草螟幼虫期最适生长发育温度为 23-25℃, 而成虫在 25℃ 条件下拥有最大的繁殖潜力。本研究为对白眉野草螟的田间种群动态变化的预测和监控及提高害虫综合治理策略提供了可靠的理论数据。

关键词: 白眉野草螟, 小麦, 温度, 生命表, 种群统计学

*基金项目: 国家国际科技合作项目 (2014DFG32270); 山东省农业重大应用技术创新课题 (2013)。

**E-mail: blchibaojie@126.com

***通讯作者, E-mail: liuyong@sdau.edu.cn

小菜蛾预测预警模型研究*

李振宇¹ Myron P. Zaluck² 胡珍娣¹ 尹飞¹ 陈焕瑜¹ 林庆胜¹ 冯夏¹

1. 广东省农业科学院植物保护研究所 广东省植物保护新技术重点实验室, 广州广东 510640; 2. 澳大利亚昆士兰大学生物科学学院, 布里斯班昆士兰 4072

小菜蛾 *Plutella xylostella* (L.) 属鳞翅目 (Lepidoptera) 菜蛾科 (Plutellidae), 是十字花科作物世界性大害虫。在我国南方珠江三角洲地区发生严重, 世代多, 农药使用频繁, 抗药性突出。目前, 对小菜蛾的防治仍以化学防治为主, 导致其对药剂的抗性水平越来越高, 对包括新型杀虫剂氯虫苯甲酰胺在内的90%以上的药剂产生了极高抗性, 已成为抗药性最严重的和最难防治的害虫之一。

小菜蛾种群发育受温度和降雨等环境因子影响。研究表明, 通过利用温度、降雨等环境因子在 DYMEX 模型中模拟小菜蛾种群动态, 应用环境因子建立小菜蛾种群动态预测预警模型是可行的, 同时说明温度和降雨是影响小菜蛾种群发生的重要因素, 而天敌和耕作制度对小菜蛾灾变规律亦有影响。基于温度和降雨两个重要非生物因子对种群发育的重要影响, 通过对温度、降雨对种群发育的影响研究, 应用多年监测的田间小菜蛾种群动态数据, 系统分析了种群动态与温度、降雨的相关性, 结果表明温度、降雨与小菜蛾种群动态高度相关, 并构建基于温度和降雨的 CLIMEX 模型对我国小菜蛾种群分布和种群动态进行了预测和拟合, 结果表明利用基于温度和降雨的 CLIMEX 模型仅能够对种群分布和发生进行初步预测。进一步通过 DYMEX 构建种群发育历期 (虫态和龄期) 模型, 分析耕作制度、天敌及气候因子对种群发育的影响, 揭示小菜蛾种群发育机制, 实现对小菜蛾种群的预测预警, 为实现小菜蛾种群中期预警奠定技术基础。

关键词: 小菜蛾, 种群发育, 预测预警

*基金项目: 广东省对外科技可合作项目 (2013B050800019)。

粮食生态控制关键技术与示范*

李文辉^{1**} 郑 妙¹ 张小松¹ 许 艇² 江列克³ 向 征³ 郭 超¹ 林亚珍¹
李 季² 刘志平² 肖治理⁴ 麦智华⁵ 刘剑锋² 卢志柏⁶

1. 广东省粮食科学研究所, 广东广州 510050 ; 2. 中国农业大学, 北京 10094; 3. 中央储备粮广东新沙港直属库, 广东东莞 523147; 4. 华南农业大学, 广东广州 510642; 5. 广东省粮油储运公司, 广东广州 510130; 6. 中央储备粮广东清远直属库, 广东清远 511515

近年来, 我国的粮食仓储行业在大力发展绿色储粮, 加强食品安全和环境保护, 逐步使用气调杀虫代替与减少化学药剂在储粮上的使用, 并向低温、气调、物理与生物综合防治的绿色储粮方向发展。储粮在害虫防治、绿色保鲜、减少人员身体伤害方面具有不可比拟的优势, 但是氧气控制浓度越低, 储粮成本就越高。粮食的储藏与监测是确保粮食安全的一个非常重要举措, 粮食安全是古今中外任何国家政府都必须予以高度重视的一件大事, 因而对粮食储藏管理和农药残留监测提出了新的要求。本文针对粮食储存过程中粮食损失严重、防治方法落后的现状, 项目研究的应用解决了目前化学防治方法造成所保管粮食农药残留及污染、害虫对其日益严重的抗药性问题, 改变害虫生态环境达到有效杀灭害虫。本试验通过建立模拟实验粮堆, 研究应用除氧杀虫技术, 0.6、0.8、1.0、1.2、1.8、2.0、3.0 g/kg 对谷蠹、米象、赤拟谷盗杀灭效果在 85% 以上, 缺氧情况下赤拟谷盗对氧气最敏感, 其次为谷蠹, 最差为米象, 所保管粮食中如有米象害虫时需除氧剂最多; 稻谷应用除氧剂 0.2、0.5、0.6、0.8、1.0、1.2、1.8、2.0、3.0、4.0、5.0 g/kg 对稻谷发芽率无显著影响。控氧技术安全可行, 绿色环保, 害虫杀灭率高, 不影响种子发芽率, 可保障粮食安全。

关键词: 生态储粮, 粮食害虫, 除氧剂, 粮食安全

*基金项目: 广东省科技项目 (2014B070706001, 2012B091100281)。

**作者简介: 李文辉, 男, 硕士, 教授级高工, 广东省粮食科学研究所研究室副主任。

玉米象在不同储粮中的实验种群生命表

张李香 范锦胜 郑旭

黑龙江大学农业资源与环境学院，黑龙江哈尔滨 150080

【目的】研究玉米象 *Sitophilus zeamais* Motschulsky 在 5 种储粮（糯玉米、普通玉米、小麦、高粱、薏米）中的发育与繁殖情况，通过组建玉米象在 5 种储粮中的实验种群生命表，以期揭示其种群数量动态的变化规律，为改进玉米象的预测预报方法和指导粮仓的害虫治理提供科学依据。**【方法】**在温度为 (27 ± 1) °C，相对湿度为 $70\%\pm 5\%$ 、24 h 全黑暗条件下，设置 5 个处理组，每处理组分别投放不同的储粮做为玉米象的食物。测定发育历期、羽化数量、产卵量、雌雄性比、寿命；从玉米象羽化之日起每 10 d 划分为一年龄间隔，参照昆虫种群生命表的制作方法，建立玉米象的实验种群生命表。**【结果】**玉米象在高粱、小麦上的发育历期短，分别为 37.33、36.94 d，在普通玉米上的发育历期最长，平均为 49.53 d。玉米象未成熟期的羽化率在高粱和小麦中较高，分别为 98.45%、97.43%，在普通玉米中的羽化率最低，平均为 75.58%。玉米象单头雌虫一生在高粱中的产卵量最高，平均为 49.20 粒；在普通玉米中的产卵最低，平均为 21.34 粒。5 种供试储粮中，玉米象在小麦、高粱中的种群内禀增长率 r_m 高（0.4607,0.4434），相应的平均世代周期 T 分别为 63.995 d、76.092 d，周限增长率 λ 分别为 1.585、1.557。**【结论】**玉米象种群在小麦和高粱中有较强的增长潜力。

关键词：玉米象，生命表，储粮

大猿叶虫滞育准备期与产卵前期间发育 和营养储备的差异分析

谈倩倩 冯 莲 刘 文 朱 莉 雷朝亮 王小平*

华中农业大学昆虫资源研究所, 昆虫资源利用与害虫可持续治理湖北省重点实验室, 湖北武汉 430070

昆虫滞育不是简单的生长发育停滞, 而是一个动态生理过程, 具体分为滞育的诱导、准备、启动、维持、解除和静止等阶段。昆虫在进入滞育前的准备阶段需储备足够的营养物质, 因此滞育准备期对于昆虫滞育至关重要。在许多昆虫中, 滞育和生殖个体在滞育准备期和产卵前期存在显著的发育与营养物质积累差异。然而, 差异分化的关键组织部位和时间点还不清楚。大猿叶虫 *Colaphellus bowringi* 是一种具兼性生殖滞育特性的十字花科蔬菜害虫, 滞育各生理阶段易于区分, 滞育准备期短。以采自江西省修水县的大猿叶虫修水种群 (29°1'N, 114°4'E) 为例, 在 25°C、LD16:8 条件下成虫羽化后的 4 d 取食阶段为滞育准备期, 随后入土滞育, 在 25°C、LD12:12 条件下成虫羽化后的 4 d 取食阶段则为产卵前期, 随后开始产卵。本研究以大猿叶虫修水种群为材料, 比较了 25°C 条件下的注定滞育个体和生殖个体雌成虫在滞育准备期和产卵前期的卵巢、脂肪体和脂肪体内脂滴的形态变化以及雌成虫虫体、卵巢、脂肪体和血淋巴内营养物质含量变化。研究表明, 滞育准备期的注定滞育个体在取食 3 d 后脂肪体增多, 其脂肪体干重显著高于生殖个体, 同时脂肪体脂滴数量显著增多; 而产卵前期的生殖个体在取食 3 d 后卵巢可见大量卵黄沉积, 卵巢膨大。在成虫羽化取食 2 d 后, 大猿叶虫滞育准备期的注定滞育个体储存了更多的甘油三酯于脂肪体, 产卵前期的生殖个体储存了更多的糖类和蛋白质于卵巢。大猿叶虫滞育和生殖个体在滞育准备期和产卵前期间发育与营养物质积累差异形成的关键组织部位和时间点分别是卵巢、脂肪体和成虫羽化后取食 2~3 d。本研究首次明确了昆虫滞育准备期与产卵前期间发育与营养储备动态变化差异以及差异形成的关键组织部位和时间节点, 并为进一步研究昆虫滞育与生殖间发育和营养物质积累的分子调控机制提供基础资料。

关键词: 脂肪体, 卵巢, 营养物质积累, 滞育, 生殖, 大猿叶虫

*通讯作者, E-mail: xpwang@mail.hzau.edu.cn

芦笋挥发物对芦笋木蠹蛾的电生理反应

刘志雄 刘红霞 张金桐

山西农业大学化学生态研究所, 山西太古 030801

为了探究芦笋挥发物对芦笋木蠹蛾的电生理反应, 2015年4月, 在山西省稷山县三交村, 选取长势良好的不同生长期的健康芦笋苗作为采集材料, 选取不同时间段经大气采样仪收集芦笋挥发物。收集完毕, 将收集有挥发物的吸附剂用二氯甲烷洗脱, 分离液体。经氮气浓缩液体后, 通过气相色谱仪检测, 挑选优质样品进行GC-MS分析, 最后, 根据色谱保留时间及谱库进行芦笋挥发物化学组分的初步鉴定。将初步筛选出的部分含量较多的标准化合物配成1、10、50、100 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ 的待测样, 对芦笋木蠹蛾的电生理反应进行测试。结果表明: 芦笋挥发物可能含有的化合物包括烷烃类、烯烃类、醇类、醛类、酯类等50多种。其中, 3年生芦笋的挥发物种类及含量明显大于一年生及二年生芦笋。收集时段接近芦笋木蠹蛾活动高峰时段5:00~7:00和19:00~22:00时, 挥发物种类及含量大于其他时段。醛类、烃类能引起芦笋木蠹蛾成虫强烈的电生理反应, 其中, 50 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ 的2-乙基-2-己烯醛、己醛对芦笋木蠹蛾雌蛾的电生理响应值大于其他醛类响应值, 50 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ 的对伞花烃对芦笋木蠹蛾雌蛾的电生理反应强烈。大多数标准化合物的浓度与芦笋木蠹蛾电生理反应值呈正相关。未交配的芦笋木蠹蛾2日龄雌虫的反应值明显大于2日龄雄虫的反应值。

关键词: 挥发物, 芦笋木蠹蛾, 电生理反应

RNA 干扰糖运输蛋白基因对褐飞虱生长和繁殖的影响*

戈林泉** 夏 婷 蒯 鹏 黄 博 丁 俊 王 恒 吴进才***

扬州大学园艺与植物保护学字, 江苏扬州 225009

褐飞虱 *Nilaparvata lugens* (Stål) (Hemiptera: Delphacidae)糖运输蛋白基因 6 (*Nlst6*)是一个促进葡萄糖/果糖运输的蛋白(通常称为被动载体)。褐飞虱 *Nlst6* 在中肠特异性表达,从褐飞虱中肠转运已糖类物质到血淋巴中。目前有关下调糖转运蛋白基因表达对昆虫生长、发育、繁殖的影响仍未报道。尽管如此,调节糖吸收的运输蛋白对取食韧皮部昆虫的生物而言是至关重要的,也是毫无疑问的。在这基础上,我们提出一个这样的假设,即沉默或下调一个褐飞虱糖运输蛋白基因的表达对褐飞虱将可能是有害的。为了验证我们的假设,我们研究了沉默褐飞虱 *Nlst6* 对褐飞虱生物学特性的影响。研究表明,下调 *Nlst6* 表达对褐飞虱产生了显著的影响。与对照组相比,显著延长了产卵前期,缩短了产卵期,降低了产卵数量和体重。敲除 *Nlst6* 也显著降低脂肪体和卵巢(特别是卵黄原蛋白)内的蛋白质含量,并且降低卵黄原蛋白基因的表达。与对照组相比,处理组的褐飞虱脂肪体内积累更少的葡萄糖。因此,我们推断 *Nlst6* 在褐飞虱的生长和繁殖方面起着重要的作用,也有可能成为控制韧皮部取食昆虫的一个新靶标基因。

关键词: 褐飞虱, 糖运输蛋白基因 6 (*Nlst6*), 生殖参数, 卵黄原蛋白基因(*Nlvg*), 葡萄糖

*基金项目: 国家自然科学基金(31201507)。

**戈林泉, 男, 博士学位, 扬州大学园艺与植物保护学院, 副教授, 从事昆虫分子生态与害虫综合治理研究, 联系电话: 0514-87979246, E-mail: lqge@yzu.edu.cn; lqge1027@163.com

***通讯作者, 联系电话: 0514-87979246; E-mail: jincaiwu1952@sina.com

华南地区针对性小菜蛾引诱剂研制与应用*

戴建青** 叶静文 李 军 陈大篙 韩诗畴***

广东省昆虫研究所, 广东省野生动物保护与利用公共实验室, 广东广州 510260

【目的】小菜蛾 *Plutella xylostella* L.属鳞翅目菜蛾科, 是为害十字花科蔬菜的世界性大害虫, 严重时害虫小菜蛾造成的产量损失可高达 30%以上。华南地区十字花科蔬菜长年种植, 小菜蛾全年发生, 世代多且重叠严重, 给蔬菜生产带来巨大损失。针对华南地区蔬菜重要害虫小菜蛾为害严重而又难以控制的现状, 研究推广适用于华南地区的区域针对性小菜蛾引诱剂, 使其在小菜蛾的生态治理技术体系中发挥重要作用。**【方法】**采用昆虫腺体提取技术、气谱-质谱仪联用分析技术, 分析华南地区小菜蛾的性信息素精确组分和比例, 利用橡胶塞为载体研制适用于华南地区的小菜蛾性信息素引诱剂, 并通过田间诱捕试验进行引诱剂的配方筛选和田间使用技术的研究。**【结论】**小菜蛾性信息素基本成分是顺-11-十六碳烯醛和顺-11-十六碳烯醇乙酸酯, 加入顺-11-十六碳烯醇具有增效作用; 田间引诱剂测报试验表明珠三角地区小菜蛾的发生从3月中下旬~5月中下旬的春季高峰和10~12月的秋季高峰两个发生高峰期, 气候因素(温度和降雨量)是影响其田间发生期和发生量的重要因素; 诱芯中加入微量顺-9-十四碳烯醇乙酸酯的诱集增效作用不明显, 而加入抗氧化剂 BHA 可明显提高小菜蛾雄蛾诱捕量; 诱捕器使用水盆式诱捕器诱集虫量要高于粘胶型诱捕器, 但后者田间使用方便; 几种诱芯在不同的蔬菜作物田对小菜蛾成虫的诱捕效果未达到明显差异。

关键词: 小菜蛾, 性信息素, 区域性引诱剂, 生态控制

*基金项目: 国家自然科学基金(31371932), 广东省科技计划项目(2012B031500022)。

**第一作者, E-mail: jqdai@gdei.gd.cn

***通讯作者, E-mail: hansc@gdei.gd.cn

小菜蛾气味结合蛋白 OBP2 基因的克隆、鉴定及表达模式*

程小娟^{1,2,3**} 郑丽双^{1,2,3} 覃江梅^{1,2,3} 蔡立君^{1,2,3***} 尤民生^{1,2,3***}

1. 福建农林大学应用生态研究所, 福建福州 350002; 2. 农业部闽台作物有害生物综合治理重点实验室, 福建福州 350002; 3. 闽台特色作物病虫生态防控协同创新中心, 福建福州 350002

【目的】小菜蛾 *Plutella xylostella* (L.) 是为害十字花科作物的世界性重要害虫, 因其已对目前使用的绝大部分农药产生了抗性, 亟需开辟有效的治理新途径。气味结合蛋白 (odorant binding proteins, OBPs) 在昆虫寄主定位、选择产卵地等行为中发挥重要作用, 解析小菜蛾 OBP 表达特性有助于阐明其嗅觉识别机制, 为实现有效治理小菜蛾提供理论依据。**【方法】**提取并反转录不同龄期、组织的小菜蛾 RNA, 克隆 *PxyLOBP2*, 构建原核表达载体 PET28a-OBP2, 在大肠杆菌 *Escherichia coli* BL21 (DE3) 中表达。采用荧光定量 PCR 的方法分析 *PxyLOBP2* 在不同龄期与组织中的表达模式, **【结果】**克隆得到了小菜蛾 OBP2 基因 (GenBank 登录号为 KT070562), 完整开放阅读框大小为 546 bp, 编码 182 个氨基酸, 具有气味结合蛋白典型的 6 个保守半胱氨酸结合位点。SDS-PAGE 结果显示成熟蛋白 22.24 kD, 等电点 5.69。荧光定量 PCR 结果表明, 在卵、1~4 龄幼虫、蛹、未交配成虫、交配后成虫等发育阶段中, *PxyLOBP2* 基因在雄虫中的表达量明显均高于雌虫; 在四龄中肠与头部, 雌、雄虫足, 雌、雄虫触角, 以及雌、雄虫头部等不同组织中, *PxyLOBP2* 基因在足的相对表达量最高。**【结论】***PxyLOBP2* 在雄虫与足中表达量最高, 推测其可能对小菜蛾寻找配偶与识别寄主有关, 具体的功能有待进一步研究。

关键词: 气味结合蛋白, 气味, 原核表达, 组织表达谱

*基金项目: 国家自然科学基金(31301666、31230061、31320103922)。

**作者简介: 程小娟, 女, 回族, 1991 年 10 月出生, 河南新乡人, 硕士, 从事昆虫分子生态学研究, E-mail: 770311844@qq.com

***通讯作者, 尤民生, E-mail: msyou@iae.fjau.edu.cn; 蔡立君, E-mail: cai-lijun@live.cn

瓜实蝇热激蛋白 *hsp90* 基因克隆及表达分析

姜建军¹ 王凤英¹ 黄立飞¹ 陈红松¹ 王伟力^{1,2} 杨 朗^{1*}

1. 广西农业科学院植物保护研究所/广西作物病虫害生物学重点实验室, 广西南宁 530007;

2. 广西大学农学院, 广西南宁 530005

【目的】昆虫在应对不利的环境条件(包括高温)时,通过热激蛋白的上调或下调表达保护虫体不受伤害,这在昆虫抗逆性中起到关键的作用。为了进一步研究瓜实蝇对极端环境温度的适应性机理奠定基础。**【方法】**根据 NCBI 数据库中已报道的昆虫 *hsp90* 氨基酸保守序列,设计合成扩增瓜实蝇 *hsp90* 基因部分片段的简并引物,并利用 RACE-PCR 技术扩增获其全长 cDNA 序列;采用实时定量 PCR 技术分析高温处理后瓜实蝇 *hsp90* 基因的表达。

【结果】扩增获得了瓜实蝇 *hsp90* 全长 cDNA 序列(GenBank 获取号: KP864677),该基因全长 2 316 bp,含 1 893 bp 的开放阅读框,编码 631 个氨基酸蛋白,具有 4 个 *hsp90* 基因家族基序标签,预测分子量为 72.3 kD,理论等电点 5.02。同时在 C-末端具有 MEEVD 基序,推测其属于胞质型热激蛋白。BLAST 分析表明瓜实蝇 *hsp90* 基因序列与双翅目实蝇科昆虫 *hsp90* 基因高度相似,最高相似度达 92%。氨基酸序列系统发育分析也显示瓜实蝇 *hsp90* 基因高度保守;40℃高温下分别处理雌、雄成虫 1、3 和 5 h 后,实时荧光定量 PCR 检测结果显示瓜实蝇成虫体内的 *hsp90* 基因相对表达量均显著高于对照组;在处理 1 h 后,雌雄虫体内 *hsp90* 的表达量均最高。**【结论】**瓜实蝇 *hsp90* 基因同双翅目昆虫 *hsp90* 基因家族相似性较高,序列表现为高度保守;瓜实蝇 *hsp90* 基因能被高温诱导表达,推测该基因在瓜实蝇耐热性过程中起着重要作用。

关键词: 瓜实蝇, 热激蛋白基因, *hsp90*, 表达

*通讯作者, E-mail: yang2001lang@163.com

不同地理种群大豆蚜线粒体基因 CO II、Cytb

序列变异与遗传分化*

李 冉** 韩岚岚 赵奎军***

东北农业大学农学院, 黑龙江哈尔滨 150030

【目的】大豆蚜 *Aphis glycines* 是大豆上的一种重要害虫并逐渐成为世界性害虫, 为掌握大豆蚜种群遗传结构, 揭示不同地理种群间的内在联系, 拟通过线粒体 DNA 的 CO II 和 Cytb 基因序列分析方法对大豆蚜的遗传多样性和遗传结构进行研究。**【方法】**测定了我国分布的 14 个地理种群的大豆蚜线粒体基因 (GenBank 登录号: KC840675.1) 的部分序列细胞色素氧化酶 C 亚基 II (CO II)、细胞色素 b (Cytb) 基因序列, 分析了不同地理种群间的大豆蚜的遗传多样性、序列变异和遗传分化。**【结果】**大豆蚜地理种群间的 CO II、Cytb 序列同源性高达 99%~100%, 显示出比较小的遗传差异。序列对准后从 CO II 供试序列中鉴定出 9 个变异位点和 7 个单倍型, 其中 4 种是共享单倍型, Cytb 序列中鉴定出 48 个变异位点和 12 个单倍型, 其中 8 种是共享单倍型。系统发育分析结果表明种群间已经按地理位置未形成了一定的地理格局, AMOVA 分析显示大豆蚜不同地理种群无明显的遗传分化, 基因流水平较高。中性检验结果不显著 (Tajima's D (CO II) = -0.9309, $P > 0.10$; Tajima's D (Cytb) = -2.738, $P > 0.10$)。**【结论】**综合分析, 我们认为中国地区大豆蚜在较近的历史时期内没有出现种群扩张现象。各地理种群间的遗传分化可能与差异巨大的生态条件无明显关联, 并未按照地理位置形成一定地理格局。大豆蚜不同地理种群的遗传多样性不高, 各种群的遗传距离与地理距离之间无显著线性相关性, 各种群间的基因交流并未受到地理距离的影响。研究结果为大豆蚜的种群遗传学和生态学研究提供了一个基本的分子生物学线索。

关键词: 大豆蚜, 线粒体 CO II, Cytb, 地理种群, 遗传分化

*基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-04); 公益性行业(农业)专项基金(201103002)。

**作者简介: 李冉, 女, 1989 年 5 月生, 山东省人, 硕士研究生, 研究方向为昆虫生态学,

E-mail: lirannl@126.com

***通讯作者, E-mail: kjzhao@163.com

美国白蛾几丁质脱乙酰酶 2a (HcCDA2a) 的 克隆表达与酶活测定

闫晓平¹ 王 伟¹ 张雅昆¹ 郭 巍^{1,2*} 赵 丹¹ 陆秀君¹ 郜玉杰¹ 赵坤莉¹

1. 河北农业大学植物保护学院/生命科学学院, 河北保定 071000;

2. 北京农学院植物科学技术学院, 北京 102206

利用 RACE-PCR 方法, 扩增得到编码美国白蛾 *Hyphantria cunea* Drury 几丁质脱乙酰酶基因 *HcCDA2a*。将该基因分别在大肠杆菌 BL21 和昆虫细胞 BTI-Tn-5B1-4 (HighFive) 中表达。经诱导表达后, Western blot 分析表明 HcCDA2a 在大肠杆菌中成功表达 61.4 kDa 的蛋白, 符合预期大小; 在昆虫细胞 BTI-Tn-5B1-4 (HighFive) 中成功表达目的蛋白。利用昆虫细胞成功表达具有酶活力的重组 HcCDA2a 蛋白, 对其酶学性质进行研究, 结果表明: 在酶液中添加不同浓度的金属离子, Mg^{2+} 、 Ca^{2+} 、 Zn^{2+} 、 Mn^{2+} 对酶促反应有抑制作用, 并随着浓度增大抑制作用越强; Co^{2+} 在低浓度下对酶促反应有激活作用, 但随着浓度增大, 呈现出较强的抑制作用; Fe^{2+} 对酶促反应有激活作用, 随着浓度增大, 激活作用越强。由于 pH 可以改变酶的构象, 引起酶分子中活性部位的结构发生变化, 所以在过酸或过碱的条件下, 酶活力会快速丧失。酶活力结果表明, 当 pH 值为 8.0 时, 酶活力最高。

关键词: 美国白蛾, 几丁质脱乙酰酶, 表达, 几丁质脱乙酰酶活性

*通讯作者

亲免疫基因在昆虫免疫抑制反应中的研究*

李明** 田航宇 刘紫燕 邢文溪 罗开珺***

云南大学生命科学学院, 云南省高校动物遗传多样性和进化重点实验室, 云南昆明 650091

亲免疫素是高度保守、广泛分布的多功能蛋白家族, 目前已发现几十种蛋白家族成员, 亲环素蛋白家族的共同特征是其核心结构域中具有肽脯氨酰顺/反异构酶 (peptidylprolyl-cis-trans isomerase, PPIase) 活性, 其多样性由核心结构域侧面的N端和C端的氨基酸序列差异引起。在亲免疫素蛋白家族中, 分布最广泛的是亲免疫素A (cyclophilin A, CypA), 其表现出多方面的生物学活性, 参与了蛋白折叠、免疫抑制、细胞凋亡、炎症反应和病毒感染等功能活动。目前, 其作为环孢霉素 (cyclosporin, CsA) 在胞内的受体, 对亲免疫素的研究主要集中在人体和植物中, 在昆虫中亲免疫素的研究还很少。

在双斑侧沟茧蜂寄生斜纹夜蛾幼虫的过程中, 我们通过斜纹夜蛾幼虫血细胞的转录组测序发现, 亲免疫素A在寄生前后都有高丰度的表达, 而亲免疫素D在寄生后的表达显著上升, 那么这两个亲免疫素基因是否参与了茧蜂病毒抑制寄主免疫反应的过程中呢? 根据在人体中的研究成果及它们在结构和功能上的保守性来推测, 两者很可能参与了昆虫的免疫反应。对此, 我们根据转录组测序所获得的相关序列, 设计特异引物, 成功克隆到了四个亲免疫素基因, 分别是CypA、CypD、CypE和Cyp10, 并分别构建了真核表达载体Spli-PIZT/V5-CypA、Spli-PIZT/V5-CypD和Spli-PIZT/V5-Cyp10。目前主要对CypA和CypD展开研究, 研究结果显示, 亲免疫素A蛋白主要分布于细胞质和分泌到细胞外, 存在于培养基上清液中, 可能与AIF有相互作用; 而CypD主要存在于Spli221细胞的线粒体中, 可能通过线粒体途径参与了血细胞的凋亡。对于CypA和CypD在昆虫细胞中的这些生物学活性, 还需要进一步的研究来证实。

关键词: 亲免疫素, 免疫抑制, CypA, CypD

*基金项目: 国家自然科学基金 (31360454, 31560528; 31260448, 31471823), 云南省应用基础研究计划 (2012FB120)。

**第一作者, E-mail: leeming@ynu.edu.cn

***通讯作者, E-mail: kaijun_luo@ynu.edu.cn

FoF1 ATPase β 亚基定位于斜纹夜蛾细胞表面且增加了细胞的通透性*

刘懋彤** 李明** 寇田超** 于东帅 庞尊玉 杨洋 罗开珺***

云南大学生命科学学院, 云南省高校动物遗传多样性和进化重点实验室, 云南昆明 650091

FoF1 ATPase β 亚基是组成 ATPase 的必须亚基, 在哺乳动物中, FoF1ATPase β 亚基定位于细胞膜表面且有很重要的调控作用—调节高密度脂蛋白 (high density lipoprotein) 的内吞, 同时内吞作用参与了昆虫细胞免疫的应答, 具体来说参与了吞噬细胞呈递抗原的过程。然而, 关于 FoF1ATPase β 亚基在昆虫免疫应答方面的作用我们了解的并不是很多。以斜纹夜蛾作为模式生物, 通过 qRT-PCR 和 Westren blotting 我们发现 FoF1 ATPase β 亚基并非双斑侧沟茧蜂病毒 *Microplitis bicoloratus* bracovirus (MbBV) 调控的目标基因, 实验结果表明在斜纹夜蛾 *Spodoptera litura* 被寄生蜂寄生后的血淋巴中或是斜纹夜蛾细胞系 Spli221 在被 MbBV 感染后 FoF1 ATPase β 亚基在 mRNA 水平和蛋白水平上都没有未显示出显著性的变化。通过免疫荧光实验发现 FoF1 ATPase β 亚基有分布在斜纹夜蛾血淋巴以及 Spli221 细胞膜上, 为了进一步验证 FoF1 ATPase β 亚基定位在细胞膜上是否有功能性上的作用, 构建了 pIZT-V5/His- FoF1 ATPase β 真核表达载体, 发现通过载体表达的 FoF1ATPase β -V5/His 融合蛋白可以定位于细胞膜上, 为了进一步验证在细胞膜上定位的融合蛋白的功能性, 设计了 Dye uptake 实验发现且发现在过表达 FoF1ATPase β 亚基的情况下, 细胞膜的通透性有显著性的增加, 这意味着 FoF1 ATPase β 亚基定位于细胞膜上时可能参与了细胞的免疫应答反应。

关键词: FoF1 ATPase β , 寄生蜂, MbBV, 通透性, 细胞免疫

*基金项目: 国家自然科学基金 (31060251; 31260448; 31471823); 云南省应用基础研究计划重点项目 (2013FA003)。

**第一作者, E-mail: orderscience@aliyun.com

***通讯作者, E-mail: kaijun_luo@ynu.edu.cn

CypD 调控 MPTP 参与昆虫免疫抑制反应的研究*

刘紫艳** 田航宇 陈亚斌 刘越彤 李明***

云南大学生命科学学院, 云南省高校动物遗传多样性和进化重点实验室, 云南昆明 650091

亲环素 D(Cyclophilin D, CypD)是定位于线粒体膜上的亲免疫素家族成员, 与腺嘌呤核苷酸转位蛋白 (ANT)、电压依赖性阴离子通道 (VDAC)、ATP 合酶 (F_1F_0 -ATPase) 等多个组件组成线粒体通透性转换孔道 (MPTP)。有研究指出 CypD 能参与调节 MPTP 的开放来调控细胞的凋亡。在自然状态下 MPTP 允许分子质量 < 1500 的物质通过, 但在凋亡信号刺激下, MPTP 完全开放, 直径约 3.0 nm, 相对分子质量 > 1500 的物质可自由通过。

本实验室对被双斑侧沟茧蜂 *Microplitis bicoloratus* 寄生后的斜纹夜蛾 *Prodenia litura* 幼虫血细胞进行转录组测序发现, CypD 表达水平显著上升。为了进一步验证 CypD 在寄生后斜纹夜蛾幼虫血细胞中的表达情况, 我们通过 QRT-PCR 法检测了寄生 1-7d 后的斜纹夜蛾幼虫血淋巴中 CypD 的转录情况, 结果表明 CypD 的转录水平明显上升。之后通过提取寄生 4-7d 后的斜纹夜蛾幼虫血淋巴的蛋白进行 Western Blot 检测, 结果显示 CypD 的蛋白水平有明显变化。据此我们推测 CypD 可能参与了茧蜂病毒对斜纹夜蛾幼虫的免疫抑制反应。为了进一步验证此观点, 我们从斜纹夜蛾幼虫血细胞中克隆了 CypD 基因, 构建了真核表达载体 Spli-PIZT/V5-CypD, 并转染到 *Spli221* 细胞中进行过表达。通过 Western Blot, 免疫荧光和线粒体分离等方法进行检测, 结果显示转染载体 Spli-PIZT/V5-CypD 成功进行了表达, 主要分布在细胞质中的线粒体内。有研究表明, CypD 与 F_0F_1 -ATPase 的结合能调控 MPTP 开放, 导致线粒体中的凋亡诱导分子如细胞色素 c、AIF、内切核酸酶 G 等被释放, 从而导致细胞发生凋亡。因此, 下一步我们将通过检测 CypD 与 F_0F_1 -ATPase β 亚基是否存在相互作用, 在茧蜂病毒感染 *Spli221* 细胞的条件下, CypD 是否通过线粒体途径参与了细胞凋亡的诱导, 来进一步探讨 CypD 参与茧蜂病毒对斜纹夜蛾幼虫的免疫抑制反应。

关键词: 亲环素 D, 茧蜂病毒, 线粒体通透性转换孔道, 细胞凋亡, 免疫抑制

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31360454; 31560528; 31060251); 云南省应用基础研究计划重点项目 (2012FB120; 2013FA003)。

**第一作者, E-mail: 919154976@qq.com

***通讯作者, E-mail: leeming@ynu.edu.cn

棉铃虫羧酸酯酶 CarE001C 原核表达及酶活分析*

李永强** 鲁梅 韩晓晓 曹立杰 马志卿 张兴

西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100

【目的】棉铃虫是许多农作物的一种主要害虫, 其对有机磷、拟除虫菊酯类杀虫剂已产生较严重的抗药性。棉铃虫体内的 CarE001C 基因编码一种非特异性羧酸酯酶, 前期利用真核表达系统研究表明其表达产物对杀虫剂具有代谢活性。但真核表达系统具有成本高、试验操作复杂的缺点, 本研究旨在利用原核表达系统表达该基因、分离纯化目的蛋白, 研究表达产物对杀虫剂的代谢活性。【方法】利用双酶切和 T4 DNA 连接酶将 CarE001C 与表达载体 pET30a 连接, 转化表达菌株 *E.coli* BL21(DE3) 后在低温(18℃)条件下通过异丙基硫代 β -D 半乳糖苷(IPTG)诱导酯酶表达, 利用 N^{+} -NTA 柱对原核表达产物进行纯化, 通过 SDS-PAGE 和 Western blot 检测目的蛋白, 最后采用酶标仪测定其对 α -乙酸萘酯(α -NA)的酶活, 通过高效液相色谱(HPLC)仪测定其对 β -氯氰菊酯的代谢活性。【结果】经 0.2 mM IPTG 诱导表达 48 h 后, SDS-PAGE 电泳分析在 66 kD 大小位置, 出现一条特异性蛋白质条带, Western Blot 验证表明该条带即目标蛋白条带; 活性测定表明纯化的表达产物对 α -乙酸萘酯具有较高活性, 最大反应速率(V_{max})为 67.72 nM/min、酶促反应亲和系数(K_m)为 144.53 μ M/L、酶促反应常数(k_{cat})和速率常数(k_{cat}/k_m)分别为 0.5154 min^{-1} 、0.0037 $\mu\text{M}^{-1}\cdot\text{min}^{-1}\cdot\text{L}$; 其对 β -氯氰菊酯代谢活性别为 0.608 nM/min/mg。【结论】上述试验结果表明, 羧酸酯酶 CarE001C 在原核系统表达后, 获得具有一定生物活性的表达产物, 其对杀虫剂有代谢活性, 这为深入研究羧酸酯酶在棉铃虫对菊酯类杀虫剂代谢抗性产生中的作用及分子机制奠定了一定基础。

关键词: 羧酸酯酶, β -氯氰菊酯, 原核表达, 代谢活性

*基金项目: 国家基金项目(31201517)。

**通讯作者, E-mail: yongqiangli@nwsuaf.edu.cn

高温胁迫下瓜实蝇的内参基因筛选*

周世豪^{1**} 李 磊² 龚 治² 符悦冠^{2***}

1. 海南大学环境与植物保护学院, 海南海口 570228;

2. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南海口 571101

为筛选出瓜实蝇雌成虫在高温胁迫下在实时荧光定量 PCR 中表达稳定的内参基因。本文基于实时荧光定量 PCR 技术测定了瓜实蝇雌成虫 GAPDH、SD、 β -TUB、ACT 和 RPL13 共 5 个备选内参基因在 3 个不同温度处理 25°C (ck)、37°C 和 45°C 下处理 1h 的 mRNA 水平表达情况, 并借助 Bestkeeper、Normfinder 和 GeNorm 3 种程序分析 5 个备选内参基因表达的稳定性。筛选得出 BestKeeper: SD 值排序 SD (0.06) = GAPDH (0.06) < RPL13 (0.11) < β -TUB (0.15) < ACT (0.23); Normfinder: 稳定值排序 SD (0.004) = RPL13 (0.004) < GAPDH (0.005) < β -TUB (0.006) < ACT (0.010); GeNorm: M 值排序 SD (0.011) = RPL13 (0.011) = GAPDH (0.011) < β -TUB (0.012) < ACT (0.016)。综合以上分析结果, 选定 SD 和 RPL13 为最稳定的内参基因。本文结果可为深度开展高温胁迫下瓜实蝇其它基因的表达情况研究提供参照。

关键词: 高温胁迫, 瓜实蝇, 内参基因

*基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(201103026)、中央级公益性科研院所基本科研业务费专项基金(2014hzs1j003)、2014年海南省研究生创新科研课题(Hyb2014-07)、海南大学研究生优秀学位论文培育计划第二批基金项目、2015年海南大学研究生实践创新项目。

**第一作者简介: 周世豪, 男, 1986年生, 博士研究生, 研究方向: 高温胁迫下瓜实蝇的响应机制。

Tel: 0898-66969384; E-mail: zsh88200939@126.com

***通讯作者, 符悦冠, 男, 1963年生, 研究员, 研究方向: 害虫综合治理。Tel: 0898-66969384;

E-mail: fycatas@163.com

螺旋粉虱热激蛋白 70 和 90 (HSP70, 90)

基因 cDNA 全长克隆及序列分析

牛黎明 马光昌 韩冬银 符悦冠

中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南海口 571101

【目的】热激蛋白 (HSP) 是生物体应对高温或其它环境胁迫时所产生的的一类特定的应急蛋白, 其表达和调控是生物体对内外环境胁迫条件产生应激反应达到自我保护的重要基础, 在不同的热激蛋白家族中, HSP70 和 90 是研究最广泛的 2 类。螺旋粉虱 *Aleurodicus dispersus* 是一种可以危害果树、蔬菜和园林植物等的重要入侵性害虫。前期的生物生态学研究表明螺旋粉虱对高温有较强的耐受能力, 而对低温的耐受能力则较弱。为进一步明确螺旋粉虱对温度胁迫适应性的分子机制, 本研究克隆获得了螺旋粉虱 HSP70 和 90 基因 cDNA 全长序列。**【方法】**利用 NCBI 数据库中已有的烟粉虱、温室白粉虱等昆虫的 HSP70 和 90 基因保守区域, 设计合成扩增螺旋粉虱 HSP70 和 90 基因中间和两端片段的简并引物, 并利用 RACE 技术扩增其 5' 与 3' 端片段, 最终得到螺旋粉虱 HSP70 和 90 基因 cDNA 全长序列。**【结果】**螺旋粉虱 HSP70 基因 cDNA 全长序列为 2436 bp, 含 1956 bp 的开放阅读框, 编码 652 个氨基酸, 具有真核生物 HSP70 基因家族的 3 个明显基序标签, 同时在 C-末端具有 EEVD 基序。螺旋粉虱 HSP90 基因 cDNA 全长序列为 2782 bp, 含 2166 bp 的开放阅读框, 编码 722 个氨基酸, 具有真核生物 HSP90 基因家族的签名序列, 同时在 C-末端具有 EEVD 保守氨基酸序列。序列比对和系统发育分析表明螺旋粉虱 HSP70 和 90 基因与烟粉虱、温室白粉虱等同翅目昆虫的序列相似度很高, 最高可达 91%。**【结论】**HSP70 和 90 基因的克隆和比较分析对于下一步深入研究螺旋粉虱的抗逆机理和温度耐受性等具有重要意义。

关键词: 螺旋粉虱, 热激蛋白, cDNA, RACE

大豆蚜 *hsp70* 和 *hsc70* 基因 mRNA 在热 和吡虫啉胁迫下的表达差异*

韩岚岚** 朱明贺 董天宇 赵奎军***

东北农业大学农学院, 黑龙江哈尔滨 150030

【目的】为了研究大豆蚜 *Aphis glycines* 在高温或吡虫啉的胁迫下, 参与应激自我保护的热休克蛋白(HSPs)中的 *hsp70* 和 *hsc70* 在转录表达上的差异, 进而寻找自我保护应激反应中的薄弱环节, 为大豆蚜的生物防治提供理论基础。【方法】采用同源克隆、RACE 技术和实时荧光定量 PCR 等方法研究不同热激时间和热激后不同恢复时间及不同吡虫啉浓度对大豆蚜 4 龄若虫 *hsp70* 和 *hsc70* 的表达差异。【结果】37℃热激后, 大豆蚜 4 龄若虫中 *hsp70* 表达量先上调, 1 h 时升至对照组的 10.36 倍 ($P < 0.05$), 然后逐渐下降。同样热激后恢复时间的长短对大豆蚜若虫中 *hsp70* 的表达具有显著影响。热激处理后, 大豆蚜若虫中 *hsp70* 立即大量表达, 表达量为对照组的 8.78 倍 ($P < 0.05$), 随后表达量下降至对照组水平, 而 *hsc70* 的表达量并没有显著变化 ($P > 0.05$)。大豆蚜若虫受吡虫啉的胁迫时, 其 *hsp70* 和 *hsc70* 的表达量受吡虫啉的浓度及胁迫的时间的影响, 呈现先升高后下降的趋势, 具有明显的短期效应。【结论】吡虫啉诱导大豆蚜 *hsp70* 和 *hsc70* 表达量的上调; 而热胁迫对 *hsp70* 和 *hsc70* mRNA 具有不同的表达模式, 高温可以诱导 *hsp70* 的表达, 但对 *hsc70* 没有明显的诱导作用。

关键词: 大豆蚜, 热休克蛋白, 吡虫啉, 热激, mRNA 表达

*基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(201103002); 国家级大学生创新训练项目; 黑龙江省博士后基金 (IBH-Z09261)。

**作者简介: 韩岚岚, 女, 1970 年 9 月生, 黑龙江人, 副教授, 研究方向为昆虫生理生化与分子生物学,
E-mail: hanll_neau@aliyun.com

***通讯作者, E-mail: kjzhao@163.com

棉铃虫围食膜蛋白与 Bt 抗性的关系*

李怡萍¹ 刘晨曦² 吴孔明² 郭予元^{1,2} 仵均祥^{1**} 梁革梅^{2**}

1. 西北农林科技大学植物保护学院, 应用昆虫学重点实验室, 陕西杨凌 712100;

2. 中国农业科学院植物保护研究所, 植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100193

【目的】昆虫围食膜是昆虫抵御随食物摄入的病原微生物入侵的第一道天然保护性屏障,近年来对围食膜蛋白的分离与鉴定及其与昆虫对病原微生物产生抗性的关系等方面的研究已成为学者们普遍关注的新热点。本研究以室内筛选的Cry1Ac抗性和敏感棉铃虫围食膜为材料,探讨棉铃虫围食膜蛋白与Bt抗性的关系。**【方法】**运用Western blot、ELISA、荧光免疫定位及荧光原位杂交技术比较了氨肽酶(APN)和碱性磷酸酯酶(ALP)两种Bt受体蛋白在抗、感品系围食膜中的差异。**【结果】**Western blot试验发现在抗、感品系棉铃虫的围食膜上都有氨肽酶(APN)和碱性磷酸酯酶(ALP)两种受体蛋白,且敏感品系棉铃虫中蛋白含量大于抗性品系。ELISA检测发现敏感品系APN和ALP与围食膜蛋白的结合度均大于抗性品系。采用荧光免疫定位技术,首次对APN和ALP两种受体蛋白在围食膜上进行了定位,而且发现敏感品系荧光强于抗性品系。通过荧光原位杂交技术对这两种受体的mRNA在中肠组织中的表达量分析也证明敏感品系棉铃虫受体蛋白表达量大于抗性品系。**【结论】**棉铃虫Cry1Ac抗性和敏感品系围食膜上存在APN和ALP两种Bt受体蛋白,且与Bt抗性密切相关。

关键词: 棉铃虫, 围食膜蛋白, 氨肽酶(APN), 碱性磷酸酯酶, Bt 抗性

*基金项目: 国家自然科学基金(31071693, 31272345), 植物病虫害生物学国家重点实验室开放基金(SK2009OP07)。

**通讯作者 E-mail: junxw@nwsuaf.edu.cn, gmliang@ippcaas.cn

桃蛀螟性信息素结合蛋白 *Cpun-PBP1* 的克隆、表达及其 与配体化合物的结合特性分析*

贾小俭¹ 杜艳丽^{1**} 张民照¹ 覃晓春¹ 王海香² 冀卫荣²

1. 北京农学院植物科学技术学院, 北京 102206; 2. 山西农业大学林学院, 山西太谷 030801

【目的】为了更好地了解性信息素结合蛋白 (pheromone binding proteins, PBPs) 在桃蛀螟 *Conogethes punctiferalis* (Guenée) 嗅觉识别过程中的作用, 明确其与配体化合物的结合特性。**【方法】**本研究利用 RT-PCR 结合 RACE 方法克隆了桃蛀螟一个性信息素结合蛋白基因; 采用 real-time PCR 方法分析了该蛋白在桃蛀螟不同发育阶段及雌雄蛾间的表达差异; 利用荧光竞争结合实验对 *Cpun-PBP1* 蛋白与 16 种配基化合物的结合特性进行了分析。**【结果】**克隆了一个桃蛀螟性信息素结合蛋白基因, 命名为 *Cpun-PBP1* (GenBank 登录号: KP027486)。*Cpun-PBP1* 开放阅读框全长 510 bp, 编码 169 个氨基酸, 预测分子量为 19.12 kDa, 等电点为 5.09, N-末端包括由起始位置开始的 30 个氨基酸组成的信号肽。蛋白特征分析显示, 该氨基酸序列具有昆虫气味结合蛋白的典型特征, 即含有 6 个保守的半胱氨酸残基。*Cpun-PBP1* 在桃蛀螟成虫阶段表达量最高, 且几乎全部在触角中表达, 卵期微量表达, 幼虫期和蛹期均不表达。通过构建 *Cpun-PBP1* 原核表达载体, 诱导并获得 *Cpun-PBP1* 重组蛋白。荧光竞争结合实验对 2 种性信息素组分和 14 种寄主植物挥发物的结合力发现, *Cpun-PBP1* 不但能有效地与桃蛀螟性信息素组分 (顺-10-十六碳烯醛和十六醛) 结合, 结合常数分别为 7.32 和 9.39 $\mu\text{mol/L}$; 还能与 8 种寄主植物挥发物有效结合; 其中, 与茨烯的结合能力最强, 结合常数为 3.76 $\mu\text{mol/L}$ 。**【结论】**推测 *Cpun-PBP1* 在桃蛀螟感受性信息素和寄主植物挥发物的过程中发挥着双重作用。

关键词: 桃蛀螟, 性信息素结合蛋白, 基因克隆, 表达谱分析, 原核表达, 荧光竞争结合

*基金项目: 北京市教育委员会科技计划项目 (KZ20120020019)。

**通讯作者, E-mail: yanlidu@126.com

CYP4G15 参与豌豆蚜碳氢化合物合成调控的研究

陈楠¹ 樊永亮¹ 李向东² 刘同先^{1*}

1 西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100; 2 中国科学院动物研究所, 北京 100101

为研究细胞色素 P450 基因在豌豆蚜脂类代谢中的作用, 采用同源比对的方法从 NCBI 中 BLAST 到一条豌豆蚜 P450 基因 cDNA 序列 (登录号为 XM_001944170.3), 根据其结构特征被命名为 *cyp4g15*。Cyp4g15 基因开放阅读框全长 1701bp, 编码 566 个氨基酸, 氨基酸序列分析显示其含有 CYP4G 亚家族特有的保守特征基序。时空表达分析表明: *cyp4g15* 在豌豆蚜孤雌成虫各组织中表达存在差异, 以外表皮中表达量最高; 胚胎及各龄期均有高丰度表达。不同地理种群 3 龄若虫经干燥胁迫后 *cyp4g15* 表达量上调, 提示该基因参与豌豆蚜抗旱生理的调控。人工饲喂和显微注射靶标基因特异的 dsRNA 均能有效抑制该基因的转录水平, 且对 3 龄若虫和成虫进行 2 次注射能显著提升干扰效率, 延长对靶标基因表达的抑制效果。人工饲料饲养的 3 龄若蚜体内 *cyp4g15* 基因表达量上调, 同时其体表碳氢化合物也明显增多, *cyp4g15* 基因表达被干扰后的豌豆蚜表皮或体内碳氢化合物含量显著下降, 结果表明 *cyp4g15* 基因通过参与豌豆蚜碳氢化合物合成调控途径从而降低豌豆蚜体表过多的水分损耗。

关键词: 豌豆蚜, RNA 干扰, 细胞色素 P450, 碳氢化合物

*通讯作者

梨小食心虫气味结合蛋白 *GmolOBPs* 的克隆表达、 免疫定位及结合特性研究*

李广伟** 仵均祥***

西北农林科技大学 植物保护学院, 植保资源与害虫治理教育部重点实验室 陕西杨凌 712100

【目的】通过克隆、表达梨小食心虫气味结合蛋白基因, 研究其与性信息素及寄主植物挥发性气味分子的结合特性, 结合触角电生理试验, 明确梨小食心虫识别、感受化学信息物质的分子机制, 为揭示该虫随季节性寄主转移危害习性提供理论依据。**【方法】**在进行梨小食心虫触角转录组测序的基础上, 对高丰度表达的 5 个气味结合蛋白基因进行异源原核表达, 通过 His 标签亲和层析柱对融合蛋白进行纯化。利用全量荧光免疫组化技术明确气味结合蛋白在触角感器中的分布, 再通过荧光竞争结合试验研究 5 个气味结合蛋白的结合特性。最后, 利用电生理技术对气味结合蛋白与配体的结合能力与配体引起触角电位反应的对应关系进行了研究。**【结果】**梨小食心虫触角气味结合蛋白主要分布在毛形感器中, 毛形感器是感受性信息素、寄主植物挥发性气味物质的重要感觉器。GmolGOBP1、GmolGOBP2、GmolOBP8、GmolOBP11 和 GmolOBP15 分别对性信息素组分 Z8-12:Ac、12:OH、E8-12:Ac、Z8-12:OH 和 12:OH 的结合能力最强, 其结合常数分别为 2.26、3.07、2.18、3.05 和 3.74 $\mu\text{mol/L}$ 。除与性信息素结合外, GmolGOBP2 对桃、梨寄主植物挥发性气味物质的结合能力很弱, 表明 GmolGOBP2 主要参性信息素的识别、运输。相比 GmolGOBP2, GmolGOBP1、GmolOBP8、GmolOBP11 和 GmolOBP15 有广泛的结合谱, 对寄主植物桃、梨挥发的烃类、醇类、酯类、醛类物质有不同程度的结合能力, 表明这些气味结合蛋白在识别、运输信息素及寄主植物挥发物方面发挥着双重作用。性信息素组分 Z8-12:Ac、E8-12:Ac、Z8-12:OH 能够引起强烈的触角电位反应, 且雄虫明显强于雌虫。寄主植物挥发物己酸丁酯、己醛、庚醛、癸醛不仅与气味结合蛋白的结合能力较强, 而且能引起强烈的电生理反应。**【结论】**气味结合蛋白在感受、识别性信息素和寄主植物挥发物中起着气味“过滤筛”的作用。气味结合蛋白不仅能识别、运输寄主植物挥发性气味物质, 而且也能识别性信息素组分。

关键词: 梨小食心虫, 气味结合蛋白, 嗅觉, 寄主植物挥发物, 结合能力

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31272043); 国家公益性行业 (农业) 科研专项 (201103024)。

**第一作者, E-mail: xbbjb2010@sina.com

***通讯作者, E-mail: junxw@nwsuaf.edu.cn

RACE 方法获得华北大黑鳃金龟几丁质脱乙酰基酶

HOCD A5 全长及其表达载体的构建

郜玉杰¹ 郭 巍²

1. 河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071001; 2. 北京农学院植物科学技术学院, 北京 102206

【目的】华北大黑鳃金龟既定之脱乙酰基酶 5 属于第 3 类, 据报道只有几丁质结合区一个结构域, 本实验想通过 RACE 方法获得其全长, 并与载体链接, 研究其功能。**【方法】**通过对几种鞘翅目昆虫几丁质脱乙酰基酶基因序列比对, 找出相似性较高的区域设计引物, 以华北大黑鳃金龟(*Holotrichia oblita* Fald)的 cDNA 为模板, 进行 PCR 扩增, 获得 774 bp 的片段, 采用 RACE 技术从华北大黑鳃金龟总 RNA 中克隆出 HoCDA5 基因的 3' 及 5' 末端片断, 并根据测序结果, 设计基因全长引物获得了 HoCDA5 基因全长。**【结果】**结果表明, 该基因全长 1 259 bp, 含开放阅读框 1 140 bp, 编码 406 个氨基酸; 与华北暗黑鳃金龟的氨基酸序列相比, 同源性高达 96%。将 HOCD A5 基因定向插入 pET28a 质粒中构建成原核表达载体, 重组质粒转化大肠杆菌 BL21 感受态细胞。同时将 HoCDA5 基因定向插入 pFastBac1 质粒中构建成真核表达载体, 重组质粒大肠杆菌 DH10Bac 感受态细胞。

关键词: 几丁质脱乙酰基酶, 华北大黑鳃金龟, RACE, 原核表达载体, 真核表达载体

基于线粒体 COI 基因的桔小实蝇岛屿种群与大陆种群遗传差异的研究

易春燕 郑春艳 曾 玲 许益鏊*

华南农业大学昆虫生态研究室, 广东广州 510642

【目的】为了比较桔小实蝇 (*Bactrocera dorsalis*) 岛屿种群与大陆种群的遗传多样性的差异, 进一步判断天然地理屏障的海域对桔小实蝇扩散的影响。**【方法】**本研究通过测序获得来自中国大陆与周边海岛等地 18 个地理种群的 337 头桔小实蝇个体的 COI 序列(759 bp, 约占 COI 基因全长 50%), 并以软件 DnaSP 5.0, MEGA 6.05 和 Arlequin 3.51 等完成各种群的遗传多样性、种群间的遗传分化以及单倍型分析。**【结果】**本实验所测的 337 条桔小实蝇 COI 序列总共观测到 163 个单倍型, 其中共享单倍型 38 个, 单倍型网络图总体呈现星状分布, 表明桔小实蝇经历过种群扩张过程。18 个桔小实蝇种群总体表现出较高水平的核苷酸多样性(0.00706) 和高水平的单倍型多样性(0.9674±0.0055)。以 F-统计法度量种群间遗传分化程度, 结果显示岛屿种群与内陆种群遗传分化较弱, 引起种群总体变异的主要因素还是种群内的个体间变异。**【结论】**岛屿种群与内陆种群之间存在一定程度的遗传分化, 但分化的程度较低, 海域作为天然的地理屏障影响岛屿桔小实蝇种群扩散的作用并不显著, 这可能是由于内陆和其他岛屿桔小实蝇种群的多重入侵增加了基因流。

关键词: 桔小实蝇, 线粒体基因, 种群遗传结构, 地理隔离

*通讯作者, E-mail: xuyijuan@scau.edu.cn

宿主 NSF 蛋白在杆状病毒入侵和核膜出芽 释放过程中的作用

郭亚 岳琦 于乾龙 刘同先 李朝飞*

西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100

在真核细胞中, 脂质双层膜融合是细胞膜结构之间物质与信息交流、胞内囊泡转运的必需过程。研究表明, 可溶性 *N*-乙基马来酰亚胺敏感因子结合蛋白受体(soluble *N*-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein receptor, SNARE)负责介导真核细胞内囊泡与靶细胞器膜的融合。此外, SNARE 系统也参与一些囊膜病毒的侵染过程。最近的研究发现, 宿主 SNARE 系统关键调节蛋白 NSF (*N*-ethylmaleimide-sensitive factor) 存在于苜蓿银纹夜蛾核多角体病毒 (*Autographa californica* multiple nucleopolyhedrovirus, AcMNPV) 的出芽型病毒粒子 (Budded virions, BV) 中。研究表明, NSF 属于 AAA (ATPase-associated with various cellular activities) 类 ATP 酶, 具有水解和循环利用 SNARE 复合体的功能。为了明确 NSF 在 AcMNPV 侵染中的作用, 我们克隆了草地贪夜蛾 (*Spodoptera frugiperda*) NSF 基因, 构建了该基因的显性-负性 (Dominant-negative) 突变体。研究发现, 在宿主细胞中瞬时过量表达 NSF 显性-负性突变体显著影响 AcMNPV 的入侵 (Entry) 和出芽释放 (Egress)。激光共聚焦和实时定量 PCR 结果表明, 少量荧光标记的病毒粒子虽能进入宿主细胞, 但却被阻断在细胞质内, 不能有效进入细胞核复制。通过利用病毒基因组 DNA 转染宿主细胞表达 NSF 显性-负性突变体, 可以避免 NSF 突变体对病毒入侵的影响。研究发现, AcMNPV 不能产生感染性的病毒粒子。激光共聚焦和电镜观察结果显示新生性病毒粒子被束缚在细胞核内或核膜周围的巨大囊泡内。进一步研究发现, NSF 与 AcMNPV 出芽型病毒粒子产生密切相关的病毒关键基因 Ac76、Ac78、Ac80 (GP41)、Ac93 和 Ac103 等存在不同程度的相互作用。推测 AcMNPV 入侵与出芽释放过程中依赖于宿主 SNARE 膜融合系统, 但其详细的分子机理仍在深入研究中。

关键词: 杆状病毒, AcMNPV, SNARE, NSF

*通讯作者, E-mail: zhaofeili@nwsuaf.edu.cn

小分子热激蛋白 *Lshsp2* 基因序列特征及其在 灰飞虱高温适应性中的作用*

王利华** 单 丹 方继朝

江苏省农业科学院植物保护研究所, 江苏南京 210014

小分子热激蛋白一般是指分子量在 12-43 kDa 之间的热激蛋白, 包含一个约 95 个氨基酸的保守序列结构, 其相互间全序列同源性低于热激蛋白家族中其他分子伴侣成员。灰飞虱 *Lshsp2* 开放阅读框长 537 bp, 编码 179 个氨基酸, 推测其分子量为 20.1 kDa, 等电点为 6.31。氨基酸序列分析显示 *Lshsp2* 含有小分子热激蛋白保守的 α -晶体结构, 但与其它昆虫小分子热激蛋白的同源性不高, 最高仅为 47%。小分子热激蛋白的主要功能是与其它蛋白质相互作用, 维持细胞蛋白质稳定、维护细胞膜的完整性和稳定性、保护信使 RNA 以及稳定细胞骨架等, 在生物耐热性和逆境适应性中起重要作用。灰飞虱小分子热激蛋白 *Lshsp2* 的表达量与其热应激和高温适应性密切相关。在正常情况下, 灰飞虱 *Lshsp2* 基因表达量较低, 但是在高温热激后, 其表达量显著增加, 在雌虫中最高可达到约 2200 倍。而亚致死高温长期筛选后, 灰飞虱 *Lshsp2* 表达量呈上升趋势, 在雌雄成虫中分别提高 4.2 和 3.4 倍。以上结果说明灰飞虱 *Lshsp2* 为小分子热激蛋白家族成员之一, 在其高温适应性中可能具有重要作用。

关键词: 灰飞虱, *Lshsp2*, 热激, 表达量, 高温适应性

*基金项目: 国家自然科学基金 (31301660); 江苏省自然科学基金 (BK20130711); 江苏省农业科技自主创新基金 (CX(14)5024)。

**通讯作者, E-mail: wlhyang@sohu.com

参与烟粉虱免疫反应的丝氨酸蛋白酶基因分析

于 洁

中国农业科学院植物保护研究所, 北京 100193

【目的】对烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius) 含 clip 结构的丝氨酸蛋白酶 (clip-domain serine proteases in *Bemisia tabaci*, BtCLIPs) 转录组数据进行分析及部分序列验证和基因相对表达量时空动态趋势, 为建立 BtCLIPs 可能参与的免疫级联反应路径提供重要线索。**【方法】**采用新一代高通量测序技术对感染和非感染白僵菌的烟粉虱 4 龄若虫转录数据中含 clip 结构的丝氨酸蛋白酶数据进行分析; 通过测序方法验证了部分转录组数据的正确性; 利用 Pfam 和 SMART 预测蛋白质结构域; 氨基酸多序列比对和遗传进化分析在 MEGA6.0 软件中完成; 并通过实时荧光定量 qRT-PCR 检测分析球孢白僵菌侵染烟粉虱 4 龄若虫不同时间后 BtCLIPs 的时空表达模式。**【结果】**分析烟粉虱 75 个丝氨酸蛋白酶基因序列, 其中有 8 个丝氨酸蛋白酶基因含有特定的 clip 结构域; 通过测序方法验证了 4 个开放阅读框全长序列, 可以进行后续的蛋白表达及功能验证; 通过烟粉虱丝氨酸蛋白酶同源性与系统进化分析, 发现有 3 个 BtCLIPs 表现出较近的亲缘关系, BtCLIP28 与意大利蜜蜂 AmSP14、BtCLIP8 与家蚕 BmCLIP3、BtCLIP8 与烟草天蛾 MsHP1 的 clip 丝氨酸蛋白酶的氨基酸序列相似度较高; 8 个烟粉虱 clip 丝氨酸蛋白酶基因在不同诱导时间点与对照组相比均有明显上调, 在感染 48h 时的相对表达量达到最高。**【结论】**烟粉虱 8 个氨基酸序列均为含 clip 结构的丝氨酸蛋白酶, 且在不同时间的处理条件下相对表达量均出现上下调的动态趋势, 参与到烟粉虱的先天免疫反应中。

关键词: 球孢白僵菌, 烟粉虱, 丝氨酸蛋白酶, 免疫反应, 实时荧光定量

粘虫谷氨酰胺转氨酶的分离纯化及其 生长发育调节作用研究*

张 蕾 杨 超 郗新明 臧 涛 房元周 黄青春**

华东理工大学药学院, 上海市化学生物重点实验室, 上海 200237

【目的】谷氨酰胺转氨酶 (Transglutaminase, TG) 是一种催化蛋白质或多肽链中谷氨酰胺残基进行酰胺基转移反应的酶。在高等动物体内参与伤口愈合、细胞凋亡、组织纤维化、神经变性、乳糜泻、动脉粥样硬化和癌症等多个生理病理过程。大量研究表明, TG 活性与细胞凋亡相关, 尤其是处在凋亡中的细胞存在 TG 的过度表达, 而采用小分子干扰 RNA 阻断内源性的 TG 活性可以逆转肿瘤细胞的化疗耐药和迁移侵袭。目前, TG 参与细胞凋亡的确切的生理学机制仍然未明, 而有关昆虫 TG 的研究尚罕见报道。本文主要研究粘虫 (*Mythimna separata* Walker) 体内 TG 的性质, 并探讨 TG 在粘虫生长发育过程中的生理调节作用。【方法】采用硫酸铵沉淀、DEAE-纤维素-52 和 Sephadex G-100 凝胶层析来分离纯化 TG 酶。采用差速离心法研究粘虫体内 TG 酶的分布情况。采用正交实验和单因素实验法研究 TG 的酶学性质。【结果】硫酸铵在 55% 饱和度时沉淀 TG 酶效果最佳。用 Tris-HCl (0-1.0 M NaCl, pH8.0) 梯度洗脱离子交换柱, TG 酶能被 0.3-0.6 M NaCl 解吸附。TG 分子量为 57.59KDa, 最适反应温度为 37°C, 最适 pH 为 7.0, 能稳定存在于 27-47°C、pH 6.5-8.0 酶反应体系中, 具有一定的 Ca²⁺ 依赖性。TG 酶广泛分布在粘虫的组织 and 体液中, 且 TG 酶水平在不同龄期幼虫体内存在显著差异, 其中在 1-2 龄期幼虫体内, TG 酶主要存在于细胞核和细胞碎片中, 而在 3-5 龄期幼虫体内, TG 则集中分布于胞质溶胶中。【结论】粘虫 TG 与人组织型 TG2 的性质相似, 参与调节粘虫幼虫的生长发育和生理免疫。

关键词: 谷氨酰胺转氨酶, 粘虫, 生长发育, 调节作用

*基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划课题 (2011BAE06B04), 上海市科技支撑项目 (15431906800)。

**通讯作者

昆虫基因组数据库 InsectBase 的构建与应用

尹传林^{1,2} 沈耕宇² 郭殿豪^{1,2} 王书平³ 马行洲^{1,2} 肖花美² 刘金定²
张赞² 刘莹² 张艺群² 黄水清² 李飞^{1,2*}

1. 浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058; 2. 南京农业大学, 江苏南京 210095;
3. 上海出入境检验检疫局, 上海 200135

随着测序技术的进步, 大规模基因组测序数据和海量 RNA-Seq 数据不断涌现, 昆虫学研究逐步追赶人类后基因组时代研究的步伐, 迎来了生物数据的大时代。目前, 已有 155 种昆虫基因组序列可从公开数据库中获得, 共发表昆虫基因组研究论文 30 余篇, 昆虫 RNA-Seq 数据量则更多。面对如此海量测序数据的原始积累, 数据的存储和使用者之间的鸿沟越来越大, 昆虫基因数据散乱在各大数据库中, 严重影响了基因大数据的管理和共享, 构建昆虫大数据库平台的重要性越来越突出。为此, 我们构建了 InsectBase 昆虫基因组数据库 (<http://www.insect-genome.com/>), 总数据存储量达 120 G。InsectBase 共收集了 155 种昆虫基因组 (隶属于 16 个目), 其中 61 个基因组具有注释信息 (Official Gene Set, OGS), 116 个转录组数据, 237 个物种的 EST 序列, 69 个物种的 7544 条 miRNA 序列, 2 个物种的 83262 条 piRNA 序列, 构建了 78 个物种的 22536 个信号通路, 116 个昆虫的 UTR 序列和 CDS 序列。针对 61 个有 OGS 注释的昆虫, 开展了数据挖掘。对研究较多的 36 个基因家族开展了系统分析, 运用 OrthoMCL 直系同源算法发现了 7 个物种中的直系同源基因, 共找到 1:1:1 直系同源基因 973 个。InsectBase 昆虫基因组数据库提供序列查询、序列比对、基因组可视化、信号通路和注释、进化分析和进化树构建, 所有基因数据均可下载。从 PubMed 中下载了 94758 昆虫研究相关文献, 通过数据挖掘, 建立了昆虫学领域的关系网络平台 iFacebook, 初步实现“基因-研究者-昆虫物种”等三者之间的关系网络, 便于促进学术交流。InsectBase 是综合型的生物信息学数据库, 数据种类齐全、功能全面、用户使用方便, 有利于昆虫学研究者对基因数据的获得、整理和分析, 促进昆虫分子生物学研究。

关键词: 昆虫基因组, 转录组, 数据库, 信号通路, 基因家族, iFacebook, InsectBase

*通讯作者, E-mail: lifei03@tsinghua.org.cn

miR-1680 在二化螟化蛹和蛹期发育中的调控功能

葛 畅^{1,2*} 李 飞^{1,2**}

1. 浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058; 2. 南京农业大学, 江苏南京 210095

二化螟 *Chilo suppressalis* Walker 是中国和东南亚地区的重要水稻害虫, 常年造成大量减产。MicroRNA (miRNA) 是在真核生物中发现的一类内源性的具有调控功能的非编码 RNA, 其成熟体长度为 21-25 nt。MiRNA 与 mRNA 上的靶标位点通过碱基互补配对, 调控基因转录后翻译。早期研究发现, miR-1680 可靶向 *cs-nvd* 基因。利用 qPCR 技术检测了 *cs-nvd* 和 miR-1680 在二化螟不同发育阶段的表达量, 发现 *cs-nvd* 在 4 龄、5 龄、6 龄及蛹这 4 个阶段的第 1 天高表达, 而 miR-1680 在幼虫中的表达量高于蛹。在新蜕皮的六龄幼虫中, miR-1680 达到峰值, 然后迅速回落。使用 293T 细胞系进行了双荧光素酶靶标验证实验, 结果显示 miR-1680 对 *cs-nvd* 有着显著的表达抑制作用。选择二化螟 5 龄第 4 d 与 6 龄第 4 d 注射 miR-1680 mimic。在 5 龄第 4 d 注射 mimic 后, 处理组出现了高死亡率、蜕皮延迟等现象; 而在 6 龄第 4 d 注射 mimic 后, 处理组出现了高死亡率与化蛹延迟。综上结果表明, miR-1680 通过抑制 *cs-nvd* 表达调控蜕皮激素信号通路, 进而调控二化螟的蜕皮发育与变态发育过程。

关键词: 二化螟, miRNA, 变态发育, 蜕皮激素

*第一作者, E-mail: gcnjau@126.com

**通讯作者, E-mail: lifei03@tsinghua.org.cn

稻飞虱翅型分化的分子机制

徐海君*

浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058

翅多型是昆虫为适应异质性环境而产生的进化特征, 见于多种昆虫。长翅型昆虫具有远距离飞行能力, 有利于种群逃避不利环境以及向新的食物源迁飞; 短翅型昆虫丧失飞行能力, 但往往具有高生殖力。国内外以蚜虫、蟋蟀、飞虱等昆虫为模型的研究表明, 长、短翅型的分化受到多种外部环境因素的影响和内分泌激素的调控, 但其分子调控机制却一直不清楚。在本研究中, 我们发现褐飞虱的两个胰岛素受体 (受体 I 和受体 II) 具有相反的生物学功能, 分别正反调控了长、短翅的发育。受体 I 通过 PI(3)K-Akt-FOXO 途径激活胰岛素信号转导途径, 产生长翅型飞虱; 受体 II 是 PI(3)K-Akt-FOXO 信号途径的负调因子, 受体 II 活化时产生短翅型飞虱。进一步研究发现, 脑特异性分泌的类胰岛素 (ILP3) 主要参与了翅型分化。发现的褐飞虱翅型分化调控模式同样也适用于白背飞虱和灰飞虱, 说明飞虱科昆虫可能具有保守的调控机制。本研究结果是昆虫翅多型研究的突破性进展, 加深了对多型可塑性进化发育理论的理解。

关键词: 飞虱, 翅型分化, 胰岛素信号途径, 进化发育

*通讯作者, E-mail: haijunxu@zju.edu.cn

内蒙古亚洲小车蝗种群遗传多样性和遗传分化的 ISSR 分析

韩海斌

中国农业科学院草原研究所, 内蒙古呼和浩特 010010

亚洲小车蝗 *Oedaleus asiaticus* Bei-Bienko 是我国北方草原和农牧交错区主要的害虫之一。为了从分子水平评价内蒙古地区亚洲小车蝗种群的遗传多样性和种群间遗传分化, 本文应用 ISSR 标记方法对内蒙古 15 个地点的亚洲小车蝗种群遗传多样性进行分析。结果表明: 平均多态信息含量 (PIC) 为 0.8466, 遗传分化系数 (Gst) 为 0.1624~0.4606, 基因流 (Nm) 为 0.5855~2.5794, 15 个种群的 Nei 氏遗传多样性 (H) 为 0.2319 ± 0.2081 , Shannon 氏多样性指数 (I) 在 0.2711~0.4159 之间。群体遗传距离 (D) 为 0.0406~0.2812。7 个 ISSR 位点均具有较高的多态性, 各种群间的遗传分化水平较大, 基因交流程度中等。15 个不同地点的亚洲小车蝗种群根据遗传距离共聚为 5 支。种群间遗传距离与地理距离呈极显著正相关关系。地理距离和地形差异可能是形成遗传分化的主要原因。研究结果从分子水平探索不同地区亚洲小车蝗种群间的内在联系, 为制定亚洲小车蝗的综合治理策略提供了分子生物学的基础资料。

关键词: 亚洲小车蝗, 地理种群, 遗传多样性, ISSR, 遗传分化, 聚类分析

自噬和 JNK 信号通路在烟粉虱和双生病毒互作中的作用

王岚岚 王欣茹 黄 璜 魏雪梅 刘树生 王晓伟*

浙江大学农业与生物技术学院 昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058

烟粉虱是双生病毒传播的主要媒介,在双生病毒的传播过程中起着决定性的作用。同时,烟粉虱和双生病毒之间存在着复杂的相互作用机制。研究发现,病毒侵染烟粉虱后可以显著激活烟粉虱的细胞和体液免疫反应,导致病毒数量的不断减少。当烟粉虱受到 TYLCV 感染时,其自噬特异性标记蛋白 Atg8-II 的量显著高于未带毒的烟粉虱,表明 TYLCV 侵染可激活烟粉虱的自噬反应。短时间获毒后转移至棉花上取食的烟粉虱,其体内的病毒随着在棉花上取食的时间延长病毒外壳蛋白(Coat protein, CP)和病毒 DNA 的量都明显上升,到 48 h 左右病毒 CP 的量达到最大,并且此时自噬特异性蛋白 Atg8-II 可以被检测到,随后病毒 CP 和 DNA 的量开始慢慢下降。这表明病毒 CP 和病毒基因组 DNA 在烟粉虱体内可能积累,并可能因自噬的激活而被降解。经 3-甲基腺嘌呤抑制或雷帕霉素诱导自噬后,烟粉虱的获毒率与对照相比都没有明显差异,而经雷帕霉素诱导自噬后的烟粉虱,持毒率与未经诱导的个体相比明显降低。说明自噬在烟粉虱持续获毒阶段没有影响病毒的变化,而在烟粉虱持毒阶段起到重要的作用。另外,带毒烟粉虱的 JNK 磷酸化水平和 JNK 基因的相对表达量都显著高于不带毒的,表明 TYLCV 侵染可激活烟粉虱的 JNK 途径。进一步研究发现,烟粉虱的 JNK 磷酸化水平和 JNK 基因的相对表达量都随着病毒 CP 和病毒 DNA 的量的增加而升高。使用 JNK 抑制剂处理后,烟粉虱体内病毒 CP 和病毒 DNA 的量都比未经抑制剂处理的显著低。以上结果说明 TYLCV 侵染激活了 JNK 途径,而 JNK 途径的激活对病毒基因组的积累和病毒 CP 的合成有利。

关键词: 烟粉虱, 双生病毒, 自噬, JNK 信号通路, 互作

*通讯作者, E-mail: xwwang@zju.edu.cn

柞蚕热休克蛋白 70 家族基因的筛选及表达研究*

王 勇** 姜义仁 石生林 杨瑞生 秦 利***

沈阳农业大学生物科学技术学院 辽宁省昆虫资源工程技术研究中心 辽宁沈阳 110866

【目的】为了解鳞翅目大蚕蛾科昆虫柞蚕 (*Antheraea pernyi*) 体内热休克蛋白70 (HSP70) 基因的种类和组成, 分析HSP70基因在柞蚕免疫及热激反应中所起的作用, 明确HSP70基因在中肠、脂肪体等组织中的表达谱。**【方法】**采用RT-PCR技术克隆柞蚕的HSP70家族的基因序列, 根据所得到的基因信息, 分别设计半定量和实时定量PCR引物, 检测43 °C热应激处理后的柞蚕蛹体内HSP70基因的表达情况; 并通过添食柞蚕微孢子虫 (*Nosema pernyi*) 使其感染柞蚕幼虫中肠, 检测中肠内该基因的表达。**【结果】**得到了3条柞蚕HSP70基因, 其中一条为组成型热休克蛋白70, 命名为ApHSC70 (GenBank登录号: KJ437496), 另外两条为诱导型基因ApHSP70-1、ApHSP70-2 (GenBank登录号分别为: KJ821068、KT225460)。ApHSC70的开放阅读框 (ORF) 长1 959 bp, 编码652个氨基酸; ApHSP70-1与ApHSP70-2基因的ORF长都为1 905 bp, 编码634个氨基酸。三个蛋白序列都具有HSP70家族的3个签名序列 (IDLGTTYS、IFDLGGGTFDVSIL、IVLVGGSTRIPKVQK), 2个糖基化位点 (NKSI和NNSA), 1个胞质特征基序 (GPTIEEVD), ApHSP70-1和ApHSP70-2蛋白之间的相似度为86. 91%, 两者与ApHSC70蛋白序列的相似度分别为71. 82%和70. 14%。与常温对照组相比, 半定量检测显示高温热诱导的柞蚕蛹组织中ApHSP70-1、ApHSP70-2基因的表达量明显升高, 而ApHSC70基因的表达量变化不大, Realtime-PCR分析表明, 柞蚕中肠内ApHSP70及ApHSC70基因在感染*N. pernyi*的0~9 h内变化不大, 12 h含量开始升高, 21 h达到最高。**【结论】**本研究克隆得到了柞蚕HSP70基因家族中的三个, 通过表达量变化检测表明, HSP70基因在柞蚕免疫及热激反应中起着重要作用。该研究分析了柞蚕HSP70家族的成员组成, 有助于更进一步明确热休克蛋白70在柞蚕体内的作用, 阐明柞蚕对热胁迫适应和免疫反应的分子机理。

关键词: 柞蚕, 热休克蛋白 70, 热激, 免疫

*资助项目 Supported projects: 现代农业产业技术体系建设专项 (CARS-22); 辽宁省农业领域青年科技创新人才培养计划项目(2014010); 国家茧丝绸发展专项资金项目; 辽宁省教育厅一般项目(2014476)。

**第一作者, E-mail: yongwang216@163.com

***通讯作者, E-mail: qinli1963@163.com

桃蚜对 5 种杀虫剂的抗性及其抗性机制分析

汤秋玲 胡慧敏 刘晓岚 高希武*

中国农业大学昆虫系, 北京 100193

【目的】为明确目前田间桃蚜(*Myzus persicae* Sulzer)种群对常用杀虫剂的抗药性水平及其抗药性机理, 为田间对桃蚜的抗性诊断及抗性治理提供必要的理论依据。**【方法】**采用叶片药膜法对 2014 年河北涿州、山东青岛和福建宁德 3 个地区桃蚜田间种群的抗药性监测, 以实验室敏感毒力基线作比较, 同时通过生化及分子手段对田间桃蚜进行了抗性检测。抗性评价标准为: 抗性倍数 <3 为敏感水平, 3-5 倍为敏感性下降; 5-10 倍为低水平抗性; 10-40 倍为中抗水平抗性; 40-60 为高抗水平抗性; 大于 60 倍为极高水平抗性。**【结果】**一、生物测定结果: 3 个桃蚜田间种群均对高效氯氰菊酯(抗性倍数 74-309 之间)产生了极高抗水平抗性, 对氧乐果产生了中高抗水平抗性(抗性倍数 11-42), 对抗蚜威(抗性倍数 9-92)产生了由低到极高抗水平抗性, 对吡虫啉处于敏感(抗性倍数 <1)或低中水平抗性(抗性倍数 3-19), 对新型药剂氟啶虫胺胍(抗性倍数 <1)最为敏感, 均处于敏感水平。总体抗性水平: 河北涿州 $>$ 山东青岛 $>$ 福建宁德。二、酶活性测定: 山东青岛和河北涿州种群单头羧酸酯酶或乙酰胆碱酯酶高活性分布频率高于福建宁德种群; 河北涿州和山东青岛的 P450 酶活性显著高于福建宁德(依次为分别为 151.65、126.31 和 61.43 $\text{pmol}\cdot\text{min}^{-1}\cdot\text{mg protein}^{-1}$)。三、E4/FE4 酯酶扩增及 L1014F 检测: 3 个田间种群都发生了 FE4 酯酶扩增, 且扩增频率为 100%, 尚未发现 E4 酯酶扩增; L1014F 位点突变频率为河北涿州(97%) $>$ 山东青岛(74%) $>$ 福建宁德(61%), 均为杂合突变, 暂未发现纯合突变。**【结论】**目前, 3 个田间桃蚜种群对氟啶虫胺胍敏感, 对其余 4 种药剂均产生了不同程度水平的抗性。对高效氯氰菊酯、抗蚜威、吡虫啉等高或极高水平抗性地区必须减少或暂停用药并进行抗性治理。桃蚜对常用药剂产生抗性机制可能为解毒酶系活性的提高、FE4 酯酶扩增及 L1014F 位点突变, 具体药剂的抗性机制有待进一步研究。

关键词: 桃蚜, 杀虫剂, 抗药性, 机制, 氟啶虫胺胍

*通讯作者

我国绿盲蝽抗药性治理研究进展

苗 玲 甄丛爱 高希武*

中国农业大学昆虫系, 北京 100193

绿盲蝽 *Apolygus lucorum* (Meyer-Dür) 在我国许多地方都有分布, 并在一些地方大发生。目前, 用于防治绿盲蝽的化学农药使用量不断增加, 进而引发的抗药性问题受到了人们的关注。绿盲蝽在我国分布广泛, 是黄河、长江流域棉花产区盲蝽属的优势种群。其食性杂, 有趋嫩、趋花的为害习性, 除取食棉花外, 还危害果树、豆科作物、蔬菜和茶、牧草、棉、麻等经济作物。绿盲蝽危害寄主幼芽形成“破头疯”、“龙头株”; 危害叶片形成“破叶疯”; 花蕾受害易干枯脱落; 幼果被害出现畸形、坏死、脱落等。生产上防治绿盲蝽的主要手段依赖于化学农药: 20 世纪 80 年代, 我国防治绿盲蝽的杀虫剂品种主要有敌敌畏、乐果、久效磷、对硫磷等; 20 世纪 90 年代中期以来, 用于防治绿盲蝽的杀虫剂品种和数量逐年增加; 目前生产上使用较多的有高效氯氟氰菊酯、氰戊菊酯、灭多威、啶虫脒、马拉硫磷、毒死蜱、氟啶虫胺胍等药剂及其混剂。我国绿盲蝽的抗性监测工作主要于 2009 年开始在黄河、长江流域盲蝽流行地区针对生产中常用药剂展开。监测数据显示: 目前, 我国绿盲蝽的抗性水平较低, 仅山东、安徽个别种群出现中等抗性; 抗性发展速度较慢, 但总体抗性水平呈上升趋势; 绿盲蝽抗性表型频率呈锯齿状的季节性增长。绿盲蝽的抗性机制产生与解毒酶代谢作用和靶标位点敏感性降低有关。但目前我国有关盲蝽属抗药性监测及抗性机制的研究报道较少, 而美国对盲蝽属进行化学防治的历史较长, 相关工作开展的时间相应也较长。所以, 借鉴国外经验, 结合延缓抗药性的策略防治绿盲蝽并开展抗药性监测及相关研究已成为我国绿盲蝽治理中势在必行的工作。

关键词: 绿盲蝽, 化学防治, 抗性监测, 抗性机制, 抗性治理

*通讯作者

绿盲蝽钠离子通道基因 *AIVSSC* 的克隆及 与三氟氯氰菊酯抗性有关的 *kdr* 突变

甄丛爱 苗 玲 高希武*

中国农业大学昆虫系, 北京 100193

【目的】探究绿盲蝽山东滨州种群对三氟氯氰菊酯药剂抗性形成的原因。【方法】通过点滴法对室内敏感品系及山东滨州田间种群进行室内毒力测定;采用 RT-PCR 结合 cDNA 末端快速扩增技术 (RACE), 将绿盲蝽 *Apolygus lucorum* (Meyer-Dür) 钠离子通道基因进行克隆并对其可变剪接模式进行了分析。最终得到全长为 6087 bp 的 ORF 框命名为 *AIVSSC* (GenBank accession number: KR139855)、523 bp 的 5' UTR 区和 248 bp 的 3' UTR 区组成, 共编码 2028 个氨基酸, 与一般昆虫类似, 具有钠离子通道基因的共同结构和保守序列特征。

【结果】结果表明, 与室内敏感品系相比, 绿盲蝽山东滨州田间种群对三氟氯氰菊酯产生的抗性达到 30 倍。从生化水平上, 三种解毒代谢酶 (酯酶、谷胱甘肽 S-转移酶、多功能氧化酶) 的活性在绿盲蝽山东滨州种群与室内敏感种群之间进行比较发现, 与室内敏感品系相比, 在山东滨州种群中, 三种解毒酶的活性未产生显著性差异 ($P>0.05$)。【结论】从三氟氯氰菊酯靶标钠离子通道水平上, 发现 L1015F (*kdr*) 仅存在于山东滨州种群, 且该基因的突变组合型处于 Hardy-Weinberg (H-W) 平衡, 表明山东滨州绿盲蝽种群对三氟氯氰菊酯产生抗性的主要原因是靶标位点中 L1015F 点突变。在绿盲蝽 *AIVSSC* 基因中共存在七个不同的可选择的外显子和一对互斥型的外显子, 直接导致绿盲蝽钠离子通道基因表达产物的多样性和复杂性。

关键词: 绿盲蝽, 三氟氯氰菊酯, 钠离子通道, L1015F, 抗性

*通讯作者

棉蚜实时荧光定量 PCR 内参基因的筛选

马康生 李 芬 梁平卓 陈雪维 高希武*

中国农业大学昆虫系, 北京 100193

【目的】正确的内参基因选择是获得可靠实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 结果的关键, 本研究筛选和评价了棉蚜 *Aphis gossypii* Glover 实时荧光定量 PCR 的内参基因, 为棉蚜基因表达研究提供理论依据。【方法】通过 qRT-PCR 分析了棉蚜 8 个传统内参基因 *18S*、*28S*、 *β -ACT*、*GAPDH*、*EF1 α* 、*RPL7*、 *α -TUB*、*TBP* 的 mRNA 差异表达情况, 并利用 Ct 值和 geNorm、NormFinder 和 BestKeeper 等 3 种软件分析了这些内参基因在棉蚜不同发育时期、不同温度处理、不同地理种群中的表达稳定性。此外, 利用 *HSP70* 基因在棉蚜不同发育时期、不同温度处理、不同地理种群中的表达情况, 对内参基因选择进行了深入评价。【结果】综合各软件分析结果, 表明: 在不同发育时期, *EF1 α* 、 *β -ACT*, 和 *RPL7* 表达稳定, 可以作为 qRT-PCR 检测基因表达的内参组合; 在不同温度处理条件下, *GAPDH* 和 *RPL7* 稳定表达, 是最佳的内参组合; 在不同地理种群中, *EF1 α* 和 *β -ACT* 稳定表达, 适宜作为基因表达研究的内参组合。用 *Hsp70* 基因进行的内参选择评价显示, 用最佳内参组合做内参能得到可靠的定量结果, 而用不恰当的内参基因做内参会得到有偏差的实验结果。【结论】对于不同的 qRT-PCR 定量样品, 应当选择最佳的内参进行 qRT-PCR 实验, 筛选合适的内参基因是进行 qRT-PCR 基因表达研究的重要前提。

关键词: 棉蚜, qRT-PCR, 内参, 稳定性, 基因表达

*通讯作者

四氯虫酰胺对玉米螟的抗性风险

冯 聪 班兰凤 宋玉泉

沈阳化工研究院有限公司 新农药创制与开发国家重点实验室, 辽宁沈阳 110021

四氯虫酰胺是一种安全、高效、广谱, 特性优异的鱼尼丁受体类杀虫剂。自首个鱼尼丁受体类杀虫剂 2007 年上市至今, 该类杀虫剂已经有 4 种产品陆续问世: 氟虫双酰胺, 氯虫苯甲酰胺, 溴氰虫酰胺、四氯虫酰胺。此外, 正在研发中的该类杀虫剂还有氯氟氰虫酰胺、Cyclaniliprole、Broflanilide、Tetraniliprole 等。该类杀虫剂目前销售份额中仅次于新烟碱类杀虫剂, 田间应用频次较高, 抗性风险较大。玉米螟 (*Pyrausta nubilalis* Hübn.) 属鳞翅目螟蛾科, 是一种危害玉米等作物的蛀食性害虫。本研究的旨在通过室内评估玉米螟对四氯虫酰胺的抗性风险。

在实验室采用混毒饲料法, 用四氯虫酰胺对玉米螟进行连续 25 代的抗性筛选, 其 LC50 较敏感品系上升 4.93 倍。采用 Tabashnik 抗性分析方法, 现实遗传力 h^2 为 0.1260。通过对抗性发展过程的分析发现, 若每一代抗性筛选玉米螟的死亡率在 70%, 则抗性上升 10 倍需要 16 代; 若筛选代数达到 35 代, 则抗性可上升至 14.28 倍, 达到中等水平抗性。根据本研究推测, 在连续施用四氯虫酰胺后, 存在着玉米螟对其产生抗性的风险。

关键词: 四氯虫酰胺, 玉米螟, 抗药性

番茄黄化曲叶病毒对 Q 隐种烟粉虱耐药性的影响*

张志春** 刘宝生 牛洪涛 郭慧芳

江苏省农业科学院植物保护研究所, 江苏南京 210014

烟粉虱(*Bemisia tabaci*)是一种世界性的重大外来入侵性害虫, 危害包括蔬菜、棉花在内的 600 多种寄主植物。伴随着 Q 隐种烟粉虱种群的快速扩散, 由烟粉虱传播的番茄黄化曲叶病毒(Tomato Yellow Leaf Curl Virus, 简称 TYLCV)导致的番茄黄化曲叶病毒病在我国从南到北多地发生并流行蔓延, 给我国的番茄生产带来了巨大的经济损失, 局部地区甚至整棚绝收。对于烟粉虱传播番茄黄化曲叶病毒的传毒机理已经作了较为深入的研究, 同时随着昆虫-植物-病毒之间的互作受到了越来越广泛的关注, 病毒感染后番茄的防御反应和病毒感染后烟粉虱生长发育和体内的酶系反应均做了部分研究, 研究发现番茄黄化曲叶病毒和烟粉虱在与植物的互作过程中, 通过抑制植物的防御反应, 促进了烟粉虱的生长发育, 从而促进了病毒病的发生和传播, 同时 TYLCV 还增加了烟粉虱的寿命和产卵量, 并增强了烟粉虱解毒酶和保护酶的活性。室内生测结果发现感染 TYLCV 后 Q 隐种烟粉虱明显增强了对常用药剂如阿维菌素、毒死蜱、烯啶虫胺、噻虫嗪等的耐药性, 以阿维菌素为例, 无论是获毒 48 h 还是长期获毒的烟粉虱均明显提高了对阿维菌素的耐药性, 短期获毒后阿维菌素施药后 1 d 的 LC50 由对照组的 0.0522 上升到 0.0875 ppm, 药后 3 d 低浓度 (0.025 ppm) 能对未感染烟粉虱全部致死, 而对短期获毒的烟粉虱致死率仅为 40%左右; 长期获毒后施药 1 d 的 LC50 由对照组的 0.0578 ppm 上升到 0.1025 ppm。以上结果说明 TYLCV 能增强传毒寄主烟粉虱的抗逆性, 促进自身的传播危害。

关键词: 番茄黄化曲叶病毒, 烟粉虱, 耐药性

*基金项目: 江苏省农业科技自主创新基金 (CX(12)3059)。

**通讯作者, E-mail: zhichunzh@aliyun.com

定虫隆(Chlorfluazuron)对昆虫卵巢细胞和 人体细胞的毒性机制研究*

郭新明 张 蕾 杨 超 詹泰松 黄青春**

华东理工大学药学院, 上海市化学生物重点实验室, 上海 200237

【目的】苯甲酰脲类昆虫生长调节剂抑制昆虫表皮几丁质合成酶和尿苷辅酶, 阻断N-乙酰葡萄糖胺(GlcNAc)单体聚合形成几丁质, 昆虫因表皮中几丁质微纤维形成受阻而异常蜕皮, 幼虫在生长发育和蜕皮变态过程中死亡。本文拟通过研究定虫隆对昆虫卵巢Tn5B1-4和Sf-21细胞以及人胚肾Hek293细胞和肝癌HepG2细胞的增殖行为和细胞周期等作用规律, 阐明几丁质聚合过程对定虫隆细胞毒性的影响, 同时探明定虫隆对昆虫细胞具有很高选择性毒性而对人体细胞良性的初步机制。【方法】采用血球计数法测定细胞增殖; 采用台盼蓝排除法测定细胞活力; 采用MTT法测定定虫隆对细胞的持续抑制活性; 采用DMAB标记分光光度法测定GlcNAc含量; 采用流式细胞术测定细胞周期和细胞凋亡; 采用酸性吉姆萨染色法检测有丝分裂细胞。【结果】暴露48和96 h时, 定虫隆抑制Tn5B1-4和Sf-21细胞增殖的IC₅₀值分别为4.96和1.12 μM, 2.37和1.76 μM, 而对Hek293和HepG2细胞增殖的IC₅₀值均大于20 μM。将受抑制的细胞转入不含定虫隆的细胞培养基中培养, Tn5B1-4和Sf-21细胞生长在24 h内仍处于持续抑制状态, 而Hek293和HepG2细胞则加速生长至对照水平。另外, 定虫隆引起Tn5B1-4和Sf-21细胞中GlcNAc与蛋白水平的比值下降大于1.8倍, 有丝分裂指数下降大于1.5倍, 并且引起细胞G₂/M期阻滞。研究表明, Hek293和HepG2细胞中不含有GlcNAc单体, 定虫隆对Hek293和HepG2细胞周期和有丝分裂没有显著影响。【结论】昆虫细胞与人体细胞在GlcNAc含量、G₂/M期阻滞、有丝分裂指数等方面对定虫隆毒性的响应都具有显著的差异, 具有几丁质生理特性可能是定虫隆对昆虫细胞表现高选择毒性的原因。

关键词: 定虫隆, 细胞毒性, Tn5B1-4, Sf-21, Hek293, HepG2

*基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划课题(2011BAE06B04), 上海市科技支撑项目(15431906800)。

**通讯作者

氟啶脲对甜菜夜蛾的亚致死效应研究

张天澍 王冬生 袁永达 常晓丽 滕海媛

上海市农业科学院生态环境保护研究所, 上海市设施园艺技术重点实验,

上海东保农业科技有限公司, 上海 201106

本文研究了亚致死浓度氟啶脲对甜菜夜蛾幼虫体内蛋白质和糖类含量的影响。亚致死浓度 LC_{10} 、 LC_{20} 、 LC_{30} 和 LC_{40} 氟啶脲处理甜菜夜蛾 2 龄幼虫, 研究发现, 氟啶脲对甜菜夜蛾蛋白质含量的影响与其发育历期具有一定联系, 在氟啶脲处理后的 48h 内能显著增加血淋巴中的蛋白质含量, 如 48h 时 LC_{10} 、 LC_{20} 处理组蛋白质含量分别为 18.54、19.55 mg/ml, 为对照组含量的 3.5 倍和 3.7 倍。而在幼虫发育末期即处理后 96 h 时, 血淋巴中的蛋白质浓度则要低于对照组。同时蛋白质电泳图谱表明, 48 h 时各处理的电泳条带蛋白质含量大多要高于对照组, 说明亚致死浓度氟啶脲处理甜菜夜蛾后对血淋巴中蛋白质合成具有一定的促进作用; 发育末期血淋巴各处理组的蛋白质条带, 特别是的储存蛋白含量要明显低与对照组, 表明亚致死剂量氟啶脲处理后在幼虫发育末期能降低血淋巴中储存蛋白含量; 对甜菜夜蛾幼虫各发育时期血淋巴中总糖含量的研究表明, 氟啶脲对甜菜夜蛾血淋巴中糖含量的影响同样与发育时期密切相关, 如在氟啶脲处理刚结束时, 各处理组的糖含量与对照组差异不显著, 而随着幼虫的发育, 各处理组血淋巴中糖含量则显著高于对照组, 如 LC_{30} 处理组在药剂处理后 48 和 96 h, 其总糖含量分别为对照组的 1.4 和 1.8 倍。通过本研究, 为阐明氟啶脲对甜菜夜蛾亚致死效应提供了生理学依据。

关键词: 甜菜夜蛾, 氟啶脲, 亚致死效应, 蛋白质, 糖类

氟啶虫胺胍对灰飞虱的毒理评估及亚致死效应

徐 鹿

江苏省农业科学院植物保护研究所, 江苏南京 210014

【目的】 近年来灰飞虱成为危害水稻生产的重要害虫, 已进化出对不同类型的常规杀虫剂的抗药性, 引入和评估新型杀虫剂氟啶虫胺胍对灰飞虱亲代和子代的致死和亚致死效应, 为延缓抗药性和发展控制飞虱策略提供科学依据。**【方法】** 采用点滴生测方法研究了灰飞虱不同发育阶段对氟啶虫胺胍的敏感性和灰飞虱成虫亚致死剂量暴露处理的敏感性变化, 利用点滴暴露的方法研究了不同亚剂量的氟啶虫胺胍对灰飞虱亲代若虫和成虫发育和繁殖的影响, 通过构建不同氟啶虫胺胍亚剂量下的生命表研究了灰飞虱子代的生物特征和生命表参数。**【结果】** 氟啶虫胺胍对灰飞虱的实际毒力随着生长而降低, 雌雄成虫无显著差异。测试的氟啶虫胺胍亚剂量缩短了若虫的发育期, 延长了成虫的寿命, 低水平的亚剂量 (LD_3 和 LD_{10}) 提高雌成虫的产卵力 13% 和 31%, 降低产卵前期 0.3 和 1.2 d, 延长产卵期 0.9 和 2.2 d。生命表研究揭示氟啶虫胺胍的亚致死效应可延续至下一代, 其中包括降低若虫成活率, 缩短若虫期, 提高孵化率和羽化率, 增加繁殖力和延长成虫寿命。低水平的亚致死剂量提高生命表参数值, 例如净繁殖率 (R_0)、内禀增长率 (r_m)、周限增长率 (λ) 和特定年龄繁殖力 (m_x), 而高水平的亚剂量则相反。亚剂量的氟啶虫胺胍显著地影响了平均世代历期 (T)、种群加倍时间 (DT) 和特定年龄生存率 (l_x)。**【结论】** 氟啶虫胺胍可以作为防治灰飞虱的有效候选药剂, 应依据显著的亚致死效应合理地制定氟啶虫胺胍的田间应用技术。

关键词: 灰飞虱, 氟啶虫胺胍, 亚致死效应, 毒理, 毒物兴奋效应

人工扩繁伞裙追寄蝇的复壮研究*

岳方正** 刘爱萍*** 韩海斌

中国农业科学院草原研究所, 内蒙古呼和浩特 010010

【目的】为了明确伞裙追寄蝇利用替代寄主(黏虫)累代培养后其生活力和生殖力的退化规律,并且选择合适的复壮技术进行复壮。【方法】本文通过测定1~20代伞裙追寄蝇的生活力和生殖力指标,明确伞裙追寄蝇的退化规律,采用营养复壮和运动距离筛选两种方式提高伞裙追寄蝇的生活力和生殖力。【结果】伞裙追寄蝇的产卵量和羽化量随着世代的增加不断减少,发育历期整齐度不断下降。营养复壮表明:20%的蔗糖溶液可以提高伞裙追寄蝇的产卵量,平均产卵量为199粒,清水对照组表明,补充清水不能完成个体发育。运动距离筛选设定水平距离和垂直距离两种形式,水平100 cm处理组的产卵量最大,平均值为265粒,与其他处理组具有显著差异($P<0.05$),水平50 cm处理组的寄生成功率达到最大,平均值为28%;垂直100 cm处理组的羽化量达到最大,平均值为77头。雌雄比和发育历期在各个处理之间没有显著差异,雌雄比在1.07~1.43之间,发育历期均值在23 d左右,发育历期幅度在20~30 d,表现出发育整齐度下降。【结论】水平100 cm处理和垂直100 cm处理以及20%的蔗糖溶液对伞裙追寄蝇起到很好的复壮效果。

关键词: 伞裙追寄蝇, 替代寄主, 复壮, 寄生成功率, 发育整齐度

*基金项目: 公益性行业(农业)科研专项经费项目(201103002); “十二五”国家科技支撑计划项目(2012BAD13B07); 农业部“948”项目(2011-G4)。

**作者简介: 岳方正, 男, 汉族, 硕士研究生, 研究方向: 农业昆虫与害虫防治, E-mail: yuefangzheng1989@163.com

***通讯作者, 研究员, 硕士生导师, E-mail: liuaiping806@sohu.com

我国不同支系日光蜂形态学差异

迟梦宇 周洪旭*

青岛农业大学农学与植物保护学院, 山东青岛 266109

苹果绵蚜 *Eriosma larnigerum* (Hausmann)是世界性重要的检疫害虫。近年来,在我国危害日趋严重,有进一步扩大蔓延的趋势。日光蜂 *Aphelinus mali* (Haldeman),又名苹果绵蚜蚜小蜂,是苹果绵蚜的内寄生蜂,专一性强,是苹果绵蚜的优势种天敌,在苹果绵蚜的所有天敌中该寄生蜂对苹果绵蚜的寄生作用最大,20世纪40-50代先后从日本和前苏联引种到辽宁大连和山东青岛用于防治苹果绵蚜。本课题组前期基于线粒体 COI 基因研究发现引种到中国的日光蜂分为辽宁和山东两个支系,但两个支系日光蜂的形态区别还未有相关文献报道。因此,本研究分别采集两个支系的日光蜂(辽宁大连、山东泰安),利用万能视频成像系统和显微镜对日光蜂的体长、腹长、足各节长、触角和翅各节长宽等进行测量研究。结果表明雌性日光蜂显著大于雄性,其中泰安雌性日光蜂比雄性增大16.22%,大连雌性日光蜂比雄性增大12.86%。山东支系与辽宁支系日光蜂雌蜂相比,山东支系雌蜂体长减少了59.36 μm ;腹长减小了10.49%;触角的索节第3节减小了18.85%;而触角总长度减少了12.59%。两支系雄蜂相比,辽宁支系雄蜂较山东支系雄蜂体长增长了79.04 μm ;腹长增大了10.49%,后翅增大了21.41%。触角总长度增加了32.88 μm 。总之,山东支系雌蜂除了中后足与辽宁支系雌蜂差异不明显之外,其他均显著变小;而山东支系雄蜂比辽宁支系雄蜂显著变小。我国两个支系日光蜂形态学特征存在明显差异,为选育不同品系日光蜂对苹果绵蚜的控害作用提供了理论依据。

关键词: 日光蜂, 不同支系, 形态差异, 雌雄, 苹果绵蚜

*通讯作者, E-mail: hxzhouqd@sina.cn

甘蔗螟虫引进天敌古巴蝇的研究进展

覃振强¹ 周忠实² 潘雪红¹ 韦金菊¹

1. 广西农业科学院甘蔗研究所, 广西南宁 530007; 2. 中国农业科学院植物保护研究所, 北京 100193

螟虫 *Sugarcane borer* 是甘蔗 (*Saccharum officinarum* L.) 作物上发生最普遍、最重要的害虫。古巴蝇 *Lixophaga diatraeae* (Townsend) 学名为螟利索寄蝇, 属双翅目寄蝇科, 原产地美洲大安的列斯群岛, 是当地 *Diatraea* 属幼虫的自然寄生天敌, 在古巴蔗田对小蔗螟 (*Diatraea saccharalis* Fabricius) 幼虫的自然寄生率为 47.1%。国外报道古巴蝇的生理适应寄主范围较广, 室内人工接种除蔗螟 *Diatraea* 属外还可以寄生多种鳞翅目、膜翅目、鞘翅目等昆虫; 我国室内人工接种表明古巴蝇能寄生二点螟、条螟、黄螟、玉米螟、大螟、豆荚螟和米蛾幼虫, 对桑蚕、甘薯暖地麦蛾和蓖麻蚕幼虫接种未成功。古巴蝇由于其发育快、繁殖力较高、可防治多种蔗螟, 自 1915 年以来被引入世界各主要产甘蔗国家与地区用以防治甘蔗螟虫, 并在圭亚那、安提瓜、圣基茨、圣卢西亚、瓜得罗普、巴西、印度及我国台湾省等地建立了种群, 但不同地方引进的生理小种对其建立种群有重要影响。我国台湾省和广东省分别从 20 世纪 50 年代和 60~80 年代引进古巴蝇防治蔗螟, 在室内取得较好的寄生效果, 但未见其在广东省蔗田建立种群的报道。

广西甘蔗研究所于 2004 年从古巴哈瓦那国家甘蔗研究所引进古巴蝇, 目前以大蜡螟为中间寄主可进行较大规模生产该寄生蝇。研究表明古巴蝇在我国以 26-28℃ 和相对湿度 75%~85% 条件下生长发育最佳, 发育历期为 25~40 d, 接种 (寄生) 至化蛹为 8~10 d, 蛹期为 6~10 d, 雄蝇寿命为 3~6 d, 雌蝇寿命为 20~30 d; 低于 0℃ 或高于 42℃ 不利于古巴蝇生长发育、化蛹和羽化; 阳光和蔗田湿度是影响古巴蝇蛹田间羽化的重要因素, 古巴蝇在甘蔗生长后期对二点螟具有更强的控制作用, 此外在蔗田采集二点螟幼虫时能回收该蝇的蛹, 但未能发现该寄生蝇在蔗田建立种群。古巴蝇作为我国外来物种, 其田间控制蔗螟效果、能否建立自然种群及是否会成为有害生物一直受到广泛关注, 有必要开展该寄生蝇的适生性及其机理的生态安全性评价研究。

关键词: 甘蔗螟虫, 引进天敌, 古巴蝇

不同遗传支系日光蜂对苹果绵蚜的攻击能力和寻找效应

苏 敏 周洪旭*

青岛农业大学农学与植物保护学院, 山东青岛 266109

苹果绵蚜是国内外重要检疫对象之一, 近年来在我国有进一步扩大蔓延趋势。苹果绵蚜蚜小蜂(又称日光蜂)是从国外引进防治苹果绵蚜的一种重要专性寄生蜂, 自上世纪 40-60 年代引入以来, 在控制苹果绵蚜自然种群中起着重要的作用, 通过前期研究发现我国日光蜂存在山东支系和辽宁支系, 苹果绵蚜灾变加重可能与日光蜂遗传支系间生态适应性及其遗传变异差异有关, 为研究不同遗传支系日光蜂对苹果绵蚜的控制作用, 我们对两个不同遗传支系的日光蜂功能反应进行了研究。

2015年5-8月对不同遗传群日光蜂对苹果绵蚜的攻击能力和寻找效应进行了研究: 一对日光蜂分别攻击1、2、3、4、5个苹果绵蚜蚜群, 1 d后除去日光蜂成虫, 让苹果绵蚜继续自然发育, 分析不同遗传支系日光蜂对苹果绵蚜的攻击能力; 选取带有1个苹果绵蚜蚜群的海棠苗, 分别接入日光蜂1、2、3、4和5对, 1 d后移除日光蜂成虫, 让苹果绵蚜继续自然发育, 分析不同遗传支系日光蜂对苹果绵蚜的寻找效应。结果表明, 当苹果绵蚜群分别为1、2、3和4个时, 山东支系1对日光蜂成虫24 h的寄生量分别为11、15.5、22、28.5头, 辽宁支系1对日光蜂成虫24 h的寄生量分别为7、11、12、16头, 日光蜂寄生苹果绵蚜的数量随苹果绵蚜密度的增加而增加。当苹果绵蚜群达到4个以上, 1对日光蜂成虫24 h寄生量(山东: 28头, 辽宁15头)变化不大, 即当苹果绵蚜密度达到一定水平时, 日光蜂寄生量趋向稳定。当1、2、3、4、5对日光蜂分别寄生一个苹果绵蚜群落时, 山东支系寄生量分别为25、22.5、19、17.5、16头, 辽宁支系寄生量分别为18、14、11、10、8头, 天敌寻找效应与天敌本身密度密切相关, 在一定空间内, 天敌数量增加, 相互间干扰现象逐渐增强, 从而使天敌的寻找效应降低。日光蜂的寻找效应随着自身密度的增加而降低。对山东支系日光蜂与辽宁支系日光蜂的功能反应进行比较后发现, 攻击能力: 辽宁支系弱于山东支系。但日光蜂寄生量都会随苹果绵蚜密度的增加而增加。当苹果绵蚜密度达到一定水平时, 日光蜂寄生量趋向稳定。寻找效应: 辽宁支系弱于山东支系。但日光蜂的寻找效应都会随着自身密度的增加而降低。为日光蜂不同支系杂交, 提高对苹果绵蚜控制能力提供了依据。

关键词: 日光蜂, 苹果绵蚜, 攻击能力

*通讯作者, E-mail: hxzhouqd@sina.cn

一种异色瓢虫幼虫橙红色突变体的遗传性状 及生物学特性研究

孙元星 刘同先

旱区作物逆境生物学国家重点实验室 农业部黄土高原作物有害生物综合治理重点实验室

西北农林科技大学, 陕西杨凌 712100

【目的】探索异色瓢虫幼虫橙红色突变体的遗传性状, 并就突变对其生长发育及生殖的影响进行探究。**【方法】**建立橙红色幼虫突变体与正常黑色幼虫品系, 按照孟德尔遗传学实验进行杂交, F1 代自交并与亲代回交。单头饲养统计成虫发育历期、新羽化成虫体重, 产卵量及孵化率, 并测定新羽化成虫鞘翅类胡萝卜素的浓度。**【结果】**(1) A (♀(黑)×♂(黑)), B (♀(黑)×♂(橙红)), C (♀(橙红)×♂(黑)) 的 F1 代幼虫均为黑色, 而 D (♀(橙红)×♂(橙红)) 的 F1 代幼虫为橙红色。F1 代自交: 处理 A 的 F1 代自交子代均为黑色个体, 处理 D 的 F1 代自交子代均为橙红色个体; 处理 B 和 C 的 F1 代自交与杂交后, 子代个体中黑色: 橙红色=3:1。F1 与亲代回交: ♀(B, C)×♂(黑), ♀(黑)×♂(B, C) 子代个体均为黑色; ♀(B, C)×♂(橙红), ♀(橙红)×♂(B, C) 子代个体中黑色: 橙红色=1:1。(2) 与正常黑色个体相比, 异色瓢虫幼虫橙红色突变体的成虫发育历期无显著差异; 突变体的雌雄成虫体重及鞘翅类胡萝卜素浓度较正常个体均显著降低。(3) A 的产卵量显著高于 C、D, 但与 B 差异不显著; A 的卵孵化率显著高于 B, C, D。**【结论】**异色瓢虫幼虫橙红色突变为单基因控制的纯合子隐性性状, 且该突变对生长发育及成虫生殖具有重要影响。

关键词: 异色瓢虫, 幼虫, 体色突变, 遗传性状, 生物学特性

比较两种多寄主型寄生蜂在葡萄园及 临近半自然植被中的分布

冯毅^{1, 2*} Steve Wratten³ Harpinder Sandhu⁴ Michael Keller¹

1. 阿德莱德大学农业食品与葡萄酒学院, 澳大利亚阿德莱德 5005; 2. 西北农林科技大学 农业部西北黄土高原作物有害生物综合治理重点实验室, 陕西杨凌 712100; 3. 林肯大学生物保护研究中心, 新西兰林肯 7647; 4. 弗林德斯大学环境学院, 澳大利亚阿德莱德 5042

【目的】研究共同寄生一种卷叶蛾 *Epiphyas postvittana* (Walker) (Lepidoptera: Tortricidae) 的两种多寄主型寄生蜂 *Dolichogenidea tasmanica* (Cameron) (Hymenoptera: Braconidae) 和 *Therophilus unimaculatus* (Turner) (Hymenoptera: Braconidae) 在葡萄园及周边半自然植被的分布; 比较两种寄生蜂对 *E. postvittana* 在两种寄主植物 *Vitis vinifera* L., 和 *Plantago lanceolata* L. 上的寄生率; 以及明确两种寄生蜂的寄主范围。【方法】通过 2 年田间试验, 利用先锋植物-昆虫系统比较 *E. postvittana* 在阿德莱德山区 8 个葡萄园及临近半自然植被中的寄生率, 同时比较 *E. postvittana* 在两种寄主植物 *V. vinifera*, 和 *P. lanceolata* 上的寄生率。在每个试验地周期性地采集天然存在的卷叶蛾幼虫, 用于分析天然寄生率和主要寄生蜂的种类。通过 DNA 条形码技术分析鉴定田间采集的被 *D. tasmanica* 和 *T. unimaculatus* 寄生的卷叶蛾幼虫种类并比较这两种寄生蜂的寄主范围。【结果】*T. unimaculatus* 主要分布在葡萄园邻近的半自然植被中, *D. tasmanica* 主要分布在葡萄园。*D. tasmanica* 对 *E. postvittana* 在 *V. vinifera* 上的寄生率显著高于在 *P. lanceolata* 上的寄生率。*D. tasmanica* 和 *T. unimaculatus* 为寄生天然卷叶蛾幼虫的两种主要寄生蜂, DNA 条形码分析结果表明这两种寄生蜂共同寄生多种卷叶蛾寄主。【结论】研究结果表明两种共同寄生同一类卷叶蛾的多寄主型寄生蜂偏好不同的寄主环境, 这种生境偏好可能是由农田生境及其临近半自然植被中的多种生物及非生物因素综合决定的。葡萄园周边半自然植被并非总能为葡萄园提供特定天敌的自然生物防治服务。

关键词: 农田生态系统, 寄生蜂, 天敌, 卷叶蛾

*通讯作者, E-mail: yifeng@nwsuaf.edu.cn

昆虫病原线虫的分离鉴定及生物学特性分析*

张红玉** 韩岚岚 李 冉 赵奎军*** 程 媛

东北农业大学农学院, 黑龙江哈尔滨 150030

【目的】昆虫病原线虫是一类具有潜在应用价值的害虫生物防治资源。【方法】本研究通过分子生物学方法对采自山东省邹城花生田的昆虫病原线虫 JNR 进行了鉴定, 研究了其生物学特性, 进而发掘其应用潜力。【结果】结果显示: 扩增得到 ITS 基因和 D2-D3 基因, 并综合分析其 ITS-1 基因与 D2-D3 基因, 判定线虫 JNR 为嗜菌异小杆线虫 *Heterorhabditis bacteriophora* 品系。通过对其生物学特性分析, 得出该线虫对大蜡螟和小菜蛾在低剂量 10 IJs/虫下, 致死效果相近。不同剂量对小菜蛾进行处理 24 h 后, 即出现死亡, 大蜡螟则在 48 h 后出现死亡; 大于 20 IJs/虫剂量下, 处理 48 h 后, 线虫对大蜡螟的校正死亡率高于对小菜蛾的侵染效果。在剂量 120 IJs/虫以上, 72 h 后, 寄主的校正死亡率均能达到 100%。异小杆线虫 JNR 在 38℃ 条件下有一定耐热能力, 处理 32 h 仍有存活; 40℃ 水浴处理 2 h, 高浓度下校正死亡率达到 95%, 3 h 后全部死亡。在 30℃ 条件下, JNR 水平运动能力比在 18℃、25℃ 时强, 48 h 时, 有 31% 的个体运动到 3.6 cm 处。【结论】研究表明, 该线虫品系有较强的侵染力、耐热力和水平运动能力, 具有被开发应用的潜力。

关键词: 嗜菌异小杆线虫, 分离鉴定, 生物学特性, 侵染力, 耐受力

*基金项目: 公益性行业(农业)专项基金(201103002); 现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-04)。

**作者简介: 张红玉 (1990-), 硕士研究生, 山东泰安人, E-mail: hongyuz1990@126.com

***通讯作者, 博士生导师, E-mail: kjzhao@163.com

人工饲料对黄玛草蛉繁殖发育的影响

叶静文^{1,2} 戴建青² 李军² 李志刚² 陆永跃¹ 韩诗畴^{2*} 曾玲^{1*}

1. 华南农业大学, 红火蚁研究中心, 广东广州 510642; 2. 广东省昆虫研究所, 广东省农业害虫综合治理重点实验室, 广东省野生动物保护与利用公共实验室, 广东广州 510260

黄玛草蛉 *Mallada basalis* (Walker) 隶属脉翅目 Neuroptera、草蛉科 Chrysopidae、玛草蛉属 *Mallada*, 是一种重要的捕食性天敌昆虫, 其捕食范围很广, 搜寻能力较强。本文是为了研究一种适用于黄玛草蛉的人工饲料, 以降低其大规模人工扩繁的成本。本文分析了以三种人工饲料饲养的黄玛草蛉的发育历期、产卵历期、存活率、产卵量等。研究结果表明, 对于3龄幼虫发育历期, 以饲料1饲养的为4.48 d, 明显短于以饲料2 (6.92 d) 和饲料3 (5.68 d) 饲养的。对于蛹的发育历期, 以饲料3饲养的为8.18d, 明显短于以饲料1 (9.05d) 和饲料2 (10.00 d) 饲养的。对于成虫寿命, 三种饲料之间差异显著, 分别为39.40d, 4.75d 和30.11 d。对于产卵历期, 饲料1 (22.70 d) 明显比饲料3 (5.25 d) 长。对于单雌产卵量和总产卵量, 饲料1的分别16.41 粒/d 和476.67 粒, 明显多于饲料3的3.11 粒/d 和19.75 粒。饲料2的雌成虫不产卵。三种饲料的孵化率和化蛹率都差异显著, 其中饲料1的最大, 别为100.0%和63.3%, 饲料2的最小, 分别为53.33%和16.19%。对于新卵孵化率, 饲料1和饲料3之间差异显著, 分别为70.4%和63.0%。我们发现饲料1和饲料3都可以使黄玛草蛉繁殖发育, 但是饲料1比饲料3效果好。这可能是因为饲料1的鸡蛋含量是饲料2、3的两倍, 鸡蛋黄具有很高的营养成分; 只有饲料1含有蜂蜜; 三种饲料都含有海藻糖, 这可作为昆虫的替代物质。本文的研究结果可以为重要的捕食性天敌昆虫草蛉的大规模人工扩繁提供理论依据。

关键词: 人工饲料, 黄玛草蛉, 大规模扩繁, 繁殖发育

*通讯作者

温度对赤眼蜂体内共生菌 *Wolbachia* 含量的影响*

陈茜^{1,2**} 王丽艳^{1,2***} 赵长江^{1,2} 张海燕^{1,2***} 丛斌³

1. 黑龙江八一农垦大学农学院, 黑龙江大庆 163319; 2. 黑龙江省普通高校寒地作物种质改良与栽培重点实验室, 黑龙江大庆 163319; 3. 沈阳农业大学植物保护学院, 辽宁沈阳 110866

节肢动物细胞内共生菌 *Wolbachia* 可调控宿主的生殖行为, 在生物防治和疾病控制等领域具有广阔应用前景。已有大量研究表明高温处理导致共生菌调控宿主生殖方式的改变或弱化, 而且 *Wolbachia* 剂量与宿主细胞质不亲和(Cytoplasmic Incompatibility, CI)生殖方式强度正相关。但 *Wolbachia* 在高温引起孤雌生殖(Parthenogenesis-Inducing, PI)宿主生殖改变中的作用鲜有报道。【目的】为揭示不同温度下营孤雌生殖赤眼蜂生殖方式的改变与体内 *Wolbachia* 的关系, 即明确共生菌调控 PI 生殖方式改变作用机理, 深入探索 *Wolbachia* 与昆虫宿主之间相互作用的分子机制。【方法】本研究以营孤雌生殖的食胚赤眼蜂为对象, 采用 22℃、25℃、28℃、31℃ 等 4 个不同温度连续继代培养 5 代, 观察生殖方式等生物学特性变化; 并取样对 *Wolbachia* 的含量及多态性进行分析。采用实时荧光 PCR 对 *Wolbachia* 特异基因: 外膜蛋白(Outer surface protein, *wsp*)和酰胺转移酶 (amidotransferase, subunit B, *gatB*) 进行绝对定量分析, 采用 MLST(Multigene Sequence Typing System)方法对不同温度下每代赤眼蜂体内 *Wolbachia* 进行多态性分析。【结果】22℃ 和 25℃ 处理时, 五代食胚赤眼蜂生殖方式未发生改变, 五代处理群体 *Wolbachia* 含量没有明显变化; 28℃ 处理时, 食胚赤眼蜂在 F₃ 代开始有雄蜂出现, 至 F₅ 代雄蜂比例明显增多, 体内 *Wolbachia* 含量亦在 F₃ 代开始下降, 至 F₅ 代显著下降; 31℃ 处理时, F₂ 代即有雄蜂出现, 至 F₅ 代已经恢复成孤雌产雄生殖, 体内 *Wolbachia* 含量也在 F₂ 代开始下降, F₃ 代开始显著降低, 到 F₅ 代 *Wolbachia* 含量极少甚至检测不到。另外, 上述不同温度不同代数赤眼蜂体内 *Wolbachia* 的多样性均未发生改变。【结论】高温可改变营孤雌生殖赤眼蜂的生殖方式及体内 *Wolbachia* 含量, 且随着处理时间的延长以及温度的升高作用显著。即高温对营孤雌生殖赤眼蜂生殖方式改变程度与其体内 *Wolbachia* 含量负相关。该研究阐述了温度介导的 *Wolbachia* 调控 PI 赤眼蜂生殖的机理, 丰富了共生菌 *Wolbachia* 对宿主生殖调控的理论, 为进一步分析 *Wolbachia* 调控宿主 PI 生殖的分子机制奠定基础。

关键词: *Wolbachia*, 食胚赤眼蜂 (*Trichogramma embryophagum*), 温度, AQ-PCR

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31301714); 教育部博士点基金 (20132305120001); 黑龙江八一农垦大学引进人才科研启动基金项目; 寒地作物种质改良与栽培重点实验室开放课题; 黑龙江八一农垦大学研究生创新项目。

**作者简介: 陈茜, 女, 1991 年 4 月生, 黑龙江大庆人, 硕士研究生, 研究方向为农业昆虫与害虫防治, E-mail: cxnevergiveup@163.com

***通讯作者, E-mail: byndwly@126.com; E-mail: zhanghy51@126.com

冷藏温度和基质对拟长毛钝绥螨存活率的影响*

董杰** 岳瑾 乔岩 王品舒 张金良 袁志强 杨建国***

北京市植物保护站, 北京 100029

【目的】明确不同冷藏温度和冷藏基质对拟长毛钝绥螨 *Amblyseius pseudolongispinosus* 存活率的影响, 为该螨大量繁殖和田间应用提供理论依据。**【方法】**本研究在 2℃、6℃和 10℃三个温度下测试了拟长毛钝绥螨雌成螨在叶片+叶螨、蛭石+叶螨和蛭石三种冷藏基质中冷藏不同时间后的存活率。**【结果】**冷藏温度和冷藏基质均对拟长毛钝绥螨雌成螨的存活率有显著影响。在 6℃和 10℃温度下, 叶片+叶螨、蛭石+叶螨和蛭石 3 种冷藏基质中拟长毛钝绥螨雌成螨存活率都显著高于在 2℃温度下的存活率。用蛭石+叶螨基质及蛭石基质在 6℃条件下冷藏 30~40 d 和在 10℃条件下冷藏 20~40 d 的存活率均显著高于叶片+叶螨基质。蛭石+叶螨基质及蛭石基质在 6℃条件下冷藏 40 d 和在 10℃条件下冷藏 35 d 的存活率没有显著差异。**【结论】**拟长毛钝绥螨雌成螨短期保存时, 可将带有雌成螨的植物叶片剪下至于 6℃和 10℃温度下冷藏。当保存时间超过 15 d 时, 用蛭石+叶螨或蛭石作为冷藏基质, 拟长毛钝绥螨存活率更高。

关键词: 拟长毛钝绥螨, 冷藏, 存活率

*基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(200903032)、北京市农业局试验示范项目(PXM2014_036203_000007)。

**E-mail: dongjiefine@126.com

***通讯作者, E-mail: yangjguo@126.com

白僵菌发酵液对 3 种线虫生物活性的比较研究*

路文雅 赵 鑫 李正阳 董建臻**

河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071001

植物寄生线虫是一类重要的病原微生物, 分布广、种类多, 给农林业生产造成严重危害。长期以来主要以化学方法防治植物寄生线虫, 人工合成的杀线虫剂, 毒性高, 易导致线虫产生抗药性, 更重要的是严重污染人类生存环境, 因此生物防治越来越受到重视, 特别是利用真菌的代谢产物控制线虫病害在国内外已取得了显著的成果, 其中白僵菌是研究较多的一种, 它的杀虫谱广泛, 可产生白僵菌素、球孢白僵菌素、卵孢毒素以及其他毒素, 是一类非常有潜力的线虫生防真菌。目前白僵菌发酵液对植物寄生线虫的研究较少, 尤其对山药短体线虫 (*Pratylenchus* sp.) 的研究还未见报道。因此本试验通过 10 株白僵菌发酵液对山药短体线虫 (*Pratylenchus* sp.) 和黄瓜根结线虫 (*Meloidogyne* spp.) 以及 1 种生防线虫小卷蛾斯氏线虫 (*Steinernema carpocapsae* All) 生物活性的测定, 以期筛选出对 2 种植物线虫具有高毒力发酵液的菌株, 为植物线虫防治提供理论依据, 同时明确白僵菌发酵液对生防线虫的影响。

主要研究结果: 选取实验室保存的 10 株白僵菌, 经过液体摇床发酵培养、离心过滤得到其发酵液。然后将发酵液分别与 3 种线虫悬液在 24 孔板上混匀, 于 24、48 h 观察计算校正死亡率。结果表明, 10 种白僵菌发酵液对山药短体线虫及根结线虫均有生物活性, 但菌株之间存在显著性差异。其中对山药短体线虫具有高毒力的菌株为 BD-B173、BD-B180、BD-B061-3 和 BD-B315, 24 h 校正死亡率分别为 97.20%、96.52%、91.21%、90.32%; 48h 校正死亡率分别为 97.24%、97.68%、92.51%、94.99%。对黄瓜根结线虫高毒性的菌株为 BD-B061-3、BD-B198 和 BD-B118, 24 h 校正死亡率分别为 97.52%、91.63%、80.95%; 48 h 校正死亡率分别为 98.74%、95.14%、87.09%。同时发现, 10 种白僵菌发酵液对小卷蛾斯氏线虫的生物活性较低, 24 及 48 h 的校正死亡率均不超过 10%。

关键词: 白僵菌, 发酵液, 线虫, 生物活性

*基金项目: 河北蔬菜线虫防治专项目; 河北农业大学科研发展基金计划项目。

**通讯作者, E-mail: djz116@sina.com

拟小食螨瓢虫成虫的猎物搜索行为*

陈俊谕^{1**} 马华博² 李 磊¹ 牛黎明¹ 韩冬银¹ 张方平¹ 符悦冠^{1***}

1. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南海口 571101;

2. 海南大学环境与植物保护学院, 海南海口 570228

【目的】对比分析拟小食螨瓢虫成虫在饥饿和未饥饿状态下其取食前后的搜索行为特征, 为探明其搜索行为的生态学机制提供参考。**【方法】**基于 Nakamuta 装置原理, 跟踪并绘制饥饿和未饥饿状态下拟小食螨瓢虫成虫取食前后的运动轨迹, 采用 ArcGIS 空间分析模块对运动轨迹进行处理, 获取其统计参数, 对比分析该瓢虫在两种状态下取食前后的搜索距离、搜索速度、搜索角度变化等特征, 并阐述其搜索行为特性。**【结果】**饥饿 24 h 和未饥饿瓢虫取食单头朱砂叶螨所需时间分别为 5.99 ± 0.91 min 和 2.25 ± 0.58 min。饥饿 24 h 的瓢虫在取食前多呈直线或锐角行走, 运动轨迹主要分布于试验区域近边缘处, 且各停点间曲线距离、搜索速度均大于取食后; 取食后掉头次数频繁, 活动角度转换增大, 运动轨迹主要在猎物附近区域进行搜索, 且在取食后 60~75 s 的搜索距离、搜索速度与取食前均存在显著差异。未饥饿状态瓢虫取食前后运动轨迹角度波动较大, 无明显规律, 且各停点间的曲线长度、搜索速度经 t 检验无显著差异。**【结论】**拟小食螨瓢虫成虫对猎物的搜索行为受其饥饿状态的影响。饥饿状态下, 取食前为广域型搜索, 取食后一段时间内为地域集中型搜索; 未饥饿状态下的瓢虫取食前后的搜索行为则无明显规律, 其搜索类型兼有广域和地域集中型搜索特征, 具有一定随机性。

关键词: 拟小食螨瓢虫, Nakamuta 装置, 搜索行为, 轨迹, ArcGIS

*基金项目: 南亚办项目 (14RZBC-15)。

**作者简介: 陈俊谕, 女, 汉族, 海南文昌, 硕士, E-mail: jychencn@163.com

***通讯作者, 男, 研究员, E-mail: fygcatas@163.com

高含量苏云金杆菌可湿性粉剂对茶尺蠖的田间防效测定*

龙 同^{1,4**} 罗业文² 雷该翔³ 曹春霞^{1,4} 杨妮娜^{1,4} 朱志刚^{1,4} 黄大野^{1,4} 杨自文^{1,4}

1. 湖北省生物农药工程研究中心, 湖北武汉 430064; 2. 利川市农业局, 湖北利川 445400; 3. 赤壁茶产业
发展局, 湖北赤壁 437300; 4. 湖北省创新中心生物农药分中心, 湖北武汉 430064

在鄂东南茶叶种植区, 采用喷雾法实施了自制高含量苏云金杆菌(50000 IU/mg 苏云金杆菌可湿性粉剂, 晶体蛋白含量为 8.3%)防治茶尺蠖的田间药效测定试验。试验结果表明: 50000 IU/mg 苏云金杆菌可湿性粉剂对茶尺蠖 2~3 龄幼虫的田间防治效果随着施药剂量的增加与药后时间的延长而升高, 每公顷使用量 900~450 g, 药后 1 d 对茶尺蠖 2~3 龄幼虫防效较低, 防效为 36.94%~28.14%; 药后 3 d 防效达到 86.35%~77.96%; 药后 7 d, 对茶尺蠖 2-3 龄幼虫防效显著, 达到 94.41%~86.43%, 每公顷使用 900~675 g 与对照药剂 2.5%联苯菊酯 EC 无显著差异。苏云金杆菌是一种全球公认的低毒、环保、安全生物农药, 50000 IU/mg 苏云金杆菌可湿性粉剂值得在茶叶种植区大面积推广。

关键词: 高含量苏云金杆菌, 50000 IU/mg, 茶尺蠖, 防效, 田间试验

*基金项目: 国家 863 科技计划(2011AA10A201); 湖北省农业科技创新中心基金项目(2007-620-001-03-08)。

**作者简介: 龙同(1980-), 男, 湖北嘉鱼人, 博士, 主要从事微生物农药研究与开发工作, Tel.: 027-59101989

E-mail: longtongE-mail@126.com

昆虫细胞系的建立及其应用

颜 晓 郑桂玲 李长友

青岛农业大学农学与植物保护学院，山东青岛 266109

自 20 纪 50~60 年代成功建立了可传代的昆虫细胞系以来，目前国内外已至少从双翅目、鳞翅目、鞘翅目等多个目的 170 多种昆虫中建立了 800 余株细胞系。相对于庞大的昆虫群体，目前已建立细胞系的昆虫种类仅占已知种类的万分之一，其中蕴藏着丰富的资源，建立并发掘具有某种特定性状的新型细胞系仍是许多人正在进行的工作。随着昆虫细胞培养技术的日趋成熟，昆虫细胞系在生物学领域的基础研究以及农学、医学等方面的实际应用等方面均发挥着重要的作用，主要体现在以下几方面：昆虫细胞系为昆虫病理学、病毒学以及专性细胞内寄生物的基础研究（侵染、复制机理以及病原与宿主相互关系等）提供了理想的体系；随着杆状病毒表达载体—昆虫细胞离体培养系统的发展，昆虫细胞更是被广泛的应用于重组病毒杀虫剂生产、外源重组蛋白的表达以及新型药物和疫苗的研发；昆虫细胞具有生长周期短、生长状况均一、受外界环境影响小等特点，为杀虫剂（特别是生物杀虫剂）的离体生物测定、活性筛选以及作用机理研究等提供良好的实验材料；近年来，随着多种生物和昆虫基因组序列测定的完成，基因组学研究正在从结构基因组学转向功能基因组学的整体研究，CRISPR/Cas9 等新技术在家蚕等昆虫细胞中的成功应用更方便了人们在细胞中对其基因组的遗传操作，昆虫细胞系将为昆虫分子生物学和功能基因组学的研究提供更加有效和便利的手段。

关键词：昆虫细胞系，杆状病毒，生物杀虫剂，重组蛋白，基因功能

对甜菜夜蛾高杀虫毒力的苏云金杆菌菌株的筛选及鉴定

张雅昆¹ 赵丹¹ 郭巍^{1,2}

1. 河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000; 2. 北京农学院植物科学技术学院, 北京 102206

【目的】筛选对甜菜夜蛾 *Spodoptera exigua* (Hübner) 具有高杀虫毒力的苏云金杆菌 (*Bacillus thuringiensis*, *Bt*) 菌株, 并对其包含的 *cry* 基因类型、表达产物进行鉴定分析。**【方法】**利用饲料表面覆盖法测定 *Bt* 菌株杀虫活性, 利用 SPSS 软件计算 LC_{50} 值, 比较 LC_{50} 值筛选对甜菜夜蛾高杀虫毒力 *Bt* 菌株, 利用 PCR-RFLP 结合测序方法鉴定 *Bt* 菌株所含 *cry* 基因类型, 油镜 (100×) 下观察 *Bt* 菌株晶体形态, SDS-PAGE 分析 *Bt* 菌株表达产物。**【结果】**从本实验室已分离保存的 *Bt* 菌株中筛选出了 10 株对甜菜夜蛾具有较高杀虫毒力的菌株, 该 10 株 *Bt* 菌株对甜菜夜蛾初孵幼虫的 LC_{50} 值为 0.556~2.984 mg/mL 胞晶混合物; 该 10 株 *Bt* 菌株的晶体主要是大菱形、小菱形、球形、不规则形等几种形态; 15 株 *Bt* 菌株中, 6 株含有 *cry1Aa*、*cry1Ab*、*cry1L* 等 *cry1* 类基因, 3 株含有 *cry1I* 类基因, 9 株含有 *cry2Ab*、*cry2Ad*、*cry2Ah* 等 *cry2* 类基因, 3 株含有 *cry7A* 类基因, 1 株含有 *cry9B* 类基因; 这些菌株主要表达约 130~150 kDa 的 Cry1 类蛋白和约 60 kDa 的 Cry2 类蛋白, 部分菌株还表达较弱的约 80 kDa 蛋白。**【结论】**筛选得到 10 株对甜菜夜蛾具有较高杀虫毒力的 *Bt* 菌株, 并对其包含的 *cry* 基因类型及表达产物进行了鉴定分析, 为甜菜夜蛾的生物防治及环境友好型生物药剂的开发提供了新的菌株及基因资源。

关键词: 苏云金杆菌, 甜菜夜蛾, 杀虫活性, *cry* 基因

Cry8Ea2 杀虫蛋白对华北大黑鳃金龟幼虫中肠 微生物菌群影响的研究

王 伟¹ 郭 巍^{2*}

1. 河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071001; 2. 北京农学院植物科学技术学院, 北京 102206

【目的】Bt Cry8Ea2 杀虫蛋白对华北大黑鳃金龟具有高杀虫活力, 本研究通过比较正常饲喂和饲喂 Cry8Ea2 蛋白的华北大黑鳃金龟二龄幼虫中肠微生物菌群变化, 揭示 Cry8Ea2 蛋白对微生物菌群的影响, 为探讨 Cry 蛋白杀虫机理提供新思路。**【方法】**本研究通过中肠微生物宏基因组 16S rDNA 的 PCR-RFLP 分析。提取华北大黑鳃金龟幼虫中肠微生物宏基因组 DNA, PCR 扩增总 16S rDNA, 连接到 T-载体上, 转化 *E.coli*, 鉴定挑选含 16S rDNA 的阳性克隆。对阳性克隆所携带的 16S rDNA 进行 PCR 扩增, 进行限制酶消化, 分析酶切片段多态性。选取 300 个携带 16S rDNA 的阳性克隆, PCR-RFLP 带型相同的克隆认定为相同克隆, 对不同克隆的 16S rDNA 进行序列测定, 与 NCBI 数据库进行对比分析, 确定中肠微生物种属。**【结果】**正常饲喂的华北大黑鳃金龟幼虫中肠微生物种群含有 35 种细菌, 优势细菌菌群为 (*Desulfosporosinus*), 梭菌属 (*Clostridium*) 和芽孢杆菌属 (*Bacillus*), 其中 5 种细菌在 NCBI 数据库中尚无登记; 饲喂的 Cry8Ea2 蛋白的华北大黑鳃金龟幼虫中肠微生物种群检测出 4 种细菌, 优势菌群为肠球菌属 (*Enterococcus*) 和链球菌属 (*Streptococcus*)。**【结论】**通过本研究发现正常饲喂的华北大黑鳃金龟二龄幼虫中肠微生物的菌群结构丰富。饲喂 Cry8Ea2 蛋白后, 使中肠微生物的菌群结构发生了明显变化。饲喂 Cry8Ea2 蛋白中肠微生物菌群的多样性和丰度都有很大的差异性, 这可能是由于 Cry8Ea2 蛋白对中肠内的 pH 值, 离子环境产生影响, 从而改变了中肠微生物的生境所引起的。

关键词: Cry8Ea2 蛋白, 华北大黑鳃金龟, 16S rDNA, PCR-RFLP

*通讯作者

八角茴香提取物的 GC-MS 分析及其与 黄绿绿僵菌对桃蚜的生物活性

李世广¹ 花日茂² 林华峰¹ 李茂业¹ 黄衍章¹ 刘 苏¹ 窦婷婷¹ 王 卅¹

1. 安徽农业大学植物保护学院, 安徽合肥 230036; 2. 安徽农业大学科技处, 安徽合肥 230036

桃蚜主要危害蔬菜、果树、园林花卉、烟草等, 并可传播多种植物病毒, 是极其重要的农林业害虫之一。在对八角茴香提取物化学成分检测与分析的基础上, 测定其单独作用及其与黄绿绿僵菌 Mf82 联合作用对桃蚜的生物活性, 为将植物源杀虫活性成分与昆虫病原真菌合理混用提供实验依据。

1. 八角茴香提取物的制备及其化学成分的 GC-MS 分析

以甲醇、乙酸乙酯、石油醚3种有机溶剂对八角茴香干果粉末进行常温浸提, 提取率分别为23.67%、14.21%和14.00%; 通过GC-MS对提取物中的化学成分进行检测与定性定量分析, 从甲醇、乙酸乙酯、石油醚提取物中分别鉴定出43、56和60种化合物, 其中杀虫活性成分反式茴香脑的含量分别为41.14%、52.54%和72.25%, 含量大于1.0%的化合物分别为11、8和6种, 这为将来对八角茴香进一步开发利用提供了线索。

2. 八角茴香提取物对桃蚜的生物活性及生长发育的影响

生物活性测定结果表明: 八角茴香的3种溶剂提取物对桃蚜具有忌避、拒食和触杀活性, 其中以乙酸乙酯提取物的活性最强。对桃蚜发育历期的影响试验显示: 在25℃下, 喷施0.1 mg/mL的甲醇提取物后, 若蚜的发育历期延长了2 d以上, 从而延缓了桃蚜种群的增长, 也为真菌的侵染赢得了时间, 这为八角茴香提取物与黄绿绿僵菌混用增效提供了实验依据。

3. 八角茴香提取物与黄绿绿僵菌对桃蚜的联合毒力

黄绿绿僵菌对桃蚜的毒力与孢子剂量成明显的正相关, 且相同剂量下各虫态的死亡率大小为: 成虫>高龄若虫>低龄若虫, 若蚜的死亡率较低, 可能是因其脱皮摆脱了真菌的感染造成的。八角茴香提取物、黄绿绿僵菌孢子悬浮液单独使用及二者单用剂量减半后混合喷雾处理桃蚜若虫, 结果表明: 混用的累积校正死亡率显著高于单用, 并且加快了真菌的杀虫速度。

关键词: 八角茴香, 黄绿绿僵菌, 桃蚜, 生物活性

不同球孢白僵菌菌株对星天牛幼虫的致病力研究*

蔡守平**

福建省林业科学研究院/国家林业局南方山地用材林培育重点实验室, 福建福州 350012

星天牛 *Anoplophora chinensis* 是一种危险性林业有害生物, 分布范围广、寄主种类多, 且防治困难, 为林业、园林上重要的蛀干害虫, 在东南沿海防护林木麻黄 (*Casuarina* spp.) 林中, 星天牛普遍发生, 危害严重, 部分林分有虫株率可达 50%以上, 受害后木麻黄植株极易风折或死亡, 严重影响了木麻黄海防林的防护效益持续发挥。本文研究了 8 株球孢白僵菌菌株的生物学特性及其对星天牛幼虫的致病力, 旨在筛选出可用于该虫生物防治的高致病力菌株。研究表明, 不同球孢白僵菌菌株的生长速度、产孢量和对星天牛幼虫致病力的差异十分显著。不同球孢白僵菌菌株采用浸渍法接种 15 d 后, 星天牛幼虫累积死亡率在 70%~100%之间, 接种 BbXJ-11 和 BbQZ-02 菌株的较高, 均达到 100%; 同时接种这 2 个菌株的星天牛幼虫僵虫率(感染率)也高, 分别达到 90%和 80%; 致死中时(LT₅₀)短, 分别为 5.38 和 5.83 d。说明该 2 个菌株对星天牛幼虫的致病力较强, 同时, 这 2 个菌株的生长速度快、产孢量高, 故可作为用于星天牛防治的优良菌株进一步加以利用。

关键词: 球孢白僵菌, 星天牛, 致死中时 (LT₅₀), 僵虫率, 生物学特性

*基金项目: 福建省省属公益类科研院所基本科研专项 (2014R1011-2)、闽林研[2013] 38 号。

**作者简介: 蔡守平 (1981-), 男, 高级工程师, 从事森林害虫生物防治研究。E-mail: caishouping@163.com

对西花蓟马具有高效致病力的球孢白僵菌菌株筛选

张璐璐

中国农业科学院植物保护研究所植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100193

【目的】球孢白僵菌(*Beauveria bassiana*)作为一种重要的虫生真菌, 经室内生测和大田试验对西花蓟马具有较好的防治效果, 但其继代培养多代后毒力和产孢量会有不同程度的下降, 严重制约了球孢白僵菌的规模化生产和应用。【方法】通过 28 株球孢白僵菌菌株对西花蓟马毒力进行测定, 并对高毒力的球孢白僵菌菌株继代培养多代后对其毒力和产孢量进行比较, 以筛选出不易退化的适合田间应用和规模化生产的球孢白僵菌菌株。【结果】28 株球孢白僵菌菌株中有 7 株白僵菌菌株 SDDZ-9、XJWLMQ-32、XJWLMQ-49、GZGY-1-3、SCWJ-2、SCWJ-9、JLGZL-14 对西花蓟马表现出较快的致病性和较强的致病力, 显著优于其它白僵菌菌株。7 株高毒力的球孢白僵菌菌株经继代培养之后不同世代对西花蓟马的致病力呈现下降趋势, 其中 GZGY-1-3 从第 3 代开始, 对西花蓟马的致病力显著降低, 对西花蓟马的 LT50 值由第 1 代的 3.34 上升至第 5 代的 4.48, 对西花蓟马的校正累积死亡率也由第 1 代的 92.52% 降至第五代的 68.91%, XJWLMQ-32 继代培养 5 代后对西花蓟马的致病力有所下降, 但无显著差异。经固体发酵后对其产孢量进行测定发现经继代培养之后不同世代所得到的产孢量有所下降, 其中 GZGY-1-3 从第 3 代开始产孢量显著下降, 3.45×10^9 个/g 大米降低到 1.05×10^9 个/g 大米, XJWLMQ-32 产孢量下降不明显, 仅降低 0.54%, 可作为后期规模化生产菌株。【讨论】获得了一株经继代培养多代后对西花蓟马仍具有高效致病力的菌株 XJWLMQ-32, 此菌株经继代培养 5 代后退化不明显, 具有较高的活力, 是一株具有生产潜力的菌株, 可作为规模化生产和推广应用菌株。

关键词: 球孢白僵菌, 西花蓟马, 继代培养, 致病力, 产孢量

球孢白僵菌对葱蚜高毒菌株筛选与制剂的研发

张 慧* 雷仲仁**

中国农业科学院植物保护研究所植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100193

葱蚜 *Neotoxoptera formosana* (Takahashi) 是一种对葱属作物有毁灭性危害的农业害虫, 被害的幼嫩叶片可致扭曲, 全株各叶均有葱蚜时, 生长受阻, 虫量大时, 叶片逐渐干枯, 严重时全株死亡。葱蚜个体小, 具有隐匿性强, 繁殖快, 抗逆性强的特点, 大量化学农药的使用, 使其产生了抗药性, 危害食品安全。球孢白僵菌 (*Beauveria bassiana*) 作为一种重要的昆虫病原真菌, 因其具有寄主范围广, 易于培养, 致病性强, 对温血动物安全等特点, 已被开发成多种制剂应用于害虫的生物防治。为了筛选出对葱蚜高效的球孢白僵菌株, 并适用于大田作物的生产, 我们通过浸虫法, 对 10 株球孢白僵菌进行葱蚜成虫的室内毒力测定, 到第八天, 累计校正死亡率均超过 50%, 死亡率最高的是 SDDZ-9, 累计校正死亡率为 $81.36\% \pm 4.54\%$, 死亡率最低的是 HLJTL-30, 累计校正死亡率为 $50.15\% \pm 8.19\%$ 。致死中时最长的为 SCWJ-7 为 8.7 d, 最短为 SDDZ-9 为 3.25d。筛选出 1 株对葱蚜成虫高毒力的菌株——球孢白僵菌 SDDZ-9 菌株。不同制剂的室内生测试验表明, 可湿性粉剂在 10^7 孢子/mL 的喷雾浓度下, 8 d 后对葱蚜成虫的累计死亡率为 74.54%; 球孢白僵菌和吡虫啉菌药协同作用为 86.18%。需要进行下一步的田间试验确定大田防治效果。本研究显示出利用球孢白僵菌制剂及其与低剂量吡虫啉混用防治葱蚜的良好应用前景。

关键词: 球孢白僵菌, 葱蚜, 制剂, 生物防治

*作者简介: 张慧, 女, 硕士研究生

**通信作者: 雷仲仁, Tel: 010-62815930; E-mail: leizhr@sina.com

红棕象甲幼虫致病细菌的分离鉴定*

蒲宇辰** 石章红 侯有明***

福建农林大学植物保护学院, 福建省昆虫生态重点实验室,
农业部闽台作物有害生物综合治理重点实验室, 福建福州 350002

【目的】分离和鉴定对红棕象甲 *Rhynchophorus ferrugineus* Oliver (鞘翅目: 象甲科) 幼虫有杀虫活性的细菌菌株, 为林业上红棕象甲的生物防治提供新的思路 and 手段。【方法】从野外采集到自然罹病死亡的红棕象甲, 采用平板划线的方法对其病原细菌进行多次分离和纯化, 获得纯菌株。综合采用菌落培养性状的观察、16S rDNA PCR 扩增的分子生物学技术和生理生化测定等手段, 将分离的细菌菌株鉴定到种的水平。在室内条件下, 对红棕象甲四龄幼虫进行生物活性测定, 验证分离物的致病性, 比较不同分离菌株对红棕象甲四龄幼虫致病力的差异。【结果】经菌落形态观察、细菌生理生化反应和分子鉴定, 分离菌株被确定为粘质沙雷氏菌 (*Serratia marcescens*)、松鼠葡萄球菌 (*Staphylococcus sciuri*)、肺炎克雷伯氏菌亚种 (*Klebsiella pneumonia* subsp. *pneumonia*)、奇异变形菌 (*Proteus mirabilis*) 和普通变形菌 (*Proteus vulgaris*)。16S rDNA 通用引物扩增这些分离菌株, 分别得到预期的 1400 bp 左右的条带。生物测定表明, 粘质沙雷氏菌的杀虫效果最好, 其校正死亡率为 56.37%, 其余菌株的校正死亡率均未达到 50%; 肺炎克雷伯氏菌亚种对红棕象甲四龄幼虫的致死率次之, 为 44.82%; 松鼠葡萄球菌引起红棕象甲四龄幼虫的死亡率为 38.45%; 变形杆菌属的普通变形杆菌和奇异变形杆菌的毒性最低, 分别仅为 28.18% 和 25.57%, 未达到粘质沙雷氏菌活性的一半。【结论】虽然证明这些细菌分离菌株皆对红棕象甲幼虫有一定的感染力, 但在所有菌株中, 粘质沙雷氏菌对红棕象甲的杀虫效果最佳, 因此该菌在红棕象甲生物防治中具有较强的应用潜力, 有望成为未来红棕象甲微生物防治的材料。

关键词: 红棕象甲, 生物测定, 生物防治, 16S rDNA 序列, 细菌分离, 细菌鉴定; 致病力

*基金项目: 国家自然科学基金项目(31470656)。

**E-mail: fafupuyuchen@163.com

***通讯作者, E-mail: ymhou@fafu.edu.cn

类酵母共生菌与褐飞虱致害性变异的关系

许益鹏 马 正 郝培应 侯 云 俞晓平

中国计量学院生命科学学院, 浙江省生物计量与检验检疫技术重点实验室, 浙江杭州 310018

褐飞虱 *Nilaparvata lugens* Stål 作为重要的水稻害虫, 其致害性变异快, 这与其体内垂直传播的类酵母共生菌 (yeast-like symbiont, YLS) 密切相关。基于 DGGE 技术, 利用真菌 18S rDNA 和 0.5S-ITS 的通用引物, 我们发现, 除了已被熟知的类 *Hypomyces* 菌外, 褐飞虱体内还存在其它类酵母共生菌。但是, 在这些类酵母共生菌中, 类 *Hypomyces* 菌在数量上占有绝对优势。通过定量 PCR, 我们进一步检测了其中 3 种类酵母共生菌 (类 *Hypomyces* 菌, 类 *Meyerozyma* 菌和类 *Candida* 菌) 随褐飞虱适应抗虫水稻品种过程中的数量变化情况。我们发现, 在把褐飞虱从感虫水稻品种 (TN1) 接到抗虫水稻品种 (Mudgo、ASD7 或 RH) 进行饲养后, 在接入后第 1 代, 3 种类酵母共生菌的原始拷贝数即开始下降, 且类 *Meyerozyma* 菌和类 *Candida* 菌下降显著; 在接入后第 2 代, 共生菌的原始拷贝数达到最低; 在接入后第三代, 共生菌的拷贝数显著回升, 之后趋于平缓。这说明不同类酵母共生菌的数量变化与褐飞虱致害性变异相关。进一步地, 我们通过在人工饲料中添加 schaftosid 对褐飞虱进行缺菌处理, 并用刺吸电位 (EPG) 技术考察缺菌对褐飞虱取食行为的影响。结果显示: schaftosid 对褐飞虱的体重并无影响, 但对褐飞虱类酵母共生菌有明显的抑制作用, 饲喂 4 d 后, schaftosid 组褐飞虱含菌量与对照组相比就有明显下降, 饲喂 8 d 后, schaftosid 组褐飞虱含菌量仅为对照组的一半, 下降极显著, 而 EPG 检测表明, schaftosid 组褐飞虱取食时间明显小于对照组。这一“抑菌控虫”的实验表明, 通过抑制褐飞虱体内类酵母共生菌的数量可以影响褐飞虱的取食行为。这些结果对未来开展“抑菌控虫”的防虫措施提供了理论基础和实施手段的借鉴。

关键词: 褐飞虱, 类酵母共生菌, 致害性

我国甜菜夜蛾核型多角体病毒研究新进展*

邵天玉^{1**} 刘兴龙¹ 刘思竹² 王克勤^{1***}

1. 黑龙江省农科院植物保护研究所, 黑龙江哈尔滨 150086; 2. 东北林业大学, 黑龙江哈尔滨 150040

核型多角体病毒是昆虫病毒中最大的类群, 它能够专一性地侵染并杀死一种或者几种农林害虫, 并对害虫天敌、环境和人畜无害, 是一种值得推广的绿色生物农药。本文对我国近几年关于甜菜夜蛾核多角体病毒(*Spodoptera pteraeaxigua multicapsid nucleopolyhedrovirus*)的毒力、病毒制剂研究与生产、田间应用及药效试验、增效剂研究、分子生物学等方面进行了阐述; 并提出了新的展望和应用需求。

关键词: 甜菜夜蛾核多角体病毒, 病毒毒力, 病毒制剂研究与生产, 田间应用及药效试验, 增效剂研究, 分子生物学

*基金项目: 农作物重大病虫害(玉米螟)专业化统防统治技术应用(2014DB3BN028)。

**作者简介: 邵天玉(1981-), 男, 吉林省农安县人, 博士, 助理研究员, 从事昆虫分类及农业害虫防治研究 E-mail: shaotianyusty@sina.com。

***通讯作者, 王克勤, (1966-), 女, 硕士, 研究员, E-mail: wang.keqin@163.com

不同营养源对伞裙追寄蝇寿命及繁殖力的影响*

石磊^{1**} 徐林波^{2***} 韩岚岚¹ 刘爱萍² 乌兰巴特尔²

1. 中国农业科学院草原研究所, 内蒙古呼和浩特 010010; 2. 东北农业大学, 黑龙江哈尔滨 150030

在自然情况下, 寄生天敌的飞行、搜索和产卵都需要消耗大量能量, 因此补充营养是影响其控制害虫、繁衍种群的重要因素。伞裙追寄蝇 *Exorista civilis* Rondani 是草地螟、粘虫、甜菜夜蛾等重大农业害虫的优势天敌。研究不同营养源对伞裙追寄蝇生活力和繁殖力的影响, 筛选适于室内饲养的营养条件, 可为规模化扩繁进而实现对害虫有效控制提供科学依据。

为阐明取食糖类食物与伞裙追寄蝇生活力和繁殖力的关系, 研究比较了以粘虫为寄主, 取食蜂蜜、果糖、葡萄糖、蔗糖和清水等不同营养源对伞裙追寄蝇寿命、产卵量和子代发育的影响。结果表明, 补充 20% 的蜂蜜水和 20% 的果糖、葡萄糖、蔗糖等糖类营养物质均能延长伞裙追寄蝇的寿命和日均存活率, 各处理均显著高于清水处理。20% 蜂蜜水处理的伞裙追寄蝇雌、雄蝇平均寿命为 33.13、21.71 d, 与清水处理相比延长 6-7 倍, 且显著高于其他糖类物质, 而喂食清水寄蝇平均寿命最短, 仅为 4.56 d。补充 20% 蜂蜜水的寄蝇产卵量和日均产卵量显著高于其他处理以及清水。取食 4 种含糖物质的雌蝇寿命均显著高于雄蝇。除清水处理的寄蝇卵不能孵化外, 其他营养物质饲喂的寄蝇均能繁殖后代。补充不同营养源的伞裙追寄蝇子代幼虫发育历期差异不显著; 子代寄蝇寿命间存在显著性差异, 喂食 20% 蜂蜜水的雌雄蝇平均寿命最长, 而喂食 20% 蔗糖水的雌、雄蝇寿命最短, 且各处理的雌蝇平均寿命均高于雄蝇。饲喂 20% 蜂蜜水寄蝇的产卵量、日均产卵量、子代羽化量显著高于其他糖类物质; 子代各营养处理间蛹重、寄生率、雌蝇率差异性不显著。研究表明, 外源营养对于伞裙追寄蝇的寿命和繁殖至关重要, 综合考虑寄蝇的寿命、生殖力等指标以 20% 蜂蜜水为最佳的补充营养。

关键词: 伞裙追寄蝇, 粘虫, 补充营养, 寿命, 生殖力

*基金项目: 国家自然科学基金(31201848); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(1610332015015)。

**第一作者简介: 石磊(1992~), 女, 硕士研究生, 研究方向为害虫生物防治。

***通讯作者, E-mail: xulinbo@caas.cn

应用昆虫病原线虫防治地下害虫*

颜 珣¹ 郭文秀^{1,2} 韩日畴^{1**}

1. 广东省昆虫研究所, 广东省野生动物保护与利用公共实验室, 广东省农业害虫综合治理重点实验室, 广东广州 510260; 2. 中国科学院华南植物园, 广东广州 510650; 3. 中国科学院大学, 北京 100039

【目的】 测定昆虫病原斯氏线虫*Steinernema*和异小杆线虫*Heterorhabditis*对地下害虫蛴螬、小地老虎及黄曲条跳甲幼虫的室内毒力和田间防效, 建立应用昆虫病原线虫防治地下害虫的田间应用技术。**【方法】** 通过室内筛选对目标害虫毒力较高的昆虫病原线虫品系, 测定敏感昆虫病原线虫品系对蛴螬、小地老虎幼虫及黄曲条跳甲幼虫的毒力及田间防控的效果。**【结果】** 室内测定结果显示敏感昆虫病原线虫品系对蛴螬、小地老虎幼虫及黄曲条跳甲幼虫致死率最高可达100%。花生地田间试验结果显示, *S. longicaudum* X-7和*H. bacteriophora* H06对暗黑鳃金龟防治效果良好, 蛴螬减退率达88%, 荚果受害率显著低于毒死蜱处理, 花生增产明显; 这两种线虫田间防控华北大黑鳃金龟的效果与毒死蜱相似, 但花生产量显著高于清水对照及毒死蜱处理。研究筛选了对小地老虎毒力较高的昆虫病原线虫品系*S. carpocapsae* Mex和*H. indica* LN2, 室内杀虫毒力达80%, 白菜地防控小地老虎可使虫苗率下降到10%, 显著低于清水对照, 防效高于或接近毒死蜱和氟氯氰菊酯处理, 使白菜增产80%以上。针对黄曲条跳甲幼虫筛选到高毒力的多个昆虫病原线虫品系, 室内杀虫效果最高可达100%, 田间应用*S. carpocapsae* All和*H. indica* LN2防治蔬菜地黄曲条跳甲时, 幼虫密度显著降低, 成虫减退率最高可达70%, 防治效果高于鱼藤酮及印楝素处理, 显著减少蔬菜叶面虫洞数, 蔬菜增产最高达50%。**【结论】** 应用昆虫病原线虫防治地下害虫效果明显, 建立了昆虫病原线虫防治地下害虫的田间应用技术, 为进一步建立害虫的综合防控技术提供基础。

关键词: 昆虫病原线虫, 地下害虫, 蛴螬, 小地老虎, 黄曲条跳甲

*基金项目: 广州市珠江新星专项(2013J2200090), 广东省省级科技计划项目(2014A020208075); 广东省科学院人才基金(rcjj201201)。

**通讯作者, E-mail: hanrc@gdei.gd.cn

桃蚜危害增加白菜营养水平以利于桃蚜生长繁殖

曹贺贺 刘同先

西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100

【目的】明确桃蚜取食危害对白菜抗蚜性的影响。**【方法】**桃蚜在叶片危害 5 d, 开始桃蚜选择和非选择实验, 检测白菜中茉莉酸和水杨酸信号途径相关基因变化, 测定叶片氨基酸, 测定叶片和桃蚜体内芥子油苷含量。**【结果】**尽管桃蚜在危害后的白菜上体重更大, 产蚜更多, 但选择实验中桃蚜不喜欢危害后的叶片。桃蚜取食显著增加白菜叶片中氨基酸含量, 并使韧皮部氨基酸和糖的比例增加一倍。桃蚜危害显著增加白菜叶片中芥子油苷含量, 而在危害后叶片上取食的桃蚜体内也含有较高浓度芥子油苷。桃蚜取食显著增加水杨酸信号通路先关基因的表达, 然而对茉莉酸相关基因影响不大。外源喷施茉莉酸甲酯或水杨酸均显著增加白菜芥子油苷含量, 但对桃蚜生长发育无显著影响, 表明茉莉酸信号途径和水杨酸信号途径在白菜防御桃蚜中不起主要作用。**【结论】**桃蚜在白菜上取食危害, 可增加白菜内氨基酸含量以利于自身生长繁殖。

关键词: 桃蚜, 白菜, 氨基酸, 芥子油苷

环境因素对小菜蛾室内人工饲养的影响*

罗艳梅**

沈阳化工研究院有限公司 新农药创制与开发国家重点实验室, 辽宁沈阳 110021

小菜蛾 *Plutella xylostella* (L.) 属鳞翅目, 菜蛾科, 是世界性十字花科蔬菜的重要害虫, 且危害逐年加重, 是各蔬菜产区的重点防治对象, 对我国蔬菜的生产构成很大威胁。由于小菜蛾发生世代数多、周期短、重叠严重, 繁殖力强, 对杀虫剂的抗性发展快, 抗药性水平高、抗性谱广, 防治十分困难, 现已成为重要的试验害虫。本研究通过不同温度、湿度、光照条件下, 以甘蓝为食料人工饲养小菜蛾, 结合野外观察与室内人工饲养, 总结了影响小菜蛾室内人工饲养的环境因素。

影响小菜蛾生长发育的环境因素主要有温度、湿度和光照。温度决定了小菜蛾室内人工饲养各代历期的长短, 室内分别设置为20~22℃、24~26℃、28~30℃三个温度范围, 对小菜蛾饲养3代, 结果发现最适温度为24~26℃。此温度下卵期2~3 d, 幼虫期6~8 d, 蛹期3~4 d, 成虫期3~5 d。28~30℃时, 各代历期缩短, 反之温度降低, 小菜蛾的长发育缓慢。养虫间内空气相对湿度对小菜蛾的生长发育影响显著。在田间, 初孵幼虫对水滴十分敏感。在夏季多雷阵雨的年份, 小菜蛾不易顺利完成各发育阶段, 所以其秋季危害较轻, 而干燥高温条件则利于其发生。结合田间小菜蛾发生的态势, 在室内饲养时, 空气相对湿度分别控制在30%~50%、50%~70%、70%~90%三个湿度范围对小菜蛾饲养3代, 结果发现空气相对湿度接近30%时, 不利于成虫产卵、卵的孵化, 幼虫生长发育较好。空气相对湿度70%~90%, 幼虫死亡率约在80%以上, 存活下来的幼虫化蛹后也有部分腐烂现象, 当空气相对湿度达到或超过90%, 种群断种。在相对湿度为50%~70%的范围内, 有利于成虫产卵和卵的孵化率高, 幼虫存活率和成虫羽化率高。在饲养容器湿度过高或养虫间空气相对湿度高时, 小菜蛾易感病毒病。在我国北方小菜蛾室内饲养最困难的时期为8月份, 此时气温高, 空气湿度大, 十字花科蔬菜培养困难, 加之小菜蛾对空气湿度比较敏感, 极易出现断种现象。因此, 该时期的室内饲养关键是以通风、除湿为主。如果采用甘蓝饲养小菜蛾, 需要补光灯补光, 否则甘蓝生长黄化, 影响幼虫的体色。但在小菜蛾的交尾与产卵习性上, 光照有明显的影响。小菜蛾成虫交尾与产卵的时间绝大多数是在日出之前的1-2 h这段时间内。结果表明室内采用甘蓝人工饲养小菜蛾温度24-26℃、空气相对湿度50%-70%, 光照采用补光灯补光有利于小菜蛾生长发育, 种群繁殖快, 量大, 可广泛应用于新农药研究领域。

关键词: 环境因素, 小菜蛾, 人工饲养, 影响

*基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划(2011BAE06B08)。

**作者简介: 罗艳梅(1975. 10), 女, 工程师, 辽宁沈阳人, 主要从事杀虫剂生物测定及新方法研究。Tel: 024-62353364, E-mail: luoyanmei@sinochem.com

烟蚜取食感病烟草对后取食烟蚜的影响

史晓斌* 刘 勇** 张德咏

湖南农科院植保所, 湖南长沙 410125

烟草黄瓜花叶病毒病 (Cucumber mosaic virus, CMV) 是给烟草造成严重损失的重要病害, 主要通过蚜虫以非持久性方式传播, 研究媒介昆虫蚜虫与病毒互作的特性将为该病害的防治提供参考。已有研究表明昆虫通过取食植物能够对后取食昆虫的选择性和生物学特性产生影响, 而当媒介昆虫取食感染病毒的植物时对后取食昆虫的影响却研究较少。本文以感染 CMV 的烟草及烟蚜 *Myzus persicae*, Sulzer 为研究对象, 研究了烟蚜取食感染病毒病的烟草后对后取食烟蚜的选择性以及产卵量、寿命、发育历期、体重等生物学特性的影响。研究发现, 烟蚜对健康烟草的选择性高于对烟蚜取食的健康烟草的选择性, 而对感病烟草的选择性高于烟蚜取食的感病烟草的选择性, 然而烟蚜对感病烟草的选择性显著高于对健康烟草的选择性。在健康烟草上, 烟蚜取食后降低了后取食烟蚜的产卵量和寿命, 延长了后取食烟蚜的发育历期; 在感染 CMV 的烟草上, 烟蚜取食后对后取食烟蚜的抑制作用更大。此外, 烟蚜在感染 CMV 烟草上的生物学特性显著低于在健康烟草上的生物学特性。研究表明烟蚜取食烟草后能够降低后取食烟蚜的选择性和生物学特性, 同时烟蚜对感病烟草具有较高的选择性, 从而造成了病毒病的传播。

关键词: 黄瓜花叶病毒病, 烟蚜, 选择性, 生物学特性

*第一作者, E-mail: xiaobin.s@163.com

**通讯作者, E-mail: haoasliu@163.com

杀虫基因在植物中瞬时高效表达体系建立*

张杰^{1**} 杨君² 孙思捷¹ 南宫自艳¹ 王勤英^{1***}

1. 河北农业大学植物保护学院, 2. 河北农业大学农学院, 河北保定 071000

目前在成功商业化推广应用的转基因杀虫作物中,其杀虫基因主要是来自于苏云金芽孢杆菌(Bt)少数几个cry基因,其杀虫谱也仅局限于鳞翅目、鞘翅目等特定几种靶标昆虫。随着能够表达Cry毒素的转基因作物的大量种植及Bt制剂在农田中的广泛使用,鳞翅目、鞘翅目等Cry靶标昆虫产生抗性的可能性越来越大。因此,急需寻找或开发更多的新型杀虫基因。

农杆菌介导法是目前最常用的遗传转化方法之一,但大多数植物的转化效率及再生效率低,操作过程中费时费力,且费用昂贵。农杆菌介导的瞬时表达方法是近年来发展形成的一种快速有效的分析基因表达的方法,与传统的转基因过程相比瞬时表达法具有操作简易、周期短、表达效率高、生物安全性高,能在完整植株上进行等优点。目前农杆菌介导的瞬时表达法已经在烟草、拟南芥、莴苣、番茄、马铃薯、葡萄、草莓、梨等植物中得到应用。我们尝试通过农杆菌介导的植物瞬时表达体系来建立一套快速筛选和评价新杀虫基因的方法。

我们首先利用Bt cry1Ac基因来建立农杆菌介导的杀虫基因植物瞬时表达体系,根据GenBank中已知Cry1Ac序列设计引物,通过PCR扩增得到约1800bp的Cry1Ac活性区片段,与载体pMD18-T连接后转化到大肠杆菌DH5 α 中,通过PCR验证和测序正确后,利用含有BamHI和SmaI的引物进行PCR扩增,通过双酶切PCR产物和PBI121载体,获得相同粘性末端,用T4连接酶连接后得到重组载体PBI121-Cry1Ac,再将其转入到农杆菌GV3101中。通过烟草叶片注射瞬时表达技术将含有重组载体的农杆菌GV3101注射到生长6周的烟草叶片中。经Western blotting检测3d后成功在叶片中表达出Cry1Ac蛋白,用表达出蛋白的烟草叶片饲喂棉铃虫初孵幼虫,结果显示48h棉铃虫的死亡率为93.33%。通过此项技术可以在短时间内使某段目的基因在植物叶片中得到表达,从而快速验证目的基因的重组蛋白对不同昆虫的杀虫活性。

现在我们正在通过此体系检测和评价更多的杀虫基因,以期为培育转基因植物提供更多的杀虫基因资源。

关键词: 农杆菌介导法, 瞬时表达技术, 杀虫基因, 烟草

*基金项目: 河北省自然科学基金(C2014204117), 河北省现代农业产业技术体系棉花创新团队。

**作者简介: 张杰(1989-), 男, 河北唐山人, 硕士研究生, E-mail: zhangjie8926@foxmail.com

***通讯作者, E-mail: wqinying@hebau.edu.cn

辐照对竹制品中竹绿虎天牛幼虫的影响

林 伟¹ 张伟锋¹ 张瑞峰² 余道坚^{1*}

1. 深圳出入境检验检疫局, 广东深圳 518045; 2. 天津出入境检验检疫局, 天津 300457

竹制品是一类较易携带有害生物的植物产品,从出口北美和欧洲的竹制品中经常发现竹绿虎天牛幼虫为害。近年来,美国、欧盟等地区多次召回中国产竹木草制品等消费品,使中国出口竹木草制品的安全质量面临严峻的考验和挑战。本研究利用 γ 射线对竹制品中的竹绿虎天牛老熟幼虫进行20、30、40、50、60、80 Gy 6个剂量的辐照处理,通过测定其化蛹率和羽化率并观察蛹、成虫的发育,得出合适的检疫辐照剂量。试验结果表明:辐照引起竹绿虎天牛幼虫的生活期延长,发育迟缓;60 Gy 以上的剂量能够100%阻止老熟幼虫化蛹;应用机率值分析,推算出辐照导致幼虫死亡率达到99.9968%的最低吸收剂量为85.7 Gy,95%置信区间为72.7~113.0 Gy;根据机率值分析,下一步将采用86 Gy的剂量对竹制品中竹绿虎天牛幼虫进行辐照大规模实验验证。

关键词: 竹绿虎天牛, 辐照, γ 射线, 竹制品

*通讯作者

保定棉田主要害虫和天敌的发生规律及防控策略研究*

毕美超 李佳兴 程慧敏 王勤英**

河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000

棉花是全球性重要经济作物和纤维作物, 但近年来由于种植费工费时, 价格持续下跌, 病虫害严重等因素, 造成棉花种植面积萎缩, 并且随着作物种植结构和品种的改变以及化学杀虫剂的大量使用, 引起棉田主要害虫种群的变化。我们于 2014 和 2015 年在河北省保定市对棉田的主要害虫和天敌的发生动态进行了田间系统调查, 结果如下。

1. 棉田主要害虫: 目前转基因抗虫棉田常年需要防治的主要害虫为棉蚜、绿盲蝽; 尽管抗虫棉田间棉铃虫幼虫很少, 不会造成受害, 但是田间棉铃虫成虫和卵的数量一直较高, 仍然是常规棉田的主要害虫。次要害虫有棉蓟马、烟粉虱、潜叶蝇等。

2. 棉田主要害虫和天敌的发生规律: 利用性诱剂诱捕法对棉铃虫和绿盲蝽的田间发生动态进行了调查。棉铃虫在 6 月下旬和 7 月上旬诱集数量较高, 但抗虫棉田间幼虫数量较低, 一般不需要进行防治。而绿盲蝽的数量一直较高, 并且田间为害情况严重, 需要加强管理与防治。通过田间五点取样调查, 棉蚜在 5 月中旬和 7 月下旬至 8 月中旬间发生严重, 因此在这两个阶段需要喷药防治。蓟马在两年内的发生情况差异较大, 2014 年苗期蓟马发生轻, 而花期蓟马数量较大, 2015 年在 6 月份由于天气干旱, 造成苗期蓟马大发生。棉田烟粉虱发生期较晚, 高峰期在 8 月下旬, 且发生与气候关系密切, 高温干旱的年份重。

3. 棉田天敌以龟纹瓢虫、小花蝽、草蛉和蜘蛛类为主, 并且有两个发生高峰, 第 1 个高峰在 6 月中旬, 主要是由周围麦田迁移过来的, 第 2 个高峰在 8 月底 9 月初。

4. 棉花不同品种对棉铃虫和绿盲蝽的抗性差异: 通过对供试 14 个品种的田间调查, 计算出所有品种绿盲蝽危害指数范围为 0.044~0.211, 且杂交棉均表现高抗绿盲蝽性质(<0.1), 而常规棉除石抗 57238 表现高抗外, 其它均呈现抗绿盲蝽性质(<0.3)。田间不同品种棉铃虫为害均较低, 抗性良好, 室内生测试验表明, 不同品种之间抗性差异较大, 仅冀丰 103 表现高抗棉铃虫性质, 其他 7 个品种均表现低抗性。

5. 棉花害虫防治策略: 蓝板或黄板对蓟马都有很好的诱集作用, 而仅黄板对烟粉虱有明显的诱集作用, 所有颜色粘虫板对绿盲蝽的诱集作用很低。从 2014~2015 年棉田主要害虫和次要害虫种类可以看出, 仅有棉铃虫有较强的趋光性, 因此从保护天敌的角度考虑, 抗虫棉田不建议安装杀虫灯防治害虫。建议通过药剂拌种或种子包衣技术防治苗期地下害虫, 棉花生长期做好虫情监测, 根据害虫发生情况科学用药。

关键词: 棉花, 害虫, 天敌, 发生动态, 防治策略

*基金项目: 河北省现代农业产业技术体系棉花创新团队。

**通讯作者, E-mail: wqinying@hebau.edu.cn

蓖麻粗提物对韭菜迟眼蕈蚊室内毒力评价*

赵 鑫 路文雅 李正阳 董建臻**

河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071001

韭菜迟眼蕈蚊 *Bradysia odoriphaga* Yang et Zhang 隶属双翅目眼蕈蚊科迟眼蕈蚊属, 是我国蔬菜生产上的重要害虫之一, 以幼虫聚集在地下假茎和鳞茎基处钻蛀性危害, 可危害取食 7 科等 30 多种蔬菜。该虫有较强的适应力和繁殖力, 在全国各地几乎都有发生。目前, 生产上防治韭菜迟眼蕈蚊仍以化学农药为主, 但化学农药的大量使用, 常常导致农药残留超标, 造成环境污染以及对消费者的健康带来严重威胁。故迫切需要寻找一种绿色、环保、无污染防治韭菜迟眼蕈蚊的方法。蓖麻是一种油料经济作物, 属 1 年生大戟科植物, 蓖麻中的蓖麻碱含有氰基, 毒性较大。由于其不污染环境、药效持久, 是目前引起人们重视的、有广泛应用前景的一种天然毒性物质。然而蓖麻粗提物对韭菜迟眼蕈蚊室内毒力还鲜有报道, 本研究通过测定蓖麻粗提物对韭菜迟眼蕈蚊的室内毒力, 以期开发环境友好型植物源农药提供科学依据。

主要研究结果: 取 30 g 烘干后的蓖麻饼粕, 加 450 mL 水煮沸 2 h 趁热过 100 目双层筛, 滤液烘干即为蓖麻粗提物。采用药液定量滴加法测定了蓖麻粗提物对韭菜迟眼蕈蚊卵、1 龄幼虫、3 龄幼虫和蛹的 72 h 室内毒力效果。结果表明, 蓖麻粗提物对韭菜迟眼蕈蚊幼虫的毒力较高, 其中 1 龄幼虫和 3 龄幼虫的 LC_{50} 分别为 4.124、12.803 g/L, 在浓度为 30 g/L 时, 死亡率分别为 81.11%和 78.89%。蓖麻粗提物对韭菜迟眼蕈蚊卵和蛹的毒力较低, LC_{50} 分别为 53.356、141.120 g/L, 在浓度为 30 g/L 时, 死亡率分别为 15.56%和 13.33%。3 种虫态毒力大小顺序依次为 1 龄幼虫>3 龄幼虫>卵>蛹。

关键词: 蓖麻碱, 韭菜迟眼蕈蚊, 毒力评价

*基金项目: 国家公益性行业(农业)科研专项(201303027-6)。

**通讯作者, E-mail: djz116@sina.com

柑桔大实蝇成虫群体生物、生态学特性与防控效应*

冉峰^{1**} 刘洪² 刘祥贵² 袁文斌¹ 张亚东¹

1. 重庆市云阳县农委, 重庆云阳 404500; 2. 重庆市农委, 重庆北部新区 401121

【目的】研究群体成虫生活习性及其规律, 为有效防控提供理论依据。**【方法】**以甜橙中熟种纽荷尔和晚熟种德儿塔的被果为研究材料, 在室外化蛹羽化、网室饲养、野外自然状态观察、定点诱测、定位定时捡摘蛆果剖查。**【结果】**1. 成虫发育成熟可见各个器官明显分节。野外羽化出土需有效积温 459.22 日度, 羽化始期与寄主座果期契合, 不同时期捡、摘的蛆果化蛹羽化出土始期对比没有明显区别。雌、雄羽化始期、终期相近, 雄虫羽化有一个高峰, 雌虫羽化有 1 小高峰和 2 个主高峰, 主高峰过后每日出土量大于雄虫。埋于 10、15cm 的蛹, 土壤温、湿度相对稳定, 羽化历期较集中, 羽化动态近似为“∧”型图, 5、20 cm 土壤温、湿度变幅大, 历期拉长达, 羽化动态近似倒“f”型图。2. 取食对蛋白饵、甜、酸、香味有趋性, 对浓香型白酒、生物制剂阿维菌素以及盛诱液的兰绿色诱器有极强烈的趋性。同寄主不同海拔诱测始见期相同, 始见期距羽化出土始期 7-10 d, 距产卵始期 20-25 d。拟合始见期海拔变化 100 m, 相差 5-7 d。3. 刚出土表的成虫便可取食水份或营养, 羽化后 1-6 d 内活动范围狭窄。7-10 d 开始伸足立翅短距离飞行寻找食源, 对反差光源、动感物敏感。雌虫在气温 25℃ 条件下性成熟需 25 d 左右, 雄虫性成熟需 20 d 左右, 性成熟前 5 d 多数个体取食补充营养迅速增加。诱导取食具有量少、临近、无特殊选择性, 喜爱附着的液体颗粒食源。野外的行为取食特性与室内饲养观察结果一致, 活动取食多在果园与临近的杂木林之间往返飞行, 羽化后 20 d 左右有一短暂聚集在半荫半光的环境中寻爱配偶, 随后分散离去, 群体野外的交配、产卵是分散的, 产卵始期与寄主稳果期契合。4. 剖查落地蛆果内幼虫的发育进度, 拟合羽化动态与诱测发生动态一致。以 1 龄幼虫的发育进度分产卵规律有三个时段, 每一时段 30 d 左右, 以每果中着卵量的多少分, 第一产卵时段长达 50 d 左右, 第二、三产卵时段分别为 15-20 d, 中熟品种纽荷尔上产卵只有 2 个时段。成虫产卵对不同品种、同一品种不同果实的大小、位置有极强的选择性与排异性, 对 w 墨可特不产卵危害。产卵具有边际害势, 以东、西向最为显著。**【结论】**群体羽化、取食、交配、产卵受温、湿度、寄主、虫口密度的影响, 特别是山区、丘陵土壤湿度不稳定, 历期变幅长, 个体差异大, 在防控中监测温、湿度变化、寄主的发育状况预报防控时期, 以羽化行为取食的习性、规律及个体差异制定防控给药时间和方法, 利用品种改良调整果园种植结构, 利用聚集习性和对兰绿色、反差光源敏感的特点进行物理诱杀。

关键词: 柑桔大实蝇, 成虫群体, 特性, 防控

*基金项目: 公益性行业(农业)科研专项“果树实蝇类害虫监测与防控技术研究”(200903047); 重庆市柑桔非疫区建设项目(2007-A2501-500112-A0204-001)。

**作者简介: 冉峰, 男, 1957, 高级农艺师。E-mail: rfcqyy@163.com; Tel: 13008387869

桔小实蝇性成熟与未性成熟产卵器 ——性信息素腺体的比较转录组研究*

张鹤** 吴仲真 韩群鑫 林进添***

仲恺农业工程学院, 广东省生物入侵预警与控制工程技术研究中心, 广东广州 510225

昆虫性信息素是在性成熟阶段由特殊腺体分泌释放的, 对同种异性个体具有强烈引诱作用的, 促进同种交配的信息化合物。果实蝇昆虫的性信息素合成部位为直肠腺, 已有研究表明桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* (Hendel) 雌虫直肠腺释放可以引诱雄虫交配的信息化合物, 但其合成代谢通路尚不清楚。为了探明桔小实蝇性信息素合成代谢的分子机制, 本研究利用高通量测序对性成熟 (羽化 15 d) 和未性成熟 (羽化 2 d) 桔小实蝇雌虫的连接有性信息素腺体的产卵器 (ovipositor-pheromone glands, OV-PG) 进行了转录组测序, 经过组装和注释鉴定到 80 个化学感受候选基因 (30OBPs, 3 CSPs, 1 NPC2, 7 ORs, 23 IRs, 19 GRs, 4 SNMPs) 和大量可能参与性信息素合成代谢的候选基因 (2 ACCs, 7 ACBPs, 16 FARs, 2 FASs, 5 FATPs, 10 Dess, 17 ELOs 等)。转录组差异表达分析表明, 性成熟的桔小实蝇 OV-PG 较未成熟的有 240 个基因发生了上调, 上调基因主要与产卵、内分泌、次生代谢物合成以及多酮类化合物和萜类化合物的代谢等过程相关。综合转录组差异表达分析和 qRT-PCR 证实了 3 化学感受候选基因和 4 个性信息素合成酶的候选基因在性成熟阶段显著高于未性成熟, 其中两个 OBP (c25787_g1, c26728_g1) 可能参与了性信息素的结合和运载, 4 个上调表达的性信息素合成酶 (c32105_g1, c33906_g1, c34547_g1, c31570_g1) 可能是参与性信息素合成过程中的重要限速酶。上述研究为剖析桔小实蝇化学通信系统的化学感受机制以及性信息素合成释放过程提供了重要线索。

关键词: 桔小实蝇, 性信息素, 化学通讯, 高通量测序

*基金项目: 国家自然科学基金 (31171852)。

**第一作者, E-mail: zhhe1205@163.com

***通讯作者, E-mail: linjtian@163.com

泽兰实蝇幼虫肠道细菌群落的多样性*

高 熹^{1**} 杨 璞² 朱家颖³ 袁 远¹ 张 某¹ 桂富荣¹ 吴国星^{1***}

1. 云南农业大学植物保护学院, 昆明 650201;
2. 中国林业科学研究院资源昆虫研究所, 昆明 650224;
3. 西南林业大学林学院, 昆明 650224

【目的】 探究泽兰实蝇幼虫肠道细菌的多样性。**【方法】** 利用 16S rDNA 技术获得泽兰实蝇幼虫肠道细菌的 16S rDNA-V6 变异区序列, 应用 Illumina HiSeq 技术测序, 应用 USEARCH 和 QIIME 等软件整理和统计样品序列数目和操作分类单元 (OTUs) 数量, 分析物种的丰度、分布和 Alpha 多样性, 以及物种丰富度的差异。**【结果】** 共获得 1579372 个 Read 数和 1571860 个 OTU 数。主要发现了 13 个门类, 4 个纲, 6 个目, 7 个科, 10 个属, 4 个种。其中在属分类阶元上 *Wolbachia* 占 44%, 是优势属; 在种分类阶元上 *Acinetobacter_lwoffii* 占 7%, 是优势种。**【结论】** 基于 16S rDNA 基因文库技术和 Illumina HiSeq 测序技术分析获得的泽兰实蝇幼虫肠道细菌丰富度高, 均匀度高, 多样性丰富, 为泽兰实蝇肠道细菌的研究提供了更加准确、科学的数据资源。

关键词: 泽兰实蝇, 共生菌, 多样性, 16S rDNA, Illumina

* 基金项目: 国家自然科学基金项目 (31460491)。

** 第一作者, E-mail: chonchon@163.com

*** 通讯作者, E-mail: wugx1@163.com

劳氏粘虫各龄幼虫在 4 种寄主植物上的取食选择性*

黄 芊^{1a**} 蒋 婷² 蒋显斌^{1a} 凌 炎^{1b} 符诚强^{1a} 龙丽萍^{1a***} 黄凤宽^{1b}

黄所生^{1b} 吴碧球^{1b} 李 成^{1b}

1. 广西农业科学院 a 水稻研究所/广西水稻遗传育种重点实验室; b 植物保护研究所/广西作物病虫害生物学重点实验室, 广西南宁 530007; 2. 广西大学农学院, 广西南宁 530005

【目的】劳氏粘虫 *Leucania loreyi*(Duponchel)属鳞翅目 Lepidoptera 夜蛾科 Noctuidae 害虫, 主要危害水稻、玉米等禾谷类作物, 由于劳氏粘虫具有暴食性, 一旦发生危害, 将对生产带来不可逆的损失。在广西, 粘虫主要危害水稻、玉米、甘蔗, 并且在这 3 种禾本科作物田地的稗草中均发现有劳氏粘虫, 因此研究劳氏粘虫各龄幼虫在玉米、水稻、甘蔗和稗草 4 种寄主植物的取食选择性可为劳氏粘虫的发生及预测提供科学依据。**【方法】**在实验室内, 采用叶碟法测试各龄劳氏粘虫在 4 种寄主植物上的取食选择, 分别于 6 和 24 h 记录各寄主植物上的取食选择率。**【结果】**1、各龄幼虫 6 和 24 h 时在各植物上的的取食选择率均有变化, 且各龄幼虫都存在有暂时不选择取食的行为; 2、劳氏粘虫 1 至 5 龄幼虫均偏好在玉米上取食, 其选择率均显著高于其他植物, 其中 1、2 和 3 龄幼虫对玉米的取食选择率超过了 50% (分别为 78%、70%和 60%); 3、劳氏粘虫除 3 龄幼虫在水稻上的取食选择率 (22%) 显著高于甘蔗 (6%) 和稗草 (6%), 1 龄幼虫在水稻上的取食选择率 (11%) 显著高于甘蔗 (3%) 外, 其余各龄幼虫在水稻、甘蔗和稗草之间的取食选择率显著不差异; 4、各龄幼虫在甘蔗和稗草上的取食选择率均差异不显著; 5、劳氏粘虫 6 龄幼虫取食选择在 6 和 24h 时发生较大变化, 6 h 时, 劳氏粘虫在玉米和水稻上的取食率显著高于甘蔗和稗草, 且在玉米和水稻之间, 甘蔗与稗草之间的取食选择率均差异不显著, 24 h 时, 劳氏粘虫由于准备化蛹, 出现不选择取食率达 52%显著高于在各 4 种植物上的取食率。**【结论】**劳氏粘虫各龄幼虫对这 4 种寄主植物具有一定的取食选择性, 其最喜好在玉米上取食, 但随着龄期增加这一偏好有逐渐减弱的趋势。

关键词: 劳氏粘虫, 寄主, 取食选择性, 叶碟法

*基金项目: 公益性行业(农业)科研专项子课题(201403031, 201303017), 国家自然科学基金项目(31160365, 31360437), 广西农科院基本科研业务专项 (2014YP08, 2015YT18, 2015YM19), 广西农科院科技发展基金项目 (2015JZ26, 2015JZ18, 2015JZ53, 2014JZ07)。

**作者简介: 黄芊(1987-), 研究实习员, 主要从事农业昆虫与害虫防治研究工作, E-mail: 87542980@qq.com

***通讯作者, 龙丽萍(1965-), 研究员, 主要从事农业昆虫与害虫防治研究工作, E-mail: longlp@sohu.com

不同海拔环境对草原毛虫线粒体基因表达的影响*

蒲毅** 张麒麟 郭仲龙 袁明龙***

草地农业生态系统国家重点实验室 兰州大学草地农业科技学院, 甘肃兰州 730020

草原毛虫是我国青藏高原的特有昆虫,也是严重危害高寒草地的重大害虫。由于线粒体是细胞氧利用和能量代谢的中心,因此线粒体基因的结构变异及表达量变化,与其对生态环境的适应性进化密切相关。为此,我们在前期获得黄斑草原毛虫和门源草原毛虫线粒体基因组的基础上,采用 RT-qPCR 技术对两种草原毛虫的 9 个线粒体基因进行了基因表达研究。结果表明,与门源草原毛虫(门源种群,海拔 3000 m)相比,黄斑草原毛虫(那曲种群,海拔 4800 m)的 9 个线粒体基因中,仅 3 龄幼虫的 *cox2*, 4 龄幼虫的 *atp6* 和 *cox2*, 蛹期的 *atp6*、*cox2* 和 *nad1* 以及成虫期的 *atp6*、*cox2*、*cob*、*nad2*、*nad4* 和 *nad5* 等基因的表达量显著增高,其余基因或者无显著差异、或者表达量显著降低。这表明,线粒体基因在不同虫态中的表达模式是不一样的,不同的海拔生境对线粒体基因的表达具有重要影响。该研究从线粒体基因的表达水平上探讨草原毛虫对高海拔异质性生境的适应性进化机制,今后还需进一步从能量代谢相关核基因的结构变异及基因表达水平上作深入解析。

关键词: 线粒体, 草原毛虫, 基因表达, 青藏高原, 适应性进化

*基金项目: 高等学校博士学科点专项科研基金资助课题(20120211120043)。

**第一作者: 蒲毅(1991-), 男, 甘肃渭源人, 在读硕士研究生, 研究方向为草地昆虫学;

E-mail: puy14@lzu.edu.cn

***通讯作者, E-mail: yuanml@lzu.edu.cn

绿翅绢野螟的羽化节律及生殖行为

张玉静

广西大学农学院，广西南宁 530004

糖胶树 *Alastonia scholaris* (L.) R. Br 又名灯台树，是常见绿化和南药资源树种，在中国南部地区、亚洲热带地区及澳大利亚等地广泛种植。绿翅绢野螟 *Diaphania angustalis* Snellen 是该树的主要食叶害虫。其以幼虫吐丝纵卷叶片或吐丝缀合两片叶子形成虫苞，在苞内取食危害。目前，针对该虫的防治主要采用化学药剂防治，然而由于其卷叶危害，隐蔽性强，药剂防治效果欠佳，使得化学药剂的使用存在一定的局限性。鉴于此，开展绿翅绢野螟的羽化节律及生殖行为研究，其结果可为进一步研究该虫的性信息素、预测预报和防控技术奠定基础。

本文在室内 $26\pm 1^{\circ}\text{C}$ 、光周期 13L: 11D 条件下，利用红外监控系统观察绿翅绢野螟的羽化节律和生殖行为。研究表明，该虫 99.1% 在夜间羽化，21:00-00:00 为羽化高峰期，占 70.9%，雌虫日羽化节律的高峰期比雄虫提前 2-3d。该虫白天静伏不动，夜间行动活跃，取食、交配和产卵均在夜间进行。雌虫交配前期 4-5 d，雄虫交配前期 2-3 d。成虫于 22:00 开始出现交配，交配高峰期在 00:00-3:00，占 56.0%；平均交配时长为 $109.0\pm 12.0\text{min}$ （最长 340 min，最短 50 min）。雌雄虫一般只交配 1 次，仅 8% 的个体交配 2 次。首次交配后的雌成虫次日晚开始产卵，产卵期 $5.0\text{d}\pm 0.4\text{d}$ （最长 8 d，最短 3 d），平均产卵量为 525 ± 75 粒（最多 1169 粒，最少 196 粒）；成虫产卵期的前 3d 为产卵高峰期，占总卵量的 67.6%。雌成虫比雄成虫寿命长，雌成虫平均寿命为 $12.5\text{d}\pm 0.5\text{d}$ （最长为 17 d，最短为 7 d），雄成虫平均寿命为 $11.2\text{d}\pm 0.5\text{d}$ （最长为 16 d，最短为 7 d）。

关键词：绿翅绢野螟，羽化节律，交配，产卵

桉袋蛾蛹和成虫的雌雄形态鉴定^{*}

张媛媛^{**} 朱诚棋 马 涛 孙朝辉 温秀军^{***}

华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642

【目的】桉袋蛾 *Acanthopsyche subferalbata* Hampson, 属鳞翅目 Lepidoptera 袋蛾科 Psychidae, 又称小袋蛾, 主要危害桉树 (*Eucalyptus*) 及棕榈科植物, 如棕竹 (*Rhapis excelsa*)、散尾葵 (*Chrysalidocarpus lutescens*)、蒲葵 (*Livistona chinensis*) 等; 快速准确的鉴定出昆虫的蛹和成虫, 不仅可以预测预报下一代种群动态, 而且对研究害虫生物生态学, 尤其是生殖生物学具有长远的意义, 对进一步开展昆虫性信息素的研究也提供了方便的前提和基础。

【方法】桉袋蛾蛹和成虫雌雄异型, 本文利用电子显微镜观察桉袋蛾雌雄蛹的形态特征, 描述了一种迅速、准确鉴定桉袋蛾雌雄蛹和成虫性别的方法。【结论】观察 275 头桉袋蛾蛹的护囊形态特征发现: 雌蛹护囊长锥状, 末端排泄口较尖, 雄蛹护囊长筒状, 末端排泄口平截。雌成虫体淡黄色, 头胸部黑褐色, 雄成虫触角双栉齿状, 具翅, 均呈黑灰色。

关键词: 桉袋蛾, 蛹, 成虫, 雌雄, 鉴定

^{*}基金项目: 公益性行业(农业)科研专项经费项目(201203036)。

^{**}作者简介: 张媛媛(1992-), 女, 在读研究生, 华南农业大学, 研究领域: 昆虫信息化化合物与害虫信息控制技术, Tel: 13249139133, E-mail: 1551977342@qq.com

^{***}通讯作者, 温秀军, 教授, 华南农业大学, E-mail: wenxiujun@msn.com

螺旋粉虱为害对四季豆产量的影响及其防治指标研究

潘 飞 林珠凤 谢圣华 严春雨 秦 双 肖彤斌*

海南省农业科学院植物保护研究所/海南省植物病虫害防控重点实验室, 海南海口 571100

经济允许损害水平和经济阈值的确定是评价害虫防治指标的重要内容和基础。通过设置田间笼罩试验, 确定了螺旋粉虱不同种群发生密度对四季豆产量的影响。在研究产量损失的基础上, 根据防治费用、四季豆价格、产量水平、产量损失和防治效果的关系, 确定四季豆经济允许损害水平和螺旋粉虱的防治指标。研究表明: 1) 螺旋粉虱不同种群发生密度为害对四季豆生长周期内株高、叶片数量、叶面积(上部、中部和下部叶片)、花数量和花蕾数量影响不大, 各处理笼罩内四季豆长势较一致; 2) 随着螺旋粉虱虫口密度的增加, 四季豆平均荚果长度、平均最粗处周长和平均单果重量显著下降; 3) 随着螺旋粉虱虫口密度的增加, 每株四季豆采摘的豆荚数量和重量显著下降。虫口密度与豆荚重量/平均减产率呈显著负相关, 虫口密度与豆荚重量的关系式为: $Y=-2.8849X+371.7800$, $R^2=0.9442$, 虫口密度与平均减产率的关系式为: $Y=0.7349X+2.0966$, $R^2=0.9360$; 4) 当产量为 1500 kg/亩时, 四季豆的经济允许损害水平为 9.80%, 螺旋粉虱防治的经济阈值为 11 对成虫; 5) 不同产量水平下四季豆的经济允许损害水平随着产量的增加逐渐下降, 在产量为 2500 kg/亩时, 有 3 对螺旋粉虱成虫为害就需要采取防治措施; 6) 螺旋粉虱为害对四季豆粗蛋白、粗脂肪、粗纤维、可溶性糖和维生素 C 含量影响不大, 各处理间差异不显著。

经济允许损害水平随着防治费用、单位面积产量、农产品价格和防治效果的变化而变化, 经济允许损害水平决定经济阈值。经济阈值是一个动态的模型, 具有时效性和地域性的特点。确定害虫防治的经济阈值必须综合考虑当地农户的耕作习惯、农业生产水平和市场经济情况, 在不同时间、不同区域对经济阈值模型进行适当调整。

关键词: 螺旋粉虱, 四季豆, 产量, 经济允许损害水平, 经济阈值

*通讯作者

灰同缘小叶蝉成虫对不同颜色趋性与扩散动态初步研究*

秦文权** 罗 晶 李 晓 马 涛 刘志韬 徐正春 温秀军***

华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642

灰同缘小叶蝉 *Coloana cinerea* Dworakowska 是秋枫 (*Bischofia javanica*) 上的重要害虫, 经常导致秋枫叶片枯黄, 乃至大量落叶, 严重影响其正常生长和降低景观效果。本文通过在秋枫下悬挂 18 种颜色的 90 块粘虫板诱捕灰同缘小叶蝉, 定时调查 18 种不同颜色粘虫板对灰同缘小叶蝉成虫的诱捕数量, 了解其成虫对不同颜色的趋性差异。通过连续 24 小时查数秋枫树周围悬挂的粘虫板上的捕虫数量 (每小时调查 1 次), 观察灰同缘小叶蝉成虫在秋枫上的活动规律和扩散动态。通过调查悬挂在不同位置的粘虫板上粘虫数量, 了解其成虫向周围扩散飞行的活动范围。研究结果表明: (1) 不同颜色粘虫板捕虫数量差异显著。其中, 黄绿色、橘黄色、棕色三种粘虫板对灰同缘小叶蝉的诱捕数量最多, 显著高于其他各种颜色粘虫板, 黑色、橙色、黄色和红色粘虫板诱捕虫量次之, 绿色系列及蓝色系列粘虫板诱捕虫量较少, 尤以紫色和灰色粘虫板诱到的数量最少。(2) 灰同缘小叶蝉成虫在一天当中有明显的飞行活动高峰。一般在 18 点左右开始飞行活动, 凌晨 2 点后飞行活动显著增多, 4 点达到顶峰。6 点之后到 18 点之间几乎没有飞行活动。这个结果说明灰同缘小叶蝉成虫在黄昏开始, 飞行扩散活动多集中在夜间进行。(3) 粘虫板粘捕灰同缘小叶蝉成虫数量随距离秋枫变远而逐渐减小, 在秋枫周围 50 cm 左右时, 诱捕量超过 20 只。当距离秋枫 3.5m 远时, 粘虫板上粘捕量多为 0, 偶有 1~2 只。

关键词: 灰同缘小叶蝉, 颜色, 活动规律, 扩散动态, 诱捕效果

*基金项目: 本文得到“广州市城市森林可持续经营技术”项目的资助。

**第一作者: 秦文权 (1994-), 男, 安徽人, 华南农业大学林学与风景园林学院森林保护本科专业学生, 从事园林害虫研究。

***通讯作者, E-mail: wenxiujun@scau.edu.cn

农业景观格局对果树节肢动物种群动态影响*

刘军和** 杨艳丽 禹明甫

黄淮学院生物工程系, 河南驻马店 463000

【目的】农田景观结构影响自然生物控制作用, 其作用机制包括影响天敌群落结构、天敌扩散特性、种间关系等。果园分散种植是我国传统的农业种植模式, 由此产生的生境丧失与破碎化是农业生态系统中自然天敌对害虫控制能力下降的重要因素, 在果园生态系统中, 随着农村农户种植目标的不断改变, 果园节肢动物种群随之发生转变。【方法】本文以农村分散种植的39户杂交杏李果园为研究斑块, 利用网捕法、巴氏罐诱集等调查方法, 通过4年的连续调查, 研究了新建杂交杏李果园中节肢动物种群的构建、扩散和转移。【结果】随着树龄的增长, 果园节肢动物逐步占据种植斑块, 不同种群占据所有斑块所需的时间长短不一, 种群密度逐渐增长, 杂交杏李在种植后的8年种群密度趋于稳定, 具有明显的时滞期、扩散期和饱和期。农户分散种植和耕作方式的改变会产生明显的斑块效应和隔离效益, 农业种植格局是影响果园自然天敌及害虫种群变化的重要因素, 不合理的农田布局直接导致粮食害虫对果树的大范围破坏, 生境丧失与破碎化严重的干扰了天敌对害虫的寻找效应以及捕食。【结论】利用农业景观格局进行以害虫生物防治为中心的设计与规划有着巨大的前景。

关键词: 杂交杏李, 节肢动物, 群落转移, 扩散动态, 生境斑块

*基金项目: 河南省科技攻关项目(132102110021 和 142300410007) 和河南省高等学校青年骨干教师资助计划资助(2012GGJS-219)。

**作者简介: 刘军和(1979-9), 男, 宁夏隆德人, 副教授, 博士研究生, 主要从事昆虫生态学研究。E-mail: liujunhe79@126.com

超净绿色果品生产技术要求探讨

陈汉杰 张金勇 涂洪涛

中国农业科学院郑州果树研究所, 河南郑州 450009

中国是世界上栽培果树面积和产量最大的国家, 在一些区域已成为农民的主要收入来源, 随着人们生活水平的提高, 对果品的消费日益增长, 果品安全成为消费者关注的焦点。发展有机果品受到资源、环境等因素限制, 如何全面提高水果安全水平是果业未来面临的主要问题之一。对比国内外果品安全生产模式, 以及对发达国家果品安全生产探索经验、市场发展趋势进行分析, 结合国内当前生产现状, 提出了超净绿色果品生产的概念。相对于绿色果品, 超净绿色果品要求果品达到没有农药残留的水平, 可从生产过程和即时检测监管产品。文中对果品生产过程中如何减少化学品污染, 替代农药防治病虫害措施, 果品生产过程控制, 以及最终产品的监管进行了讨论, 希望对果品优质、安全生产起到一定的推动作用。

关键词: 果品安全, 超净绿色果品, 农药残留, 病虫害综合治理

桉袋蛾生物学特性初步研究*

罗晶** 秦文权 李晓 张媛媛 马涛 刘志韬 徐正春 温秀军***

华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642

桉袋蛾 *Acanthopsyche subferalbata* Hampson 属鳞翅目, 袋蛾科。最早发现于桉树上, 现广泛分布于广东、广西、福建、台湾等省, 危害多种棕榈科植物、桉属植物以及柚木等多种经济、园林树种。在华南农业大学校园中采集700头幼虫进行实验室饲养观察, 研究了桉袋蛾的生物学特性、食性选择及各龄幼虫取食量。桉袋蛾幼虫共有6龄, 各个龄期发育时间为4-5 d, 雌雄成虫异型, 雌成虫不羽化, 雄成虫羽化, 在光周期12L: 12D和恒温28℃的暗室培养下羽化时间集中在暗期7-8 h, 雄虫寿命为1-3 d, 交尾多在黄昏时进行。以寄主散尾葵 (*Chrysalidocarpus lutescens*)、三药槟榔 (*Areca triandra*)、大叶桉 (*Eucalyptus robusta*) 和柚木 (*Tectona grandis*) 为食物进行选择性饲喂实验, 结果表明在四种植物中, 桉袋蛾最喜欢取食散尾葵。选取130头低龄幼虫用柚木叶饲养于圆形小塑料盒 (r=4 cm) 中, 采取卡尺和网格纸方法测量每日袋囊半径和高度变化以及每日取食量 (取食面积), 结果表明幼虫袋囊半径和高度增长均匀平缓, 1-6龄幼虫平均每日取食面积依次为8.5、30、38、45、54.5、95.5 mm²。

关键词: 桉袋蛾, 生物学特性, 食性选择, 取食量

*基金项目: 本研究得到“广州市城市森林可持续经营技术”项目的资助。

**第一作者: 罗晶, 1995年生, 女, 重庆市人, 华南农业大学林学与风景园林学院森林保护专业学生, 从事林木害虫及其防治技术研究。

***通讯作者, E-mail: wenxiujun@scau.edu.cn

黄曲条跳甲成虫、寄主植物挥发物成分及其活性研究

黄金萍 罗孝竹 许 鑫 何柳寿 卢加铭 徐 迪 岑伊静*

华南农业大学昆虫生态研究室, 广东广州 510642

应用固相微萃取方法分别收集黄曲条跳甲 *Phyllotreta striolata* Fabricius 雌雄成虫的虫体及其寄主植物挥发物, 用 GC-MS 进行分析和比较。结果显示, 雌虫和雄虫挥发性物质含有烷烃类、烯烃类、醇类, 主要组分以烷烃类和烯烃类物质为主, 其中两者共同含有且含量较大的为 2-异丙基-5-甲基-1-庚醇和 2,4-二甲基-1-癸烯。雌、雄成虫释放的挥发性物质种类差异较大, 有 12 种仅存在于雌虫中, 25 种仅存在于雄虫中。同时, 两者都释放的挥发物含量差异也比较明显。选取了雄虫特有的部分化合物进行触角电位测试, 发现异胡薄荷醇、壬醛能引起黄曲条跳甲的触角电位反应, 进一步应用四臂嗅觉仪测定黄曲条跳甲成虫对其嗅觉反应。结果表明: 两种物质在不同浓度、流速下的作用不同, 雌雄虫对两种物质的反应也不同。异胡薄荷醇在流速 150 mL/min、浓度 10 μ L/mL 时对雌虫具有显著的吸引作用, 而对雄虫没有显著效果; 壬醛在流速 100 mL/min、浓度 10 μ L/mL 时对雌虫具有显著的驱避作用, 而在流速 200 mL/min、浓度 0.1 和 1 μ L/mL 时对雄虫具有一定的吸引作用。另外, 收集和比较了完整和被取食过的寄主植物芥菜 (*Brassica juncea*. L) 的挥发物, 结果显示, 两者分别检测到 12 种、8 种挥发物, 含有酯类、脞类、烷类和醛类, 主要组分以酯类和脞类为主, 其中两者共同含有且含量较大的为酞酸二甲酯和酞酸二乙酯。从中筛选出 5 种可能有吸引作用的物质, 触角电位测试表明其中 3 种能引起黄曲条跳甲的触角电位反应, 分别是酞酸二甲酯、邻苯二甲基二丁酯和邻苯二甲基二异丁酯。

关键词: 黄曲条跳甲, 芥菜, 挥发物, 活性

*通讯作者

转 *Bt* 水稻种植与化学防治对稻田跳虫种群的影响*

刘向辉^{1**} 陈群英¹ 梁玉勇²

1. 中国科学院动物研究所, 农业虫害鼠害综合治理研究国家重点实验室, 北京 100101;

2. 江西省农业科学院植物保护研究所, 江西南昌 330200

转 *Bt* 基因作物在害虫控制、降低农药使用量等方面具有明显优势, 但其大规模商业化种植后, 可通过植物残体、根际分泌物以及花粉等向土壤中释放 *Bt* 杀虫蛋白, 因而存在着潜在的生态风险性。跳虫作为土壤生态系统中最丰富、多样性最高的指示动物, 在生态系统有机质分解中发挥着重要生态功能。为理解转 *Bt* 水稻种植与化学防治对土壤跳虫的影响, 本研究从 2012 年 7 月至 2014 年 10 月为期 3 年, 系统的调查了以 *Bt* 水稻 (华恢一号) 与非 *Bt* 水稻 (明恢 63)、常规化学防治与不进行化学防治处理对稻田中土壤跳虫种群数量。

从 2012 年全年 (7~10 月) 每 1 个月 1 次的调查结果来看, 虽然化学防治处理的 *Bt* 水稻田 ($6.67 \pm 3.1798 \text{ m}^2$) 与非 *Bt* 水稻田 ($10 \pm 5.85947 \text{ m}^2$) 土壤跳虫的数量较少, 但与没有施与化学防治的这 2 个处理田跳虫的数量 (分别为 $12.333 \pm 0.38296 \text{ m}^2$ 、 $11.331 \pm 0.66667 \text{ m}^2$) 没有显著差异。这可能与化学防治的农药主要是喷在水稻叶面上, 落在地面上或水中的较少, 对土壤跳虫的影响较小有关。

根据第 2 年 (2013 年) 5 月、7 月、8 月、9 月和 10 月对土壤跳虫各处理的种群数量调查结果来看, 虽然每个月各处理的数量对比, 有的数据差异较大, 但由于有的处理的内部重复标准误较大, 实际分析的结果每个月各处理的差异不显著, 即化学防治与未化学防治, 转基因水稻田与非转基因水稻田的土壤跳虫数量相比没有显著差异, 是否化学防治与是否转基因水稻对土壤跳虫没有影响。

进一步于第 3 年 (2014 年) 5 月、8 月和 10 月采样调查稻田土壤跳虫, 结果显示, 除 5 月的非转基因水稻田和非转基因+化学防治处理的土壤跳虫数量对比达到显著差异外, 其他月份的各处理间的跳虫数量对比均未达到显著差异。

我们连续 3 年表明, 转 *Bt* 稻田无论使用化学农药防治或不进行化学防治对稻田内的土壤跳虫均没有显著的影响。

关键词: 转 *Bt* 稻田, 化学防治, 跳虫, 种群

*基金项目: 转基因 *Bt* 水稻重大专项 (2012ZX08011002)。

**通讯作者, E-mail: liuxh@ioz.ac.cn

转 *Bt* 水稻种植与杀虫剂使用对稻田螨类群落的影响*

刘向辉^{1**} 陈群英¹ 梁玉勇²

1. 中国科学院动物研究所, 农业虫害鼠害综合治理研究国家重点实验室, 北京 100101;

2. 江西省农业科学院植物保护研究所, 江西南昌 330200

转基因生物在给人类带来巨大经济效益和社会效益的同时, 也可能带来了由于转基因环境释放所造成的环境风险问题。过去, 我国转基因作物生态环境风险评价的焦点主要集中于转基因水稻对水稻上靶标和非靶标害虫的影响研究, 而对土壤动物的影响却鲜有报道。土壤动物在农田生态系统物质循环中起着非常重要的作用。而螨类占动物总数的 28.74% - 77.83%, 被认为是与跳虫、线虫并列的最重要的三大生物指示动物之一。

2012~2014 年连续 3 年以专项研发的转 *Bt* 水稻华恢一号及其明恢 63 为研究材料, 在江西转基因水稻种植基地, 以稻田螨类为研究对象, 系统调查了转 *Bt* 稻田与非转 *Bt* 稻田 2 种类型田内防治与非防治 2 个处理共 12 个小区内螨类群落组成与动态。

从连续 3 年的每年 3 次采样来看, 均以 10 月螨类的数量最高。通过对土壤螨类的优势类群进行分析, 发现各处理的优势类群相差不大, 各处理的优势类群主要集中在前气门亚目 (Prostigmata) 的盾螨科 (Scutacaridae), 中气门亚目 (Mesostigmata) 的植绥螨科 (Phytoseiidae) 和囊螨科 (Ascidae) 以及甲螨亚目 (Oribatida) 的尖棱甲螨科 (Ceratozetidae) 尖棱甲螨属 (Ceratozetes) 的螨类。除 5 月份的“非转基因-化防”处理与“转基因-化防”处理及“转基因”与“转基因-化防”处理的螨类数量对比达到显著差异外, 其余对比均无显著差异; 通过进行各处理的土壤螨类的丰富度、SR 指数、多样性指数 (Shannon-Wiener 指数)、优势度指数 (C) 和均匀度指数 (E) 等分析, 表明各处理的上述生态学指数对比均无显著差异。我们的田间试验显示, 转 *Bt* 水稻种植下的土壤中螨类的总数量、各个生态指标和群落结构均没有显著的影响。

关键词: 转 *Bt* 水稻, 杀虫剂, 螨, 群落

*基金项目: 转基因 *Bt* 水稻重大专项 (2012ZX08011002)。

**通讯作者, E-mail: liuxh@ioz.ac.cn

不同麦长管蚜地理种群对缺水胁迫的响应比较

戴 鹏 刘德广*

西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100

我国的小麦生产长期以来受到干旱和病虫害的困扰, 其中麦长管蚜 *Sitobion avenae* (Fabricius) 的危害尤为突出。气候变暖背景下我国西北地区暖干化加速, 为麦长管蚜种群分化提供了适宜条件, 对该蚜虫的成灾也会产生重要影响。因此, 从陕西和甘肃的不同干旱程度地区采集了麦长管蚜样品, 并比较了这些种群对缺水胁迫的响应。结果表明, 同来自湿润区种群相比, 来自半干旱区的麦长管蚜种群个体发育历期延长, 繁殖期缩短, 繁殖力降低。缺水胁迫下, 来自半干旱区和湿润区的该虫成活率动态之间有显著区别, 来自半干旱区的该虫成活率在其一生中的各个时期都要低于来自湿润区蚜虫。作为影响不同麦长管蚜地理种群参数的重要因子, ‘种群来源’和‘克隆系’对各生活史性状变化 (total variance) 的贡献率为 63%~97%。半干旱区和湿润区麦长管蚜生活史性状之间的相关性以及不同缺水胁迫水平对各种种群的选择系数 (selection differentials and gradients) 都存在统计上的显著差别。这些结果说明不同干旱程度地区麦长管蚜种群之间有明显的地理分化, 测试种群间的差异具有明显的遗传基础, 而且一些克隆系可能对不同地区的干旱条件产生了一定的适应性。将利用微卫星分子标记对不同干旱程度地区麦长管蚜种群进行遗传分化的深入分析, 探讨这些种群对各种干旱条件的适应性和自然演化。各种物理、生理、生态等因子的综合作用使得预测干旱胁迫下麦长管蚜的动态极具挑战性, 这些结果将对麦长管蚜种群动态的预测和生态治理提供理论依据和参考。

关键词: 麦蚜, 地理种群, 干旱胁迫, 遗传分化, 微卫星

*通讯作者, E-mail: dgliu@nwsuaf.edu.cn

不同寄主植物上麦长管蚜的适应性和专化性分析

王 达 高素霞 刘德广*

西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100

麦长管蚜 *Sitobion avenae* (Fabricius) 是世界范围内麦类作物上的重大害虫。除麦类作物外, 该虫还可在很多杂草寄主(如早熟禾等)上取食和繁衍。这些寄主植物的自然选择能导致该虫的种群分化, 并可能导致寄主专化型的产生。因此, 在陕西和青海从多种寄主植物上采集了麦长管蚜样品, 并基于生活史、微卫星分子标记和次级内共生菌对这些种群进行了分析和比较。结果表明, 在所有测试寄主中, 来自小麦的该虫种群在小麦上增长率最快, 其次是大麦和燕麦上, 而在黑麦草和鸭茅上的增长率较低。各测试种群在转寄主前后的生活史特征发生显著改变, 说明不同寄主来源种群呈现一定程度的分化。该虫的大麦种群比燕麦种群对来源寄主具有更高的专化性, 并且该虫的适合度随着其专化程度的升高而增加。对重要生活史参数的主成分分析结果显示, 在小麦上所有测试蚜虫基因型形成 5 个聚集群, 在大麦上形成 4 个聚集群, 在鸭茅草上形成 3 个聚集群, 在黑麦草上形成 6 个聚集群。基于微卫星标记的遗传分化结果表明, 同一地方小麦和大麦上的麦长管蚜种群间遗传分化程度较低, 而它们与燕麦上种群间的遗传分化程度较高。寄主植物对共生菌 *Regiella insecticola* 的感染率影响显著, 而地理位置对 3 种共生菌(*R. insecticola*, *Hamiltonella defensa* 和 *Rickettsia* sp.) 的感染率影响都显著。因此, 寄主植物和蚜虫次生内共生菌都能在麦长管蚜的种群分化中发挥重要作用, 其分化机制和具体原因都值得进一步深入研究。

关键词: 麦蚜, 寄主选择, 遗传分化, 共生菌, 微卫星

*通讯作者, E-mail: dgliu@nwsuaf.edu.cn

近零磁场影响下褐飞虱取食行为的 EPG 研究*

江守林^{1**} 万贵钧¹ 潘卫东² 陈法军^{1***}

1. 南京农业大学植物保护学院昆虫信息生态实验室, 江苏南京 210095;
2. 中国科学院电工研究所, 生物电磁学北京市重点实验室, 北京 100190

地球上的生物无时无刻不受着地磁场的影响, 而地磁场变化对生物生命活动的影响越来越受到人们的广泛关注。昆虫作为地球上种类最多的生物之一, 研究磁场影响下昆虫的生长发育与繁殖以及行为学影响, 探究其对磁场变化的响应机制对于揭示生物的磁生物学效应机理至关重要。【目的】在近零磁场下, 探究褐飞虱老龄若虫的生长发育状况与取食行为机制。为昆虫的磁生物学效应研究提供行为学依据。【方法】本实验设置近零磁场作为处理组, 以地球磁场为对照组, 采用单个试管、单株稻苗单头饲养褐飞虱以观察其生长发育与繁殖, 利用十万分之一电子天平称量初羽化成虫体重, 并结合 EPG 实验监测两组 5 龄若虫的取食行为差异。【结果】(1) 近零磁场显著延缓了褐飞虱若虫发育历期, 平均延迟达 0.44~1.45 d (2.68%~8.88%); 并且明显降低了初羽化成虫体重, 平均降低达 20~180 ng (1.30%~10.58%), 但差异不显著。(2) 近零磁场处理对褐飞虱若虫取食行为各阶段总持续时间影响不显著, 但对各阶段的频率影响显著。其中, 路径波 (P 波) 持续时间无差异, 但频率显著降低达 43.5%, 说明近零磁场褐飞虱的刺探效率低, 降低了刺探成功率; 韧皮部唾液分泌波 (N4a 波) 持续时间无差异, 但其频率显著增加达 47.5%, 说明近零磁场下褐飞虱会不停的重新选择刺吸取食部位并分泌水溶性唾液; 韧皮部被动取食波 (N4b 波) 持续时间有降低趋势, 而其频率显著增加达 100%, 表示处理组若虫在不停的挑食, 致使有效取食显著低于对照组。此外, 与地磁场相比, 近零磁场中褐飞虱若虫刺吸取食过程中口针第一次到达韧皮部 (N4a 波) 的时间显著延迟达 106.0%, 并且刺吸取食的持续时间 (N4b 波) 显著缩短达 42.5%, 说明近零磁场下褐飞虱有效取食时间短于正常磁场处理。(3) Pearson 相关性分析表明, N4b 波总持续时间与 P 波和 N4a 波呈显著负相关, 即 P 波和 N4a 波持续时间越长, 韧皮部被动取食持续时间越短; 此外, 首次韧皮部取食持续时间与 N4b 波总持续时间呈显著正相关, 并与体重呈显著正相关关系。研究中, 研究中还发现了一个新的波型 (定为 N4ab 波), 该波介于 N4a 波与 N4b 波之间。且其发生频率与 N4b 波完全正相关, 可作为存在取食波 N4b 波的标志, 方便读取数据, 减少工作难度。【结论】近零磁场对褐飞虱若虫的生长发育存在负面效应, 这可能与取食行为有关, 近零磁场导致首次韧皮部取食持续时间减少, 有效取食时间缩短, 从而对褐飞虱若虫历期及初羽化成虫体重产生影响。

关键词: 近零磁场, 褐飞虱, 生长发育, 取食行为, 刺吸电位图谱 (EPG)

*基金项目: 国家自然科学基金面上项目“稻飞虱生理发育与迁飞行为的磁响应机制研究” (31470454)。

** E-mail: 18761863896@163.com

***通讯作者, E-mail: fajunchen@njau.edu.cn

防治枸杞蓟马的植物源药剂筛选及混用增效制剂研究

刘 畅* 王 芳 张 蓉**

宁夏农林科学院植物保护研究所, 宁夏银川 750002

【目的】通过研究植物源药剂对枸杞蓟马的增效作用, 研制出防治枸杞蓟马的植物源农药。【方法】采用浸叶药膜法, 测定了 8 种植物源农药单剂及其混剂对花蓟马 *Frankliniella intonsa* 的毒力; 根据共毒因子法和等效线法确定配方; 通过 Sun 法对复配剂的联合毒力作用进行评价。【结果】苦参碱和烟碱混用具有明显的增效作用, 在有效成分含量为 5 比 1 时, 其共毒系数达 152.8。结合对溶剂、乳化剂等助剂的筛选, 研制出 7.5%苦参碱·烟碱环保型乳油, 配方为: 苦参碱(6.2%)、烟碱(1.3%)、溶剂(83.8%)、乳化剂(8.7%)。质量检测结果表明该制剂各项指标均达到商品农药的要求。大田药效试验表明, 该制剂在质量浓度为 5 g/L 时, 常量喷雾, 药后 7 d 对枸杞花蓟马的防效仍为 84.57%。【结论】苦参碱和烟碱混用具有显著的杀蓟马相互增效作用, 具有进一步开发潜力。

关键词: 蓟马, 植物源杀虫剂, 增效作用, 苦参碱, 烟碱

*作者简介: 刘畅(1985-), 女, 辽宁沈阳人。研究实习员, 硕士, 研究方向: 植物源农药的开发与利用。Tel: 0951-6882367, E-mail: liuchangamy@126.com

**通讯作者, 张蓉(1966-), 女, 宁夏同心人, 研究员, 博士, 研究方向: 生物农药。Tel: 0951-6886823, E-mail: yczhrnx@163.com

温室白粉虱人工饲养技术探索*

范晓溪** 刘少武 常秀辉 张俊龙 宋玉泉

沈阳化工研究院有限公司 新农药创制与开发国家重点实验室, 辽宁沈阳 110021

温室白粉虱 *Trialeurodes vaporariorum* (Westwood) 属同翅目粉虱科昆虫, 是一种世界性的农业害虫, 其寄主范围广泛, 已知寄主有 121 科 898 种 (含变种), 近年来粉虱类害虫在我国的爆发危害持续加重, 对我国蔬菜及花卉产业造成了严重的威胁。为促进其防控技术研究, 迫切需要建立标准化饲养技术, 为室内生物活性测定提供稳定、大量的标准化试验用虫。

本研究以烟苗饲养探索温室白粉虱的室内饲养方法, 总结了室内饲养温室白粉虱各个虫态历期, 并发展了其长期、继代、规模化饲养的标准饲养技术。室内饲养温室白粉虱 ($24\pm 1^{\circ}\text{C}$, RH: 60%~70%) 从卵至羽化成虫的发育历期分别为: 卵 7 d, 若虫期 10 d, 其中 1 龄若虫 5 天, 2 龄 2 d, 3 龄 3 d, 伪蛹 8 d, 在 $15\sim 33^{\circ}\text{C}$ 范围内, 雌虫寿命随温度升高而降低, 15°C 为 50.5 天, 33°C 时为 4.6 d。另外, 对传统室内饲养进行优化, 通过对成虫饲养室内补充盛开的花卉, 改良温室白粉虱成虫的营养构成, 对 10~15 代饲养情况进行统计, 结果表明: 成虫产卵率和孵化率分别提高 25.26% 和 35.69%。该饲养技术适合温室白粉虱的周年继代和规模化饲养, 同时也为其他刺吸式口器昆虫人工饲养提供借鉴与参考。

关键词: 温室白粉虱, 人工饲养

*基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划项目 (2011BAE06B08); 国家重点基础研究发展计划 (973 计划) 项目 (2012CB724501)。

**作者简介: 范晓溪(1986-), 男, 汉族, 吉林省四平, 硕士, 主要从事杀虫剂生物测定工作。

新型药剂 18%卷螟杀 3 号防治稻纵卷叶螟的田间防效

龚朝辉^{1*} 龚航莲^{2**}

1. 江西省萍乡市农技站, 江西萍乡 33700; 2. 江西省萍乡市植保站, 江西萍乡 337000

【目的】应用新型药剂 18%卷螟杀 3 号防治稻纵卷叶螟 *Cnaplocrocis medinalis* 的田间防治效果, 为推广应用提供依据。【方法】采用喷雾法, 将 18%卷螟杀 3 号设 3 个剂量处理 30、50、80 mL/666.7 m², 80%敌敌畏 80 mL/666.7 m², 25%杀虫双 100 mL/666.7 m², 每个处理 3 次重复, 每重复 1 个小区, 每小区面积 60 m², 各小区随机排列, 药后 12、24、72 h 检查对稻纵卷叶螟幼虫的杀伤效果。【结果】比较 18%卷螟杀 3 号不同使用剂量与对照药剂防治稻纵卷叶螟幼虫的效果, 采用 DPS 法进行差异显著性分析。18%卷螟杀 3 号 80 mL/666.7 m² 的效果最好, 其防效达 98.82%, 显著高于 18%卷螟杀 3 号 50 mL/666.7 m² 防效 78.62% 及 80%敌敌畏 80 mL/666.7 m² 防效 72.57% 的防治效果。极显著高于 18%卷螟杀 3 号 30 mL/666.7 m² 防效 68.52% 及 25%杀虫双 100 mL/666.7 m² 防效 64.22% 的防治效果。【结论】萍乡市三农农资及农业分会联合创制的 18%卷螟杀 3 号是防治稻纵卷叶螟的特效药剂, 但对其防机制等尚未进行试验总结, 创制新型农药尚有大量的工作量。

关键词: 18%卷螟杀 3 号, 稻纵卷叶螟, 田间防效

*作者简介: 龚朝辉, 男, 学士学位, 农艺师, 研究方向: 病虫中长期测报及病虫综合治理。Tel. 13970592399
E-mail: 26537383qq@qq.com

**通讯作者, Tel.138799900267, E-mail: ghl1942916@sina.com

转换寄主证实二化螟存在水稻和茭白寄主种群*

全为礼 刘 文 周睿琦 丁 楠 马伟华 雷朝亮 王小平**

华中农业大学昆虫资源研究所, 昆虫资源利用与害虫可持续治理湖北省重点实验室, 湖北武汉 430070

二化螟 *chilo suppressalis* 是水稻和茭白上的重要害虫, 存在水稻种群与茭白种群, 两种群在生物学等多方面存在显著差异。目前, 仍缺乏证据证明两种群已经分化形成不同的寄主种群。本研究以来源于茭白田的二化螟茭白种群 (简称为 W, 下同) 和来源于水稻田的二化螟水稻种群 (R) 为材料, 通过茭白果肉法 (w) 和稻苗法 (r) 连续饲养两种群 (共 4 个处理: W-w, W-r, R-w, R-r), 比较了第 1 代和第 3 代二化螟两种群生物学特征及交配节律的差异, 为证实二化螟分化为不同寄主种群提供实验证据。转换寄主后, 茭白种群第 1 代幼虫存活率显著较低, 而水稻种群的幼虫存活率显著升高, 第 3 代两种群的幼虫存活率变化趋势相似, 且各处理两代之间没有显著差异; 转换寄主后, 茭白种群第 1 代幼虫发育历期显著延长, 而水稻种群幼虫发育历期显著缩短, 第 3 代两种群幼虫发育历期变化趋势相似, 且各处理两代之间差异不明显; 转换寄主后, 茭白种群第 1 代蛹重和成虫前翅长显著较低, 而水稻种群蛹重和成虫前翅长显著升高, 第 3 代两种群蛹重和成虫前翅长变化趋势相似, 且各处理两代之间相比没有显著差异; 转换寄主后, 茭白种群第 1 代成虫单雌产卵量明显降低, 而水稻种群成虫单雌产卵量明显升高, 第 3 代两种群成虫单雌产卵量变化趋势相同, 且各处理两代之间没有显著差异; 取食茭白果肉和稻苗后, 二化螟水稻种群成虫集中在暗期开始后 3~4 h 交配, 而茭白种群成虫集中在暗期开始后 6~7 h 交配, 茭白种群和水稻种群的交配节律有显著差异, 转换寄主对二化螟水稻种群和茭白种群的成虫交配节律没有显著影响。以上研究结果表明, 二化螟幼虫存活率、发育历期、个体大小、产卵量等生物学特征受寄主植物和种群来源共同影响, 存在的表型可塑性; 交配节律是二化螟两种群的稳定遗传特性, 不受寄主植物的影响; 据此, 我们认为二化螟已经分化形成不同的寄主种群, 处在同域物种形成的早期阶段, 对揭示交配时间隔离在同域物种形成中的作用有重要意义。

关键词: 二化螟, 寄主种群, 寄主转换, 表型可塑, 同域物种形成

*基金项目: 教育部高等学校博士点专项科研基金 (20130146110027)。

**通讯作者, E-mail: xpwang@mail.hzau.edu.cn

长、短翅型褐飞虱蛋白质组的比较研究*

梁梓强 梁士可 刘婷婷 李广宏 王方海**

中山大学生命科学大学院 有害生物控制与资源利用国家重点实验室, 广东广州 510275

为探讨褐飞虱翅二型分化和发育相关的调控机制, 本实验采用双向电泳结合基质辅助质量飞行时间串联质谱 (MALDI-TOF/TOF-MS/MS) 等方法, 初步对长、短翅型褐飞虱雌虫的全蛋白组进行了比较研究。通过电泳图谱的分析, 结果在长、短翅雌虫中分别检测到113和117个蛋白点; 长翅型雌虫蛋白图谱中, 发现了22个特有蛋白点, 经质谱鉴定其中有1蛋白点可能为flightin蛋白; 短翅型雌虫蛋白图谱中, 发现了26个特有蛋白点, 均未鉴定出属于何种蛋白。此外, 两种翅型雌虫的蛋白图谱中均出现的蛋白点共有91个, 其中在长翅型雌虫中表达含量大于短翅型雌虫中含量3倍以上的蛋白点有18个, 通过串联质谱鉴定, 成功鉴定出当中的5种蛋白分别为烯醇酶 (enolase)、电子转移黄素蛋白 (electron transfer flavoprotein)、磷酸甘油酸酯变位酶 (putative phosphoglycerate mutase)、肌球蛋白 (myosin)、14-3-3蛋白 ζ 同工型 (14-3-3 protein zeta isoform); 而在短翅型雌虫中表达含量大于长翅型雌虫中含量3倍以上的蛋白点则有7个。这些数据将有助于进一步从蛋白质角度研究褐飞虱翅型分化的调控机制。

关键词: 翅型分化, 双向电泳, 串联质谱

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31171844)。

**通讯作者, E-mail: lsswfh@mail.sysu.edu.cn

白背飞虱二种翅型的形态观察和测量*

梁士可 梁梓强 刘婷婷 李广宏 王方海**

中山大学生命科学大学院 有害生物控制与资源利用国家重点实验室, 广东广州 510275

白背飞虱, 属同翅目、飞虱科, 成虫具有长翅型和短翅型两种翅型。长翅型成虫能够在环境条件不良时飞行迁移, 借此成功躲避恶劣的环境; 短翅型白背飞虱则为定居型, 发育速度较快, 繁殖力很强。本文借助Nikon体视显微镜SMZ1000操作系统对白背飞虱长、短翅型雌虫的去翅虫体、前翅和后翅进行观察和测量。结果发现长翅型雌虫的前翅呈黄褐色半透明状, 横脉向翅根处有一凸弧, 后翅透明薄膜状, 无横脉; 短翅雌虫的前翅呈长椭圆状、黄褐色半透明, 横脉向翅根处也有凸弧, 后翅扇形, 乳白色, 半透明。短翅型雌成虫的体长平均为3.83 mm, 大于长翅型雌成虫的体长3.42 mm; 短翅型雌虫的前翅与后翅之比为4.25, 而长翅型雌虫的前翅与后翅之比为1.19; 短翅型雌虫的后翅与长翅型雌虫的后翅之比为0.14, 短翅型雌虫的前翅与长翅型雌虫的前翅之比为0.53, 显著大于前者。本文研究结果从形态测量学的角度对白背飞虱翅型的深入研究提供了一定帮助。

关键词: 白背飞虱, 翅二型, 前翅, 后翅

*基金项目: 国家自然科学基金 (31171844)。

**通讯作者, E-mail: lsswfh@mail.sysu.edu.cn

几种植物源提取物对马铃薯甲虫的触杀效果研究

张博宇 李 贞 张青文 刘小侠*

中国农业大学昆虫系, 北京 100193

马铃薯甲虫是一种重要的国际检疫性害虫, 广泛分布于欧美和亚洲地区 (Hare, 1990)。对马铃薯等茄科作物会造成毁灭性的危害。传入我国新疆部分地区后, 对当地马铃薯产业造成了严重的威胁 (吐尔逊·阿合买提等, 2010)。目前, 主要采取化学防治的方法控制马铃薯甲虫, 但其抗药性也在迅速发展 (王志田等, 2010), 探索合适的植物源农药防治马铃薯甲虫是一种重要的解决方法。本文尝试测定了大蒜、丁香、川椒和芸香草 4 种植物提取物对马铃薯甲虫的触杀效果。分别将四种提取物滴加在马铃薯甲虫成虫背部, 将大蒜和丁香提取物滴加在马铃薯甲虫 4 龄幼虫腹部, 将川椒和芸香草提取物滴加在马铃薯甲虫 2 龄幼虫腹部, 每头分别滴加 10 μL 植物提取物, 滴加丙酮为对照, 每十头放入一洁净的培养皿中饲养, 每个处理设置 3 个重复, 每隔 24 h 观察一次死亡情况, 连续观察记录 3 天。结果表明: 药剂处理 72 h 后, 大蒜、丁香、川椒和芸香草植物提取物对马铃薯甲虫成虫的 LC_{50} 分别为 388.37、1272.18、460.97、3714.71 $\mu\text{L}/\text{mL}$; 大蒜、丁香提取物对马铃薯甲虫四龄幼虫的 LC_{50} 分别为 243.59、383.45 $\mu\text{L}/\text{mL}$, 川椒、芸香草提取物对马铃薯甲虫二龄幼虫的 LC_{50} 分别为 26.60、266.44 $\mu\text{L}/\text{mL}$ 。可以看到, 大蒜提取物对马铃薯甲虫成虫触杀效果最强, 对 4 龄幼虫大蒜提取物较丁香的触杀效果强, 而川椒提取物对 2 龄幼虫的触杀效果非常显著的高于芸香草。

关键词: 马铃薯甲虫, 植物提取物, 触杀效果, 大蒜, 丁香, 川椒, 芸香草

* 通讯作者

我国重要入侵害虫苹果蠹蛾的种群遗传多样性和入侵来源分析*

段辛乐 李玉婷 门秋雷 陈茂华**

西北农林科技大学植物保护学院, 农业部西北黄土高原作物有害生物综合治理重点实验室,
陕西杨凌 712100

苹果蠹蛾 *Cydia pomonella* (L.) 是世界各国高度关注、严重危害仁果类水果生产的外来有害生物。该虫自上世纪 50 年代在我国新疆地区首次报道以来, 逐渐向我国苹果优势产区逼近, 严重威胁我国苹果主产区的水果生产安全。本研究利用 8 个微卫星位点和 3 个线粒体基因对采自我国主要疫区新疆、甘肃和黑龙江, 以及 9 个其他国家的苹果蠹蛾种群的遗传多样性和入侵来源进行分析。结果显示, 在我国苹果蠹蛾种群中, 黑龙江种群具有最高的遗传多样性和较多的独有单倍型, 而且与欧洲种群具有相同的遗传结构。伊犁河谷地区的三个种群在西北种群中具有较高的遗传多样性与相似的遗传结构; 和黑龙江种群相比, 甘肃种群和新疆种群具有相似的遗传多样性和遗传结构, 且共有更多的线粒体基因单倍型; 结合伊犁河谷地区种群较高的遗传多样性及其特殊的地理位置, 分析认为, 苹果蠹蛾最初从该地入侵到新疆, 之后扩散至新疆全境及甘肃等地区。我国东北和西北种群与欧洲种群之间有 3 个线粒体基因共享单倍型, 由于欧洲是苹果蠹蛾的起源地, 推测我国疫区苹果蠹蛾种群最初可能起源于欧洲, 而东北种群可能来源于多重入侵或邻近的俄罗斯远东地区。两种分子标记的方差分析皆显示, 新疆、甘肃、黑龙江种群存在低水平但显著的遗传分化, 说明种群间存在有限的基因交流; 种群间地理距离与遗传距离不存在显著相关性, 表明人为协助的扩散在种群分化中可能起到了重要作用。

关键词: 苹果蠹蛾, 分子标记, 遗传多样性, 遗传结构, 入侵来源

*项目资助: 国家自然科学基金(31071687); 教育部高等学校博士学科点专项科研基金(博导类)(20110204110001); 国家科技支撑计划课题(2012BAK11B03)。

**通讯作者, E-mail: maohua.chen@nwsuaf.edu.cn

我国甘蔗外来有害生物现状及对策

覃振强¹ 周忠实² 韦金菊¹ 潘雪红¹ 宋修鹏¹

1. 广西农业科学院甘蔗研究所, 广西南宁 530007; 2. 中国农业科学院植物保护研究所, 北京 100193

甘蔗 *Saccharum officinarum* L. 是我国最重要的糖料作物, 种植面积约 150 万公顷, 广西、云南、广东和海南为主要产区, 其中广西是仅次于巴西圣保罗州的世界第二大产糖省 (州、自治区), 种植面积和产糖量约为全国的 2/3。甘蔗属于热带、亚热带作物, 生长期长, 可在水田、旱坡丘陵地区生长, 受到多种病虫害的危害。全世界甘蔗有害生物 1770 多种, 其中虫害 1000 多种、病害 120 多种; 我国已发现虫害 360 多种、病害 60 多种。目前我国甘蔗相关的检疫性有害生物种类为 48 种, 其中害虫 12 种、病害 18 种、杂草 18 种, 但对甘蔗斐济病 *Frankliniella occidentalis* (Pergande) 等检疫性病虫害未引起足够重视。据报道广西外来入侵物种有 181 种, 其中植物 96 种, 在蔗田外来入侵杂草有 14 科 39 种。薇甘菊 *Mikania micrantha* H. B. K. 是甘蔗园的入侵杂草之一, 其在我国的综合风险值 R 为 2.3, 是高度风险的有害生物。蔗扁蛾 *Opogona sacchari* (Bojer) 于 2001 年在杭州首次发现危害, 调查表明其可危害植物达 23 科 56 种, 已在我国多个省区分布。褐纹甘蔗象 *Rhabdoscelus lineaticollis* (Heller) 对我国是具有高度危险性的有害生物, 2002 年传入广东、广西, 国内专家对其适生区、寄主影响、定殖能力及防治技术等方面进行了研究。赭色鸟喙象 *Otidognathus rubriceps* Chevrolat 于 1992 年首次在云南西双版纳蔗区发现, 目前在局部蔗区发生危害, 主要分布于勐海、孟连、弥勒、景东、盈江等县, 可咬食甘蔗心叶、钻蛀蔗茎, 影响甘蔗产量。

甘蔗主产区地处我国南疆的北部湾经济圈, 沿海、沿边、沿江, 具有独特的地理条件和气候特点, 国际贸易频繁、交流合作密切, 外来入侵种类多、危害严重。外来入侵物种对生态环境和经济发展造成了严重威胁, 已引起了政府和科技人员的重视。但目前有关甘蔗外来有害生物的研究较少, 对其分布和危害还有待加强研究, 今后需做好国内外甘蔗引种检疫、蔗区外来有害生物普查和评估、开展有害生物的生物学及关键控制技术研究。

关键词: 甘蔗, 外来有害生物, 中国

豚草天敌昆虫的研究与利用概况*

周忠实** 郭建英 万方浩***

中国农业科学院植物保护研究所 植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100193

豚草 *Ambrosia artemisiifolia* L. 起源于北美洲, 一年生草本植物, 靠种子繁殖。豚草在入侵地逃离了天敌等生物因子的制约, 种群得以快速发展, 并暴发成灾, 对人类健康、农牧业生产、生态环境等均造成严重的影响。从 20 世纪 60 年代开始, 许多国家从原产地寻找天敌, 开始豚草生物防治。我国从 20 世纪 80 年代, 先后从国外引进了 5 种植食性昆虫, 对其生物学、生态学特性及其应用等开展了研究, 最终确认豚草条纹叶甲和豚草卷蛾是 2 种具有应用前景的天敌昆虫。这两种天敌昆虫在野外释放后, 仅有豚草卷蛾能在野外成功建立种群, 一定程度上延缓了豚草种群的蔓延。随后, 2001 年, 在南京市郊的豚草上发现一种来自北美的广聚萤叶甲, 经过寄主专一性测定后, 发现其具有严格的寄主专一性。同时, 这种叶甲气候适应能力、繁殖力和对豚草控制潜力均较强。在中国, 广聚萤叶甲和豚草卷蛾生态位互补的生物防治技术已被提出, 并在南方各省市大面积推广应用, 取了非常理想的控制效果。然而, 广聚萤叶甲尚未能在北方建立种群, 这给北方豚草的生物防治带来了许多困难。因此, 通过野外创造有利于广聚萤叶甲成虫越冬的人工保护生境, 或通过人工冷驯化和筛选获取高产耐寒种群, 将有助于这些问题的解决。

关键词: 豚草, 天敌昆虫, 生物防治, 生态位互补, 寄主专一性

*基金项目: 国家优秀青年科学基金 (编号: 31322046); 国家自然科学基金面上项目 (31171908)。

**作者简介: 周忠实, 1976 年 11 月生, 研究员, 博士生导师, E-mail: zs.zh@126.com

***通讯作者, E-mail: wanfanghao@caas.cn

生物防治为主的椰心叶甲持续治理技术研究与应用

彭正强 李 洪 徐汉虹 覃伟权 吕宝乾 秦长生 马子龙 李朝绪

金 涛 张志祥 唐 超 曾 玲 沈有孝 叶宝鑑 李伟东

1. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所；
2. 海南省森林病虫害防治检疫站；
3. 华南农业大学；
4. 中国热带农业科学院椰子研究所；
5. 广东省林业科学研究院；
6. 佛山市南海区绿宝生化技术研究所；
7. 海南省出入境检验检疫局

椰心叶甲是一种棕榈植物的世界检疫性害虫，2002 年入侵海南，导致椰子、槟榔减产 60%，甚至绝收，严重威胁到我国椰子、槟榔产业的健康持续发展。同时对南方沿海地区的绿色生态安全和热带自然景观构成了巨大威胁。本项目组充分利用各协作单位原有的工作基础、优势和条件，开展联合攻关。通过近十年的研究，在阐明椰心叶甲发生为害规律和入侵成灾机理的基础上，研发和集成创新了以生物防治为主的持续治理技术体系。主要特色和技术创新如下：

1. 系统阐明了椰心叶甲种群动态和灾变规律。明确了椰心叶甲趋性并开发出椰心叶甲多功能高位监测防治仪；首次建立了田间种群数量估测模型及为害程度调查等级标准，制定了经济防治指标；揭示了椰心叶甲种群分化及遗传多样性，明确其适生区。

2. 引进与研发了椰心叶甲生物防控技术，大规模应用引进寄生蜂成功控制椰心叶甲，是我国生物防治史上又一成功典范。在系统研究两种引进寄生蜂生物生态学的基础上，突破了室内规模化饲养的难题，成功开发了一套先进、简便、易于推广的寄生蜂规模化繁育技术；首创了两种寄生蜂田间大面积混合释放技术，构建了寄生蜂控制效果的跟踪评价体系。筛选出高毒力的绿僵菌菌株、最适培养条件与配方；开发出粉剂、水剂、茶包剂等 3 种剂型；形成了稀疏林地挂包法、成片低矮林地水剂喷雾法、高大成片林地机械喷粉等技术。

3. 创新研发了专用杀虫剂和精准靶向用药技术。该技术具有内吸性好、持效期长、靶向性强、防治效果好、操作方便及对环境污染小等优点，是国家林业局推荐防治椰心叶甲应急预案的首选措施。

4. 集成创建了以生物防治为主的椰心叶甲持续控制技术体系。以天敌寄生蜂防治椰心叶甲为核心，整合化学防控与绿僵菌施用新技术，形成了疫点以化学防控为主的应急处理技术，疫区根据不同生境特点的以生物防治为主的持续防控技术体系。

本项成果的推广应用，培训了一批植物保护技术员和专业种植户，提高了苗木种植户的害虫持续控制意识和技术，普及了公众对入侵生物危害和“绿色植保”理念的认识。增加了其收入，减少了化学农药的使用，保护了南方沿海地区绿色屏障及生态环境，获得显著的经济、生态和社会效益。同时，该成果作为技术援助输出到马尔代夫进行椰心叶甲防治，在椰心叶甲发生危害的国家和地区具有显著的影响力。

棉花粉蚧雌雄成虫的交配能力*

王 超 陆永跃**

华南农业大学昆虫学系, 广东广州 510642

两性生殖过程中成虫交配次数和交配持续时间对种群生存和增长起着重要作用。关于棉花粉蚧成虫交配行为的研究一直认为是单次交配的。揭示这种新的入侵害虫的两性选择和交配行为及能力是研究该虫入侵、定殖和发展的基础。通过室内观察棉花粉蚧成虫交配行为和交配能力发现雌、雄虫均可进行多次交配。雄虫最多交配 9 次, 平均 6.9 次, 交配 8 次比例最大, 为 26.7%; 雌虫最多交配 4 次, 平均 2.3 次, 2 次、3 次比例分别为 40.0%、33.3%。雌、雄虫单次平均交配持续时间差异不显著, 雌虫为 208.4 s, 100~200 s 比例最大, 为 39.2%; 雄虫为 220.7 s, 100~200 s 比例最大, 为 45.4%。同一雌虫不同交配次数的交配时间长度均在 202~240 s 之间, 无显著变化; 雄虫第 1 次交配时间略长, 为 263 s, 第 2~7 次交配时间均在 200 s 左右, 第 8、9 次明显长于前 7 次。

关键词: 棉花粉蚧, 成虫, 交配次数, 交配时间长度

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31171855)。

**通讯作者, E-mail: luyongyue@scau.edu.cn

基于 COI 基因分析入侵我国的红火蚁遗传多样性*

黄奕雯 陆永跃 何晓芳** 曾 玲**

华南农业大学红火蚁研究中心, 广东广州 510642

红火蚁 *Solenopsis invicta* 原产于南美洲, 是一种入侵性极强的有害生物, 也是我国重要的检疫性害虫之一。由于其社会结构复杂, 扩散途径多, 具有明显的种群竞争优势且繁殖力高, 近年来呈现出迅速扩散的趋势。目前, 红火蚁已扩散至我国六个省份和地区, 不仅对当地的农业、畜牧业及社会诸多领域造成了严重的危害, 甚至威胁到人们的生命安全。当前国内对于红火蚁防治已经取得了一些成效, 但其复杂的社会结构导致其种群遗传结构的多样性, 要防止红火蚁在中国新的入侵和继续传播, 就必须对该种群的遗传结构做更深入的研究, 探明其可能的入侵来源和扩散途径。本文应用细胞色素氧化酶亚单 I (COI) 基因从线粒体 DNA 的角度来研究中国红火蚁种群的遗传结构, 揭示了红火蚁种群间存在的遗传变异, 为有效控制这一害虫提供了理论依据。

通过分析来自国内外 23 个地区红火蚁样品的 COI 基因序列, 并以黑火蚁 *Solenopsis richteri*、杂交蚁 *S. invicta* X *S. richteri* 和热带火蚁 *Solenopsis geminata* 作为外群一起比较, 来检测中国红火蚁种群的遗传结构。对 COI 基因 5'端、3'端序列分别构建聚类分析图谱后发现: COI 基因 5'端长 575 bp 的序列片段中存在四种单倍型, 其中在国内红火蚁种群中检测到三种单倍型 A、B、C, 而来自美国阿拉巴马州奥本的种群为单倍型 D。四种单倍型序列明显地分为两支, 单倍型 A、C 聚成一支, 单倍型 B 与来自美国奥本的单倍型 D 和黑火蚁聚成一支, 说明这部分序列也蕴含有丰富的遗传信息。在珠海、深圳两地检测到的两种 5'端序列单倍型可能是红火蚁两次入侵的结果。而 COI 基因 3'端长 834bp 的序列片段则存在三种单倍型 I、II、III, 与前人的研究结果一致, 均分别与来自阿根廷的三种单倍型序列相同, 因此推测国内多数红火蚁种群与阿根廷种群可能是同源的。此外, 本实验还在广东番禺种群中新检测到了单倍型 I, 在广东中山和美国德克萨斯州种群中新检测到了单倍型 II, 并首次在中国大陆广东梅州种群中检测到了之前仅在香港和台湾地区发现的单倍型 III。通过比较 5'端和 3'端两部分序列的单倍型结果, 可以发现 5'端序列可能具有更丰富的单倍型信息用于红火蚁种群遗传结构的分析。

关键词: 红火蚁, 遗传多样性, 细胞色素氧化酶亚单 I, 单倍型

*基金项目: 国家重点基础研究发展计划项目 (2009CB119206)。

**通讯作者, E-mai: l zengling@scau.edu.cn, hexf@scau.edu.cn

绿僵菌与 8 种红火蚁防控常用农药兼容性研究*

王 磊 许益鏊 曾 玲** 陆永跃**

华南农业大学红火蚁研究中心, 广东广州 510642

研究了茚虫威、多杀菌素、苯氧威、氟虫腈、硼酸、烯虫酯、阿维菌素、高效氯氰菊酯等防控红火蚁的常用农药在田间推荐剂量及亚致死剂量下对黄绿绿僵菌 SM076 和金龟子绿僵菌 M09 萌发, 生长及产孢的影响。结果表明, 0.1 mg/mL 茚虫威、0.1mg/mL 多杀菌素和 1.0 mg/mL 烯虫酯浓度下, 黄绿绿僵菌 SM076 萌发, 生长及产孢等没有影响。0.5 mg/mL 茚虫威、0.1 mg/mL 阿维菌素、0.01 mg/mL 苯氧威、0.5 mg/mL 烯虫酯和 0.05 mg/mL 氟虫腈对金龟子绿僵菌 M09 的萌发、菌丝生长和产孢量均无影响。因此在田间应用这两种虫生真菌时, 可以考虑与上述农药结合使用。

关键词: 红火蚁, 农药, 虫生真菌, 亚致死剂量, 孢子萌发

*基金项目: 华南农业大学合生珠江基金优秀博士生培植计划。

**通讯作者, E-mail: zengling@scau.edu.cn, luyongyue@scau.edu.cn

风力对棉花上棉花粉蚧短距离扩散的促进作用*

韩 玮 陆永跃**

华南农业大学昆虫学系, 广东广州 510642

作为一种新入侵害虫, 棉花粉蚧 *Phenacoccus solenopsis* Tinsley 从发现发生以来已经扩散侵入了我国大陆 11 个省(区) 116 个县(市、区)。该虫短距离扩散主要以若虫从染虫植株转移到健康植株, 低龄若虫可随风、雨、鸟类、覆盖物、机械等传播, 也可随灌溉水的流动而扩散。蚂蚁常会搬运若虫, 协助扩散。明确风力和降雨对该虫的扩散促进作用对掌握该虫扩散能力、采取合理管理措施等均具有重要意义。本研究采用室内模拟的方法研究了不同风力条件下棉花粉蚧各个虫期掉落比率和扩散距离。

1、不同风速下 25 cm 棉花植株上棉花粉蚧掉落距离和掉落率: 在棉花株高 25 cm 条件下, 当风速为 2~8 m/s 时, 1 龄若虫、2 龄若虫、3 龄若虫、雌成虫掉落率最高为分别 5.9%、7.1%、12.1%、13.4%, 建立了 1 龄若虫、2 龄若虫、3 龄若虫、雌成虫掉落率 (K) 与风速 (V) 之间的线性关系方程 $K=0.0098V-0.0057$ 、 $K=0.0124V-0.0133$ 、 $K=0.0218V-0.0194$ 、 $K=0.0231V-0.0204$ 。掉落最远距离分别为 183.5cm、179.8cm、156.4cm、139.5cm, 建立了 1 龄若虫、2 龄若虫、3 龄若虫、雌成虫掉落距离 (D) 与风速 (V) 之间的线性关系方程 $D=93.95\ln(V)+1.8515$ 、 $D=91.197\ln(V)+0.5188$ 、 $D=82.432\ln(V)-4.2335$ 、 $D=82.276\ln(V)-13.359$ 。风力明显增加了棉花粉蚧的掉落比率和扩散距离。

2、在棉花植株不同层次上棉花粉蚧掉落率: 各个层次的掉落率基本相似, 在较高风速下才逐渐出现差异性, 上层掉落率要高于下层掉落率。在棉花植株四个层次上, 当风速为 2~8m/s 时, 1 龄若虫若虫在上层、中上层、中层、下层的最高掉落率分别为 14.7%、14.7%、13.3%、12.0%; 2 龄若虫在上层、中上层、中层、下层的最高掉落率分别为 12.7%、12.0%、12.7%、12.7%; 3 龄若虫在上层、中上层、中层、下层的最高掉落率分别为 16.7%、15.3%、13.3%、13.3%; 雌成虫在上层、中上层、中层、下层的最高掉落率分别为 18.0%、18.7%、19.3%、16.7%。各层次分别建立了 1 龄若虫、2 龄若虫、3 龄若虫、雌成虫掉落率 (K) 与风速 (V) 之间的线性关系方程: 上层: $K=0.0255V-0.039$ 、 $K=0.0229V-0.02$ 、 $K=0.0279V-0.0171$ 、 $K=0.03V-0.0295$; 中上层: $K=0.0255V-0.0381$ 、 $K=0.0214V-0.0162$ 、 $K=0.025V-0.0171$ 、 $K=0.0312V-0.0295$; 中层: $K=0.0243V-0.0371$ 、 $K=0.0217V-0.0171$ 、 $K=0.0255V-0.0276$ 、 $K=0.0295V-0.0295$; 下层: $K=0.0221V-0.0267$ 、 $K=0.0212V-0.02$ 、 $K=0.024V-0.021$ 、 $K=0.0276V-0.0248$ 。

关键词: 棉花粉蚧, 风力, 短距离扩散

*基金项目: 国家自然科学基金项目(31171855)。

**通讯作者, E-mail: luyongyue@scau.edu.cn

低温条件下广聚萤叶甲成虫的耐饥力研究*

齐国君* 吕利华***

广东省农业科学院植物保护研究所/广东省植物保护新技术重点实验室, 广东广州 510640

广聚萤叶甲 *Ophraella communa* Lesage 是恶性入侵杂草豚草 *Ambrosia artemisiifolia* 的一种重要专一性天敌。自 2001 年在我国江苏南京地区首次发现以来, 现已广泛分布于江苏、湖北、湖南、江西、安徽、浙江、广东、广西等省(区)大部分豚草入侵区域, 对当地豚草控制效果十分显著, 被视为一种具有广阔应用前景的豚草生防天敌。广聚萤叶甲在广东野外可以越冬生存, 其越冬种群是翌年初春田间的主要虫源, 越冬存活率也直接影响其对豚草的防治效果, 但冬季气温较低或豚草枯死, 大量广聚萤叶甲因低温或缺少食物而死亡, 导致其种群数量急剧下降, 这大大降低了其越冬的虫源基数, 因此, 研究低温条件下广聚萤叶甲的耐饥饿能力对豚草生物防治的理论和实践意义重大。

本研究在室内观察了广聚萤叶甲成虫在 10℃ 低温条件下的存活率和死亡率, 研究了水分、密度、环境条件对广聚萤叶甲耐饥饿能力的影响。结果表明: (1) 在 10℃ 低温条件下, 广聚萤叶甲最多可存活 29 d, 耐饥饿能力较强; (2) 有水条件下, 广聚萤叶甲成虫平均寿命为 15.23 ± 1.01 d, 无水条件下其平均寿命为 13.33 ± 0.88 d, 差异不显著; (3) 随着密度的增加, 广聚萤叶甲的耐饥饿能力增强, 一雌一雄、二雌二雄和五雌五雄的平均耐饥力大小依次为 11.96 ± 0.57 d、 13.78 ± 0.60 d、 14.81 ± 0.42 d; (4) 加入泥土和豚草枯枝后, 广聚萤叶甲的耐饥力能力也有提高, 平均寿命为 15.97 ± 1.05 d; (5) 广聚萤叶甲雌性成虫的平均寿命为 15.33 ± 0.84 d, 比雄性的平均寿命 12.083 ± 0.44 d 显著强。由此可以初步推测, 为渡过低温限制和缺少食物的冬季, 广聚萤叶甲成虫会减少活动、减少进食, 从而降低新陈代谢水平, 并以集群方式躲藏于落叶枯草或浅表土层中越冬。因此, 广聚萤叶甲在冬季低温条件下的生存能力较强, 可以保证部分广聚萤叶甲的自然种群安全越冬存活。

关键词: 广聚萤叶甲, 低温条件, 耐饥力, 水分, 密度

*基金项目: “十二五”国家科技支撑计划(2015BAD08B02); 科技部科技伙伴计划(KY201402015); 广州市科技计划项目(2013J4500032)。

**第一作者: 齐国君, 男, 硕士, 助理研究员, 主要从事昆虫生态学研究, 020-87578227, E-mail: super_qi@163.com

***通讯作者

亚洲柑桔木虱遗传多样性和入侵历史研究： 基于线粒体基因和内共生菌

王妍晶¹ Yongping Duan² 徐长宝¹ 田明义¹ 邓晓玲¹ 岑伊静^{1*} 何余容^{1*}

1. 华南农业大学昆虫生态研究室, 广东广州 510642; 2. 美国农业部园艺研究所, 美国佛罗里达皮尔斯堡

种群多样性和入侵历史对于检疫、控制和根除一种入侵害虫来说是非常重要的。目前种群研究主要是利用分子手段, 基于线粒体基因来实现的, 例如线粒体细胞色素氧化酶亚基 I 基因 (COI)。然而, 当种群间的 COI 基因变异程度非常低的情况下, 进行数据分析和信息挖掘是非常困难的, 而单一的基因数据得出的结果未必可靠。因此在本研究中, 我们利用三种内共生菌和多序列位点联合分析法 (MLST) 来揭示柑桔黄龙病的媒介昆虫亚洲柑桔木虱 *Diaphorina citri* 的种群遗传多样性和入侵历史。对采自亚洲主要柑桔产区的 77 个柑桔木虱种群和佛罗里达、夏威夷各 1 个种群的 mtCOI 基因进行测序分析, 鉴定出 34 种 COI 单倍型, 并推断得到其种群结构。结果表明种群遗传多样性非常低, 特别是在东亚和南亚地区, 其中 H2 是这些地区频率最高的单倍型。对 45 个种群的 95 个个体的三种共生菌 *Carsonella ruddii*、*Profftiella armature* 和 *Wolbachia* 进行多序列位点联合分析, 结合柑桔木虱单倍型和共生菌表明曾在中国东南部和美国夏威夷发生过柑桔木虱的多重入侵。*Carsonella ruddii* 的分布格局揭示了明显的地理结构和入侵路径。此外, 鉴定发现柑桔木虱体内 *Wolbachia* 的多重感染, 很可能是通过水平传播得到的。

关键词: 亚洲柑桔木虱, 线粒体 COI, 内共生菌, *Carsonella ruddii*, *Profftiella armature*, *Wolbachia*

*通讯作者

气候变化背景下外来植物入侵—昆虫的重要作用

卢新民 何敏燕 韦 慧 邵 旭 丁建清

中国科学院武汉植物园, 湖北武汉 430074

气候变化直接影响外来植物入侵进程, 也可通过影响昆虫-植物间互作关系, 间接影响外来植物入侵。然而, 气候变化将如何影响入侵植物、本地植物、昆虫间相互关系, 进而改变外来植物入侵进程, 目前尚缺乏实验研究。据此, 以我国入侵植物空心莲子草 (*Alternanthera philoxeroides*)、本地同属植物莲子草 (*A. sessilis*)、引入天敌昆虫莲草直胸跳甲 (*Agasicles hygrophila*) 为系统, 整合大尺度野外调查和田间增温实验, 探讨了气候变暖对三者间互作关系的影响。沿纬度梯度野外调查发现: (1) 在我国北纬 36.6 度以南地区, 两种植物普遍共发生, 而在高纬度地区目前尚无天敌昆虫发生, 植物和昆虫目前在我国的分布于 31.4 度以南地区重叠。共发生区域内, 生防天敌对入侵和本地植物均造成危害。(2) 伴随纬度升高 (即温度降低), 生防天敌对本地植物造成的危害逐渐降低, 且本地植物生活史由多年生变为一年生。于武汉开展的田间增温实验发现: (1) 仅在增温下, 生防天敌在陆生生境中能够越冬并建立持续种群, 并显著降低入侵植物适合度; (2) 增温显著提高生防天敌昆虫发生量、改变本地植物生活史, 加剧了生防天敌昆虫对本地非靶标植物的危害 (尤其在春季)。且增温下, 生防天敌危害显著降低了本地植物单独种植时春季幼苗发生量; (3) 当两种植物混种时, 增温和生防天敌昆虫改变了植物群落组成, 显著提高了本地植物相对于入侵植物竞争力。上述结果表明, 气候变暖可改变植物生活史、提高天敌昆虫生物防治效率及其对本地非靶标植物的危害, 直接或间接改变本地和入侵植物竞争关系, 从而影响外来植物入侵进程。该研究结果表明, 明确动植物互作关系对气候变化的响应对于气候变化背景下预测和治理外来入侵植物具重要理论和实践价值。

关键词: 动植物互作关系, 气候变化, 植物入侵, 生物防治, 非靶标效应

Si-CSP1 基因在红火蚁搬尸行为中的功能研究

程代凤 曾 玲 陆永跃 梁广文

华南农业大学农学院，农业部重点实验室&红火蚁研究中心，广东广州 510642

近年来，在红火蚁中鉴定出了许多化学感受蛋白基因，然而对这些基因具体功能的研究却很少。为了揭示化学感受蛋白基因 Si-CSP1 的功能，本研究对红火蚁工蚁中 Si-CSP1 基因的表达进行了 RNA 干扰，通过比较干扰后基因表达谱差异发现脂类结合、激酶活性和酶调节活性通路受到了显著影响。通过触角电位记录实验发现 Si-CSP1 基因能够结合引起红火蚁搬尸行为的亚油酸。同时对 Si-CSP1 基因受到 RNA 干扰的工蚁进行行为实验时发现亚油酸不能激起工蚁的搬尸行为。这些结果表明在红火蚁工蚁触角中大量表达的 Si-CSP1 基因能够特异结合亚油酸从而激发工蚁的搬尸行为。

关键词：化学感受蛋白，功能，亚油酸，搬尸行为

果实蝇对地中海实蝇的抵御性探讨

刘 慧^{1, 3} 张 灿³ 侯柏华¹ 梁 帆² 马 骏^{2*}

1. 广东省昆虫研究所, 广东省野生动物保护与利用公共实验室, 广东省农业害虫综合治理重点实验室, 广东广州 510260;
2. 广东出入境检验检疫局检验检疫技术中心, 广东广州 510623;
3. 华南农业大学农学院, 广东广州 510642

地中海实蝇 *Ceratitis capitata* (Wiedemann) 属双翅目 Diptera 实蝇科 Tephritidae 蜡实蝇属 *Ceratitis*, 是一种被称为“水果头号杀手”的世界性检疫性害虫。我国具有地中海实蝇侵入的机会和适宜其生存的环境, 然而未见其发生, 原因何在? 国内外学者越来越认识到实蝇种、属间的竞争作用对实蝇的入侵扩散产生重要的影响。东南亚地区的实蝇以果实蝇属 *Bactrocera* 为主, 我国乃至东南亚未见地中海实蝇的发生是否与当地的果实蝇对其的抵御作用有关? 因此, 本文以桔小实蝇 *B. dorsalis* (Hendel) 与番石榴实蝇 *B. correcta* (Bezzi) 为果实蝇属的代表, 明确其与地中海实蝇的种间竞争等级, 探讨果实蝇在抵御地中海实蝇入侵中所发挥的作用。

本文主要从成虫的生殖干扰和产卵竞争两个方面开展研究。首先观察了 3 种实蝇的交配节律, 桔小实蝇和番石榴实蝇的交配节律高度重叠, 其交配行为集中发生于黄昏时段; 而地中海实蝇的交配行为主要发生在上午, 与前两者在节律上不吻合。地中海实蝇分别与桔小实蝇和番石榴实蝇混合, 均未出现成功的交配干扰现象, 也未影响各自的交配节律。产卵竞争方面, 在一定的混合虫口密度下两种实蝇均可明显抑制同一个寄主中的地中海实蝇的发育, 严重时导致寄主中无地中海实蝇羽化出虫, 而桔小实蝇的抑制作用更为突出。此外, 对被产过卵的寄主, 相隔 1 d 对后续同种或异种实蝇的登录频次和产卵次数没有影响; 但是, 地中海实蝇不能在已有这两种实蝇 1 日龄卵的寄主中羽化出虫, 而反过来这两种实蝇则可以出虫。当寄主被产卵相隔 2 d 后, 后续实蝇虽然登录但较少产卵; 而相隔 3 d 后, 所有成虫几乎拒绝在该寄主上停留。桔小实蝇和番石榴实蝇在产卵竞争中的优势均明显大于地中海实蝇, 尤其桔小实蝇。由此可推测, 果实蝇对抵御地中海实蝇的入侵能够起到重要的作用。

关键词: 地中海实蝇, 果实蝇, 入侵, 种间竞争

*通讯作者, E-mail: majmail@163.com

有害化学物质长期选择压力下虫生真菌的权衡策略

王磊^{1*} 曾玲^{1**} 陈健²

1. 华南农业大学红火蚁研究中心, 广东广州 510642; 2. National Biological Control Laboratory, Agriculture Research Service, United States Department of Agriculture, Stoneville, MS 38776

微生物如何适应环境中的有害化学物质是一个有趣的问题。红火蚁 *Solenopsis invicta* 是一种重要的入侵害虫, 其分泌的生物碱等物质对许多微生物生长都有抑制作用, 包括虫生真菌。本文研究发现, 在红火蚁分泌物长期压力下, 白僵菌 *Beauveria bassiana* 的生物学特性发生了显著变化。在长期压力下, 白僵菌孢子的形态变大, 且对高温 (45°C) 更加敏感。同时其萌发速度变慢, 且对红火蚁的毒力下降。而将这些孢子转移至正常培养基上培养三代后, 白僵菌孢子的各项生理特征又开始恢复到原始状态。

关键词: 白僵菌, 红火蚁, 化学压力, 适应性

*第一作者, E-mail: wanglei1107@outlook.com

**通讯作者, E-mail: zengling@scau.edu.cn

药剂防治红火蚁对草坪节肢动物群落的影响

于 鑫 梁广文 曾鑫年 曾 玲*

华南农业大学红火蚁研究中心, 广东广州 510642

化学防治是目前控制红火蚁为害的有效措施。化学药剂在对红火蚁起到良好防效时, 也会对发生区的其他节肢动物群落造成一定的影响。本文研究了红火蚁常用防治药剂施用后对其发生区草坪生境中节肢动物群落的影响。

调查结果表明, 施用推荐剂量的 0.015%多杀菌素饵剂 35 g/巢、0.045%茚虫威饵剂 5 g/巢、0.096%氟虫腈粉剂 30 g/巢和 4.5%高效氯氰菊酯乳油 2000 倍液后, 对草坪上节肢动物群落产生了不同的影响。在使用农药处理后, 各处理区节肢动物的 Shannon-Wiener 多样性指数得到不同程度的提高, 在处理后 45 d, 采用多杀菌素饵剂、茚虫威饵剂、氟虫腈粉剂和高效氯氰菊酯乳油处理区的 Shannon-Wiener 多样性指数分别为 2.1、2.0、1.8 和 2.1, 显著高于对照区的 1.5。说明红火蚁种群在被药剂压制后, 各药剂处理区中的生物多样性得到不同程度的恢复。通过主成份分析表明, 施用 30 g/巢 0.096%氟虫腈粉剂和 2000 倍液的高效氯氰菊酯乳油灌巢对节肢动物群落恢复产生一定的负面影响, 即造成节肢动物群落中的非靶标生物的死亡。35 g/巢的 0.015%多杀菌素饵剂和 5 g/巢的 0.045%茚虫威饵剂对节肢动物群落相对安全, 节肢动物群落相比对照区在防治后表现为物种相对丰富和群落结构稳定。

聚类分析结果表明, 在防治前红火蚁发生区的节肢动物群落的结构均表现为单一, 丰富度低的特点。在施用药剂防治红火蚁后, 节肢动物群落也受到不同程度的影响, 但是不同药剂表现出不同的特点, 施用饵剂对节肢动物群落的恢复作用显著; 而施用 2000 倍液的高效氯氰菊酯乳油对节肢动物群落产生了一定的负面影响; 在 0.096%氟虫腈粉剂处理区, 施药后迅速降低红火蚁种群的数量, 但对其他节肢动物也造成了不同程度的负面影响, 随着药剂残留量的不断降低, 节肢动物群落开始恢复; 施用 35 g/巢的 0.015%多杀菌素饵剂和 5 g/巢的 0.045%茚虫威饵剂处理区的分析结果表明, 药剂对红火蚁种群的控制作用显著, 并且对群落中的其他物种相对安全, 施用后对节肢动物群落影响较小。

关键词: 红火蚁, 化学防治, 节肢动物群落, 聚类分析

*通讯作者, E-mail: zengling@scau.edu.cn

化学药剂防治红火蚁后在草坪上的残留动态

于 鑫 曾鑫年 曾 玲*

华南农业大学红火蚁研究中心, 广东广州 510642

应用气相色谱建立了红火蚁常用药剂残留的测定方法,并测定了施用不同类型药剂防治草坪上的红火蚁种群后,药剂在土壤和草样中的残留动态。结果表明,采用 4.5%高效氯氰菊酯乳油 2000 倍液灌巢,在土壤中的原始沉积量分别是 1.903 mg/kg,草坪草上的沉积量为 7.806 mg/kg。在土壤中的半衰期为 6.31 d,在草样中的半衰期为 4.86 d。采用 0.096%氟虫腈粉剂 30 g/巢处理蚁巢,在土壤中的原始沉积量分别是 0.073 mg/kg,草坪草上的沉积量为 0.135 mg/kg;在土壤中的半衰期为 5.57 d,在草样中的半衰期为 2.96 d。采用 0.015%多杀菌素 35g/巢处理后,未检测出土壤中有多杀菌素的残留。残留测定结果表明高效氯氰菊酯乳油和 0.096%氟虫腈粉剂在施用后,一段时间内会在草坪上有残留,从而导致对草坪上的非靶标节肢动物造成伤害,而施用 0.015%多杀菌素饵剂则不会对节肢动物群落产生较大的影响。

关键词: 红火蚁, 化学防治, 农药残留

*通讯作者, E-mail: zengling@scau.edu.cn

西花蓟马室内饲养及试验方法研究

班兰凤 宋玉泉

沈阳化工研究院有限公司，新农药创制与开发国家重点实验室，辽宁沈阳 110021

西花蓟马 *Frankliniella occidentalis* Pergande (苜蓿蓟马) 属缨翅目蓟马科花蓟马属。1996年，我国农业部将西花蓟马列为进境植物检疫潜在的危险性害虫。2003年，我国首次发现西花蓟马在北京市郊辣椒上危害。目前，国内北京、云南、浙江、山东、贵州、黑龙江等多地均有其危害发生。西花蓟马寄主范围广，其发育速度快，繁殖能力极强，个体细小，极具隐匿性，对保护地蔬菜、花卉危害极为严重，田间防治难度大，目前生产中亟需一些能有效防治西花蓟马的产品。室内的大量继代饲养及试验方法建立是新产品开发研究的基础，为此本研究通过对饲养寄主、环境条件的研究，明确了室内饲养方法，并对室内试验方法进行了初步探索。

本研究分别对刀豆角（一点红），刀豆角（油豆王），四季豆角（普通品种）三种寄主品种进行比较，发现以刀豆角（一点红）为寄主时，西花蓟马的单雌产卵孵化数（13.02头）、存活率（94.27%）及羽化率（71.43%）最高，表明刀豆角（一点红）是室内饲养西花蓟马的合适寄主；采用正交试验法，在温度 20℃、25℃和 30℃及相对湿度为 30%、50%、70%条件下对饲养环境条件进行研究，结果表明，温度为 25℃、相对湿度为 50%条件下西花蓟马发育历期较短、存活率较高，因此明确了适宜饲养环境条件为温度 25℃、相对湿度 50%。此外，采用药膜法和叶片喷雾法，测定了吡虫啉和甲维盐对西花蓟马若虫的生物活性，在 10 mg/L 剂量下，药膜法和叶片喷雾法测得吡虫啉死亡率分别为 23.7%和 5.3%，甲维盐死亡率分别为 95.8%和 33.3%。药膜法试虫对药剂接触时间长且稳定，药剂活性较高，但仍需进一步的探索。

关键词：西花蓟马，室内饲养，试验方法

美洲斑潜蝇性信息素结合相关蛋白的鉴定及其表达谱分析

张林雅 王海鸿 邢振龙 吴圣勇 雷仲仁*

中国农业科学院植物保护研究所植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100193

【目的】鉴定美洲斑潜蝇性信息素结合相关蛋白基因并检测其在不同发育阶段及不同日龄的成虫中的表达情况。**【方法】**从美洲斑潜蝇转录组数据中筛选出性信息素结合相关蛋白基因序列, 利用 RT-PCR 和 RACE 技术扩增得到这些基因的 cDNA 全长序列; 利用 qPCR 技术检测这些基因在不同发育阶段以及不同日龄中的表达情况。**【结果】**获得了 5 个性信息素结合相关蛋白基因, 分别命名为 *LsatPBPRP2-6*, 其开放阅读框大小分别为 423、447、435、441、459 bp; 推导的氨基酸序列的分子量大小为 15.4~17.4 kd, 且具有典型的 6 个保守的半胱氨酸残基。推导的氨基酸序列与黑腹果蝇、桔小实蝇、地中海实蝇已经报道的性信息素结合相关蛋白相似性较高。荧光定量实验结果表明, 在幼虫和蛹期 *PBPRPs* 表达量极低, 而在羽化后三天时雌雄虫中 5 个 *PBPRPs* 的表达量均有显著差异, 且雄虫中表达量最高并显著高于其他日龄成虫。**【结论】**得到的美洲斑潜蝇 5 个性信息结合相关蛋白可能在雌雄虫交配过程中参与性信息素的识别。

关键词: 美洲斑潜蝇, 性信息素结合相关蛋白, 克隆, 表达谱分析

*通讯作者

三叶斑潜蝇入侵十年来在我国的扩散*

邢振龙** 张林雅 吴圣勇 王海鸿 雷仲仁***

中国农业科学院植物保护研究所植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100193

【目的】三叶斑潜蝇于 2005 年首先发现于广东, 随后逐渐在华南及沿海地区蔓延扩散: 海南 (2006)、福建 (2006)、广西 (2008)、浙江 (2008)、江苏 (2008)、上海 (2008), 而在我国的内陆地区却一直没有关于其发生的报道。**【方法】**我们于 2009~2015 年斑潜蝇的发生盛期, 在我国华北、华中、华东、东北、西北、西南等地的 19 省 70 多个市 (县), 用随机采样的方法 (尽可能采集多寄主、多样本) 对斑潜蝇的种群组成及比例进行了普查。**【结果】**发现三叶斑潜蝇是从东南沿海地区逐步向北、向西扩散, 目前已扩散至华北地区 (最北为山东德州和河北邯郸), 但种群比例较低且仅限于局部; 而在华中和华东部分地区, 三叶斑潜蝇已取代美洲斑潜蝇成为优势种群 (在安徽和湖北调查的几个地区, 很少发现美洲斑潜蝇, 绝大部分都是三叶斑潜蝇)。**【结论】**三叶斑潜蝇目前除渤海湾外已遍布我国沿海地区, 而且正在逐步向北、向西入侵, 并与美洲斑潜蝇产生了竞争互作, 但入侵扩散的速度却明显慢于先前入侵的美洲斑潜蝇和南美斑潜蝇, 其中具体的原因有待深究。

关键词: 三叶斑潜蝇, 入侵调查, 扩散速率, 竞争互作

*基金项目: 国家自然科学基金 (31471769)。

**第一作者; E-mail: longtaitou100@126.com

***通讯作者, E-mail: leizhr@sina.com

进境检疫性害虫无花果蜡蚧在上海的风险评估*

韩阳阳** 王 焱***

上海市林业总站, 上海 200072

【目的】无花果蜡蚧 *Ceroplastes rusci* (Linnaeus), 原产非洲, 目前已扩展至热带、亚热带和暖温带等广泛地区, 已被列入《中华人民共和国进境植物检疫有害生物名录》, 2012 年, 在广东、四川两省首次发现。为进一步了解掌握该虫在上海地区的入侵风险程度。**【方法】**本文利用 Maxent 生态位模型, 对无花果蜡蚧在上海的适生范围进行预测研究, 并结合符合上海实际应用的外来入侵有害生物的多指标综合评价体系, 从传入、定殖、扩散、受害寄主经济重要性以及危险性管理难度等 5 个方面对该虫在上海地区的风险性进行定性、定量分析。**【结果】**结果表明, 无花果蜡蚧在上海的入侵风险指标值 R 为 2.45。**【结论】**无花果蜡蚧适生区范围包括上海全境, 在上海的风险等级属于高度风险, 建议在上海口岸进境检疫中对该虫实施严格的检疫。

关键词: 无花果蜡蚧, 适生区, 多指标综合评价体系, 风险分析, 上海

*基金项目: 上海市绿化管理局 2011 年科研项目——上海辰山植物园引进植物风险评估、检疫控制策略及技术研究 (11-11464)。

**第一作者, E-mail: 2541505794@qq.com

***通讯作者, E-mail: tinashw@163.com

不同烟粉虱隐种传播中国番木瓜曲叶病毒的能力比较*

郭涛 郭琦 崔西云 王晓伟 刘树生**

农业部农业昆虫学重点实验室 浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058

中国番木瓜曲叶病毒(*Papaya leaf curl China virus*, PaLCuCNV)属于双生病毒科(*Geminiviridae*)菜豆金色花叶病毒属(*Begomovirus*),该属病毒只能通过烟粉虱传播而扩散,是危害农作物最为严重的一类病毒。很多研究表明,烟粉虱是一个物种复合体,不同烟粉虱隐种传播同一种双生病毒的效率会存在差异。为了明确不同烟粉虱隐种传播 PaLCuCNV 的能力,我们比较了两个入侵隐种 Middle East-Asia Minor 1 (MEAM1)、Mediterranean (MED)和两个土著隐种 Asia 1、Asia II 7 获取、存留和传播该病毒的特性。结果表明,四个烟粉虱隐种都可以获取、存留和传播 PaLCuCNV,但是传播效率不同。三种虫口密度下,MEAM1 传播 PaLCuCNV 效率要显著高于另外三个隐种,而本地隐种 Asia II 7 传毒效率要高于 MED 和 Asia 1。进一步研究发现,长期生存在感病番茄上的 MEAM1 种群的传毒效率也显著高于同样长期生存在感病番茄上的 MED 种群。而且,PaLCuCNV 病毒量在四个烟粉虱隐种体内的积累也与烟粉虱传播 PaLCuCNV 的效率呈正相关。总之,这些结果表明,MEAM1 是四个烟粉虱隐种中传播 PaLCuCNV 效率最高的隐种,说明烟粉虱隐种以 MEAM1 为主的地区发生 PaLCuCNV 病毒病的风险要高于其它地区。

关键词: 烟粉虱, 隐种, 中国番木瓜曲叶病毒, 传毒效率, 番茄

*基金项目: 国家大宗蔬菜产业技术体系 (CARS-25-B-08)。

**通讯作者, E-mail: shshliu@zju.edu.cn

中国境内 10 个烟粉虱隐种共生菌的多样性及体内分布*

张 振 单红伟 王华玲 钱 圆 刘银泉** 刘树生**

农业部农业昆虫学重点实验室 浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058

烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius)属半翅目(Hemiptera)、粉虱科(Aleyrodoidea), 是一个包含至少 36 个隐种的物种复合体。烟粉虱体内均有共生菌, 共生菌与烟粉虱在长期的进化中形成互惠及其他各种复杂的共生关系, 并可对烟粉虱的生长、生殖、抵御不良环境以及传播植物病毒等特性有重要影响。烟粉虱中已发现报道一种原生共生菌 *Portiera aleyrodidarum* 和七种次生共生菌 *Hamiltonella defensa*, *Rickettsia* spp., *Arsenophonus* spp., *Cardinium hertigii*, *Wolbachia* spp, *Fritschea bemisiae*, *Hemipterophilus asiaticus*。这些报道显示, 不同的烟粉虱隐种中次生共生菌的种类不同。本研究选取中国境内的 10 个烟粉虱隐种, 包括 Mediterranean (MED)、Middle East – Asia Minor 1 (MEAM1)、Asia I、Asia II 1、Asia II 3、Asia II 6、Asia II 7、Asia II 9、China1 和 China 2。通过普通 PCR 和荧光原位杂交探究不同隐种共生菌的多样性以及各共生菌在烟粉虱体内的分布。结果表明, 所有烟粉虱隐种都含有原生菌 *Portiera*,且都分布于含菌体内; 次生菌 *Hamiltonella* 只在 MEAM1 与 MED 两个入侵烟粉虱隐种中被发现, 也分布于含菌体内; *Rickettsia* 在 Asia II 1、Asia II 9 和 MED 中不存在, 在其他隐种中都存在, 且在 MEAM1 中 100%个体体内都有并为全身分布, 而一些本地种体内的 *Rickettsia* 只分布在含菌体中; *Wolbachia* 在本地种中都存在, 并且分布在含菌体中; *Cardinium* 存在于 MED、Asia II 9 和 China 2 中; *Arsenophonus* 存在于 Asia I、Asia II 1、Asia II 3、Asia II 6、Asia II 7 和 Asia II 9 中。烟粉虱不同隐种间的共生细菌种类与分布都有所不同, 尤其入侵隐种与本地隐种烟粉虱的差别非常明显, 值得深入探讨共生菌在烟粉虱入侵过程中所起的作用。

关键词: 烟粉虱, 共生菌, 多样性, 荧光原位杂交, 生物入侵

*基金项目: 国家自然科学基金 (31272104)。

**通讯作者, 刘银泉, E-mail: yqliu@zju.edu.cn; 刘树生, E-mail: shshliu@zju.edu.cn

烟粉虱唾液腺在传播双生病毒中的作用*

卫 静 赵娟娟 何亚洲 刘树生** 王晓伟**

农业部农业昆虫学重点实验室 浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058

双生病毒科 (*Geminiviridae*) 是植物病毒中的第 2 大科, 可在番茄、棉花和木薯等多种经济作物上引起严重危害。双生病毒主要的传播介体是烟粉虱 *Bemisia tabaci*, 其中两种入侵性极强的隐种 Middle East-Asia Minor 1 (MEAM1, 原称为“B 型烟粉虱”) 和 Mediterranean (MED, 原称为“Q 型烟粉虱”) 烟粉虱在中国发生尤其严重, 而通常烟粉虱种群的暴发往往伴随着双生病毒病的流行。通过免疫荧光技术在 MEAM1 烟粉虱唾液腺中定位 TYLCV 外壳蛋白发现, 病毒主要分布在唾液腺中间区域的几个细胞, 其他区域仅见少量病毒信号。通过传毒实验发现, MEAM1 可以传播 TYLCV 和 TYLCCNV, 而 MED 仅可以传播 TYLCV。比较 MEAM1 和 MED 烟粉虱对 TYLCCNV 的获取和存留能力发现, MED 获取和存留 TYLCCNV 的能力甚至强于 MEAM1, 说明二者获取和存留病毒能力的差异并不是导致 MED 不能传播 TYLCCNV 的原因。通过检测 MED 体内是否存在 TYLCCNV 循环的屏障, 发现病毒能以较低的效率进入 MED 的唾液腺但是不能随唾液分泌出来。通过将 TYLCV 与 TYLCCNV 的外壳蛋白氨基酸序列中差异较大的部分进行了互换, 发现重组外壳蛋白后的 TYLCCNV 变得可以被 MED 传播, 而重组外壳蛋白后的 TYLCV 则变得几乎不能被 MED 传播。观察 TYLCV 和 TYLCCNV 在 MED 烟粉虱唾液腺内的动态变化发现, TYLCV 在烟粉虱获毒的初始 3~12 h 内, 分布于整个唾液腺, 获毒 12~24 h 之间, 病毒逐渐集聚在唾液腺的中间区域。获毒 36~72 h 后, TYLCV 仅分布于唾液腺中间沿唾管分布的细胞, 病毒在唾液腺其它部位分布极少。而 TYLCCNV 在 MED 烟粉虱获毒的初始 4~12 h 内, 仅有少量病毒信号分布于唾液腺的边缘, 获毒 24~72 h 之后, 病毒逐渐消失。这两种病毒在 MEAM1 烟粉虱唾液腺内的运动动态与 TYLCV 在 MED 唾液腺中的类似, 证明了烟粉虱的唾液腺和双生病毒的外壳蛋白共同决定了病毒传播的特异性。这些研究结果加深了对烟粉虱传播双生病毒机制的认识, 为进一步揭示烟粉虱传双生病毒的分子机制、研发阻碍烟粉虱传毒的新方法提供了理论基础。

关键词: 烟粉虱, 番茄黄曲叶病毒, 中国番茄黄曲叶病毒, 烟粉虱-双生病毒互作, 外壳蛋白, 唾液腺

*基金项目: 国家自然科学基金重大项目课题 (31390421)。

**通讯作者, 王晓伟, E-mail: xiaowei_wang@zju.edu.cn; 刘树生, E-mail: shshliu@zju.edu.cn

利用 EPG 技术研究烟粉虱唾液蛋白调控

植物防御反应的机理*

徐红星 洪 越 邵若玄 刘树生** 王晓伟**

农业部农业昆虫学重点实验室 浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058

烟粉虱 MED 隐种（原来称为“Q 型烟粉虱”）是世界范围的入侵害虫，已入侵到包括中国在内的许多国家和地区，并逐渐取代许多土著烟粉虱，对农业生产造成巨大危害。烟粉虱能够在寄主植物上生存、繁殖，与其唾液蛋白有着密切关系，同时这些由唾液腺分泌的唾液蛋白也能够刺激植物产生相应的防御物质。本研究结合表达谱和唾液腺转录组信息，在 MED 烟粉虱中筛选出 68 个疑似唾液蛋白基因，通过 RNAi 和植物瞬时表达的方法发现一个疑似唾液蛋白基因具有促进烟粉虱存活和产卵的功能。该基因是一个在烟粉虱唾液腺中特异性高表达的功能未知基因。通过 Western blot 的方法，在被烟粉虱取食过的植物中检测到该蛋白，从而证明该蛋白是一个烟粉虱的唾液分泌蛋白。为明确该唾液蛋白在调控植物防御反应中发挥的作用，利用刺探电位图谱（EPG）技术对干扰掉该基因后的烟粉虱和健康烟粉虱在棉花上的取食行为进行了观察比较。阶段性试验结果表明，干扰掉该基因后的烟粉虱和健康烟粉虱成功进入棉花韧皮部取食的概率分别为 15.8%（6/38）和 37.0%（10/27），并且干扰掉该基因后 E2 波历时明显缩短，pd 波次数和历时显著下降。这种差异反映出该唾液蛋白可能参与应对棉花韧皮部防御物质，在烟粉虱取食过程中发挥着重要作用。

关键词：MED 烟粉虱，表达谱，唾液腺，唾液蛋白，瞬时表达，基因沉默，防御反应

*基金项目：国家自然科学基金重大项目课题（31390421）。

**通讯作者，王晓伟，E-mail: xiaowei_wang@zju.edu.cn; 刘树生，E-mail: shshliu@zju.edu.cn

烟粉虱传播双生病毒的特性及分子机制*

卫 静 王晓伟 刘树生**

浙江大学昆虫科学研究所, 农业部农业昆虫学重点实验室, 浙江杭州 310058

烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius) 是一个物种复合体, 包括至少 36 个遗传结构差别明显但形态上无法区分的隐种。双生病毒科 (*Geminiviridae*) 病毒是世界范围内广泛发生的一类植物单链环状 DNA (single stranded DNA, ssDNA) 病毒, 该科有 7 个属 200 多个独立种, 病毒粒子为孪生颗粒形态, 可以侵染被子植物中的多种重要经济作物, 导致严重损失。烟粉虱是双生病毒在自然界的唯一传播媒介, 以持久性、可循环的方式传播。烟粉虱传毒历经获毒、持毒和传毒 3 个阶段, 烟粉虱体内的病毒受体、病毒蛋白以及寄主植物因子都参与了这个过程。本文综述了影响烟粉虱特异性传播双生病毒的因素以及二者的直接和间接互作。烟粉虱传播双生病毒的特异性不仅与烟粉虱隐种和病毒种类有关, 还与烟粉虱体内特定的器官或细胞、烟粉虱和病毒的蛋白以及烟粉虱体内的共生细菌有关。在烟粉虱和双生病毒的长期共进化中, 病毒可以通过调控烟粉虱和寄主植物的特性而促进其自身的传播。

关键词: 烟粉虱, 双生病毒, 特异性传播, 内共生细菌, 寄主植物

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31390421); 农业产业技术体系 (CARS-25-B-08)。

**通讯作者, E-mail: shshliu@zju.edu.cn

烟粉虱基因表达分析网站

王羽君* 夏文强 王晓伟** 刘树生**

浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058

烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius) 属半翅目 Hemiptera, 粉虱科 Aleyrodidae。广泛分布于全球除南极洲外各大洲的 90 多个国家和地区, 是棉花、烟草、蔬菜和园林花卉等作物的主要害虫之一。其危害方式包括成虫和若虫直接吸取植物汁液, 分泌蜜露引起真菌感染, 造成植物生理异常以及传播植物病毒, 给农业生产造成巨大的经济损失。烟粉虱是一个隐种复合体, 至少包含 36 个形态上难以区分但遗传组成差异明显的隐种。有两个隐种 Middle East - Asia Minor 1 (MEAM1, 原称 B 型) 和 Mediterranean (MED, 原称 Q 型) 入侵性很强, 全球广泛分布。RNA-seq 是一种高效且经济的测定基因表达全貌的技术。针对烟粉虱, 已经有数篇基于不同实验目的和实验样本的 RNA-seq 相关文献报道, 包括转录组和表达谱分析等。综合利用这些分散的基因表达数据以及新测得的数据, 将能更深入地研究基因功能。目前为止, 烟粉虱没有公开发表的全基因组信息。本网站以一个新测得 MED 隐种烟粉虱成虫转录组为参考序列, 将已发表的 MED 烟粉虱 RNA-seq 数据进行整合, 并在基因层面和实验样本层面提供一系列的生物信息学工具。在基因层面, 通过 blast 序列比对或者功能注释查询, 得到基因的序列、功能注释以及已发表文献中该基因的表达量信息。在实验样本层面, 通过 Galaxy Server 对用户提交的 RNA-seq 数据自动进行注释和定量, 并分析出不同样本间的差异表达基因。对于差异表达基因或者其他基因列表, 能进行 GO、KEGG 富集分析。这是整合烟粉虱基因表达数据的第一步尝试, 未来将针对更多的烟粉虱隐种和烟粉虱基因表达数据进行整合, 如 RNA-seq 数据和基因芯片数据等, 为研究烟粉虱基因功能提供基础。网站访问地址: www.whiteflyresearch.org/Atlas

关键词: 基因表达数据库, RNA-seq, 表达谱, 转录组, 富集分析

*第一作者, E-mail: wangyujun@zju.edu.cn

**通讯作者, 王晓伟, E-mail: xwwang@zju.edu.cn; 刘树生, E-mail: shshliu@zju.edu.cn

云南松切梢小蠹伴生菌主要种类初步研究*

潘悦^{1,2**} 叶辉^{1,2**} 吕军¹ 王晓渭^{2,4} 陈鹏^{3***}

1.云南大学生物入侵与生态安全实验室, 云南昆明 650091; 2.云南大学农学院, 云南昆明 650091; 3.云南省林业科学院, 云南昆明 650000; 4.西南林业大学, 云南昆明 650224

云南松是我国西南地区特别是云南的主要造林树种, 具有重要经济生态价值。切梢小蠹是该地区位居首位的松树钻蛀性害虫, 年平均危害面积达百万亩以上。切梢小蠹伴生真菌随切梢小蠹进入寄主组织, 被认为在切梢小蠹危害过程中起到重要促进作用。【目的】确定云南松切梢小蠹伴生菌主要种类, 为探讨该区域切梢小蠹灾害机制提供病害依据。【方法】采样区域涉及云南全省六个地州及贵州盘县, 调查小蠹虫有横坑切梢小蠹、松芽小蠹和云南切梢小蠹, 调查样品包括各小蠹虫虫体及蛀食坑道周边的云南松韧皮组织, 伴生真菌鉴定采用形态学观察和 ITS、 β -tubulin、EF 1- α 基因片段的 DNA 序列扩增。【结果】初步发现疑似伴生菌有 3 种, 已经确认的有 *Ophiostoma canum*。该菌分布广、发生率高, 样本分离率达 91%。经测试, *O. canum* 在 2%MEA 培养基上生长速度最快, 其次在 PDA 培养基上, 察氏培养基上生长最慢。其中在 MEA 培养基上生长的最适温度为 20℃, 8d 后菌落直径达到 41mm, 10℃ 和 5℃ 条件下缓慢生长, 30℃ 以上不生长。【结论】我国西南地区是切梢小蠹伴生菌的主要聚集区, *O. canum* 是云南松切梢小蠹伴生菌的主要菌种之一。

关键词: 云南松, 切梢小蠹, 主要伴生菌

*基金项目: 云南省应用基础重点项目 (2013FA055); 国家自然科学基金 (31360183)。

**第一作者, E-mail: panyue96@163.com

***通讯作者, E-mail: chenpeng2@hotmail.com

花都芙蓉嶂松褐天牛诱捕效果初报*

钱明惠 黄泽翰 方海鹏 黄咏槐 魏纳生 黄焕华

广东省林业科学院, 广东广州 510520

松褐天牛（又叫松墨天牛）*Monochamus alternatus* 是松树癌症松材线虫病 *Bursaphelenchus xylophilus* 的媒介昆虫。本项目组从 2011 年开始在广州市花都区芙蓉镇芙蓉嶂水库开展松褐天牛诱捕实验，示范区内的马尾松自 2006 年开始发生松材线虫病，每年都进行病死树清理为主的除治工作。2012 年每诱捕器诱杀松褐天牛成虫 16.43 头；2013 年每诱捕器诱杀松褐天牛成虫 9.94 头，每月每诱捕器诱杀虫量如图 1。经过 2012-2013 两年的诱捕除治，示范区林间由 2011 年本底调查的松褐天牛成虫虫口密度 5.23%，2012 年下降到 3.48%，2013 年下降到 1.43%。通过使用松褐天牛引诱技术，直接大幅度减少病死树率，间接降低清理枯死树的大量劳务费，减少松材线虫病扩散的机会，在一定程度上挽回松树病死造成的经济损失。

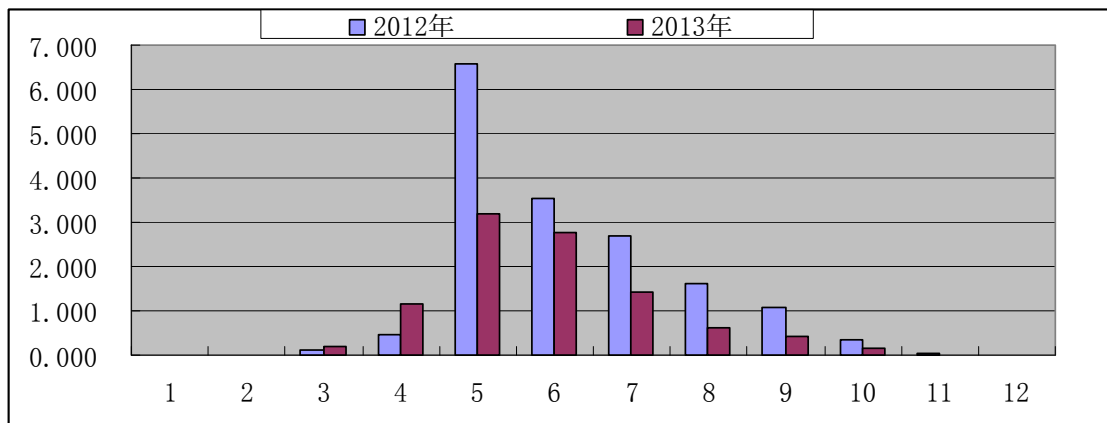


图1 每诱捕器松褐天牛成虫诱虫量

关键词：松褐天牛， 诱捕， 花都芙蓉嶂

*基金项目：国家林业局 948 项目“墨天牛性信息素合成与应用技术引进”(2011-4-61)；广东省科技计划项目项目“松褐天牛性引诱剂的剂型研究和示范”（2014A020208034）。

黄脊竹蝗对不同挥发性物质的行为反应*

张 威 舒金平** 吴 鸿 王浩杰

中国林科院亚热带林业研究所, 浙江富阳 311400

【目的】“趋泥”(mud-puddling)行为是指昆虫趋向并吸食湿泥沙、浅水、汗液、海水、动物眼泪、唾液、粪便和尸体腐烂液的现象,是蝶、蛾类鳞翅目昆虫一种较为普遍的补充营养行为。黄脊竹蝗(*Ceracris kiangsu* Tsai)在夏季嗜食人尿,是首例报道的具有“趋泥行为”咀嚼式口器昆虫。迄今为止,已有百余种昆虫的趋泥行为得到了报道,但昆虫在趋泥过程中如何定位到“泥”源尚未有定论。通过测定黄脊竹蝗对源于人尿的不同挥发性物质的行为反应,以期回答黄脊竹蝗如何定位“泥源”等科学问题。**【方法】**本文通过自行设计的林间行为记录系统,测定了黄脊竹蝗对不同挥发性物质的访问时间以及访问次数,对比分析黄脊竹蝗在不同发育期时期的行为变化。**【结果】**发酵人尿、碳酸氢铵均能吸引黄脊竹蝗访问,黄脊竹蝗对人尿诱饵的行为反应显著高于其它诱饵。交配前期对发酵人尿的访问时间是(60±13.80 s),交配后期的访问时间为(310±21.50 s),无论在交配前后,竹蝗对人尿诱饵的访问时间均显著大于其它诱饵($P<0.05$),呈现人尿>碳酸氢铵干物质>碳酸氢铵溶液>对照(去离子水)这一规律。在访问次数上,竹蝗在交配前期最高访问量达到(424±88.13)头,与其余诱饵存在显著性差异($P<0.05$)。去离子水作为对照的诱饵上访问数量最低,显著低于实验组($P<0.05$),碳酸氢铵溶液及纯物质在访问量上没有显著性差异;交配后,访问量普遍减少,最高仅为(63±5.57)头,但对照仍与实验组存在显著性差异($P<0.05$)。**【结论】**本研究测定了黄脊竹蝗在仅有气味而不能取食诱饵上的行为反应,明确了竹蝗是靠嗅觉进行泥源搜索。在交配后期,竹蝗访问数量明显下降,可能是因为雌虫完成交配后需要寻找合适的产卵场所,从而降低了林内虫口密度。这些研究结果对于进一步揭示黄脊竹蝗泥源的搜索机制及黄脊竹蝗高效人工诱杀剂的研发提供了重要的基础信息。

关键词: 黄脊竹蝗, 趋泥行为, 嗅觉, 挥发性物质, 行为反应

*基金项目: 浙江省自然科学基金 (LY15C16001); 国家自然科学基金 (31100480)。

**通讯作者, E-mail: shu_jinping001@163.com

橡胶树品种对东方真叶螨发育与繁殖的影响

张方平^{1*} 朱俊洪² 李 磊¹ 韩冬银¹ 陈俊谕¹ 牛黎明¹ 符悦冠^{1**}

1. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南海口 571101;

2. 海南大学环境与植物保护学院, 海南海口 570228

【目的】为探明不同橡胶品种对东方真叶螨发育及繁殖的影响,**【方法】**在温度 27 ± 1 °C、相对湿度(70 ± 5) %、光周期 L : D = 12 h : 12 h 的室内条件下, 观察了东方真叶螨在 IAN873、热研 7-33-97、PR107、热研 7-20-59、云研 77-4、GT1、RRIM600 等 7 个橡胶品种上的发育历期、存活率和产卵量, 并组建了其种群生命表。**【结果】**结果表明: 世代发育历期以 GT1 最长, 为 10.69 d, 以云研 77-4 最短, 为 10.29 d; 世代存活主要是由卵期的存活率决定, 除 PR107 的存活率为 89.09%外, 其余均在 93.00%以上; 产卵量以 GT1 最多(45.47 粒), 其次为 PR107 (39.17 粒), 而 RRIM600 最少, 仅为 22.56 粒; 净生殖率 R_0 、内禀增长率 r_m 和周限增长率 λ 均以在 GT1 上的为最高, 分别为 27.0211、0.2245、1.2517, 其次为在 PR107 上的, 分别为 26.4784、0.2222、1.2486, 在 RRIM600 上的最低, 分别为 16.6168、0.2038、和 1.2260。**【结论】**明确了东方真叶螨在 7 个橡胶树品种上发育与繁殖特性的差异, 表明 GT1 是最适宜东方真叶螨的发育与繁殖的品种, 其次为 PR107, 而 RRIM600 是最不适合该螨发育与繁殖的品种。

关键词: 橡胶树品种, 东方真叶螨, 发育, 繁殖

*第一作者, E-mail: fangpingz97@163.com

**通讯作者, E-mail: fygcatas@163.com

茶籽象危害对油茶果产量和茶油品质的影响*

李苗苗** 舒金平*** 张 威 王浩杰

中国林科院亚热带林业研究所, 浙江富阳 311400

【目的】茶籽象是油茶最为重要的种实害虫, 成虫和幼虫危害均可造成大量落果, 更为严重的是幼虫在茶果内取食种仁, 使茶果内堆满粉末状或棍状粪便, 造成种仁发霉变质, 严重影响油茶的产量和茶油品质, 为了明确茶籽象危害对油茶产量及品质的影响, 为实现对茶籽象的有效控制。**【方法】**对健康茶果和受茶籽象危害茶果的籽重、茶籽出油率、茶油的酸值、过氧化值、苯并芘和黄曲霉毒素 B1 等一系列指标进行了测定及对比分析。**【结果】**结果表明: 健康茶籽的平均重量 7.89g/果, 极显著的高于虫果 (6.58g/果); 受害茶果的茶籽出油率显著降低, 仅为健康茶籽出油率的 71.15%; 受害茶果的茶油中酸值平均含量为 17.79mg/g, 过氧化值平均含量 0.66 (g/100g), 两个指标都极显著高于健康茶果的茶油中含量, 也显著高于国家规定的标准; 受害茶果茶油中苯并芘相对健康茶果茶油的含量增加, 但是差异不显著; 无论是被危害过的茶油还是未被危害过的茶油中均未检测出致癌物黄曲霉素 B1。**【结论】**本研究通过健康果和虫害果出油率、酸值等指标的对比分析明确了茶籽象危害对油茶产量及茶油品质有显著影响, 建议生榨山茶油时需要对健康茶果和茶籽象危害茶果进行有效分离。

关键词: 油茶, 茶籽象, 产量, 茶油品质, 指标

*基金项目: 林业公益性行业科研专项 (201304403) 和浙江省科技计划项目 (2010C02005-3)。

**第一作者: 李苗苗, 女, 硕士研究生, 主要从事经济林害虫综合治理技术研究。

***通讯作者, E-mail: shu_jinping001@163.com

柚木野螟生殖行为特征的初步探究*

朱诚棋^{1**} 朱雪姣^{1**} 刘志韬¹ 马涛¹ 王偲¹ 温秀军^{1***} 王胜坤²

1. 华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642;

2. 中国林业科学研究院热带林业研究所, 广东广州 510520

【目的】柚木野螟 *Pyrausta machaeralis* 属鳞翅目 Lepidoptera 草螟科 Crambidae 野螟亚科 Pyraustinae, 是严重危害珍贵树种柚木的一种食叶害虫, 对于柚木野螟生殖行为研究可以指导其防治工作。**【方法】**在光周期 L: D=14: 10 (光期 18:00 开始 8:00 结束), 温度 (26±2) °C, 相对湿度 75%-85%条件下, 对柚木野螟的羽化、交尾行为以及产卵进行观察。**【结果】**羽化期持续 17 d, 雄蛾比雌蛾晚羽化 2-3 d, 从暗化 0.5 h 开始有成虫羽化, 到暗化 3 h, 成虫羽化数量迅速增加, 在暗化 4 h 达到羽化高峰, 然后羽化数量缓慢下降, 暗化结束时基本停止羽化, 光照处理不羽化; 交尾发生在暗期, 高峰期发生在暗化 0.5-3 h 之间, 交尾持续时间通常为 40 min 到 80 min; 雌雄蛾交尾呈“一”字型, 一日龄处女雌蛾不交尾, 二日龄交尾最高, 随着日龄增加, 交尾率降低, 雌雄成虫一生只交尾一次; 未交配的雌蛾和雄蛾平均寿命分别为 6 和 5.88 d, 交配后雌蛾和雄蛾平均寿命 5.63 和 5.5 d, 雌雄平均寿命无显著性差异; 产卵集中在交配后的前三天, 散产于叶背面, 平均产卵辆 32 粒。**【结论】**对于柚木野螟生殖行为学的实验是研究柚木野螟的重要方法。

关键词: 柚木野螟, 羽化行为, 交尾, 产卵

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31270692)。

**第一作者: 朱诚棋, 1992 年生, 男, 浙江人, 华南农业大学林学与风景园林学院硕士研究生, 从事森林害虫信息化学物质研究。

**第一作者: 朱雪姣, 1989 年生, 女, 乌鲁木齐人, 华南农业大学林学与风景园林学院硕士研究生, 从事森林害虫信息化学物质研究。

**通讯作者, E-mail: wenxiujun@scau.edu.cn

广东省始兴县森林害虫种类及发生情况调查

李 晓¹ 张媛媛¹ 靳秀芳¹ 张晴雪¹ 冯 浩¹ 王 军¹ 罗 晶¹

秦文权¹ 温秀军¹ 王爱嘉²

1. 华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642; 2. 始兴县林业局, 广东始兴 512500

我国森林害虫种类多, 分布广, 危害严重, 常导致林木大面积生长不良, 甚至死亡。尤其人工林, 由于林木品种单一, 生物种类少, 缺少天敌, 林分对害虫自控能力弱, 十分容易发生大面积虫害, 受害更重。查清本地森林害虫主要种类及其发生危害情况, 有利于制定科学合理的防控方案, 控制害虫的危害, 保护森林正常发挥其生态功能、社会作用和经济效益。2015年6-7月, 采用线路踏查、标准地调查和灯诱调查三种方法, 调查了广东省韶关市始兴县主要森林害虫种类及其发生危害情况, 共计踏查42个样点, 设置50 m×50 m样地8块, 调查涵盖了人工林、天然次生林、城市绿地等多种类型, 调查地点包括省级和国家级自然保护区、集体林地、商品林基地、经济林基地、苗木繁育场、街心公园、绿道等, 共采集森林害虫共10目37科79种, 制作针插标本200件以上, 浸泡标本300多个。调查发现, 始兴县发生较为严重的主要森林害虫有萧式松颈象 *Hylobitelus xiaoi* Zhang, 黄脊竹蝗 *Ceracris kiangsu* Tsai, 松褐天牛 *Monochamus alternatus* Hope 和樟巢螟 *Orthaga olivacea* Warre。其中黄脊竹蝗处于大发生状态, 在始兴县北部毛竹商品林基地50 km毛竹长廊严重发生, 严重地块每平方米竹蝗数量大于5只。此外外来有害生物红火蚁 *Solenopsis invicta* 已经发现入侵始兴, 查到活动蚁巢2个。

关键词: 广东始兴, 森林害虫, 种类, 发生情况, 黄脊竹蝗

福建省油茶访花昆虫及其主要传粉昆虫

大分舌蜂的传粉行为

何学友¹ 蔡守平¹ 詹祖仁² 郭久江³ 陈伟³

1. 福建省林业科学研究院 国家林业局南方山地用材林培育重点实验室, 福建福州 350012; 2. 尤溪县林业局, 福建尤溪 365100; 3. 福州植物园, 福建福州 350012

油茶泛指山茶科 (Theaceae) 山茶属 (*Camellia* L.) 中油脂含量较高、有栽培经济价值的一类植物的总称, 是我国特有的木本食用油料树种, 在南方各省 (区) 均有分布, 现有栽培面积已达 368 万 hm^2 。福建省是油茶主要产区之一。油茶是异花虫媒授粉植物, 没有传粉昆虫油茶的座果率在 3% 以下。因此调查油茶传粉昆虫资源对于油茶产业发展具有十分重要的意义。本文对福建省油茶林传粉昆虫及其访花行为进行了调查。

经调查, 福建省油茶林中主要访花昆虫有 24 种, 分属于 3 目、11 科、17 属; 其中膜翅目的昆虫种类最多, 有 11 种。大分舌蜂 (*Colletes gigas*) 是福建省油茶最重要的传粉昆虫, 其数量多, 传粉效率高。油茶花期个体数量平均占访花昆虫总数的 70% 左右。

油茶开花季节为深秋至冬季, 福建省该季节的温度变化幅度大, 最低温在 10°C 以下, 最高温可达 25°C 甚至更高。大分舌蜂在 11 月下旬至 12 月下旬出现, 以 12 月中旬最为活跃。温度和光照是影响大分舌蜂活动的主要因素, 一般阴雨低温天气, 大分舌蜂活动不活跃或者不活动, 而晴好、温度较高的天气, 大分舌蜂较活跃。一天中, 上午 10:00 以后昆虫活动开始, 在 13:00~14:30 形成一个明显的活动高峰, 这也是一天中光照最强、林间气温最高的时段; 15:00 以后, 由于光照强度减弱, 林间温度开始降低, 大分舌蜂数量迅速减少。

大分舌蜂单株停留时间大多在 6~37s 之间, 最长停留时间 359 s; 单株一次访花大多在 1~4 朵之间, 最多访花 22 朵; 单花停留时间大多在 3~10 s, 最长停留时间 58 s。雌蜂携粉量在 3~30 mg 之间, 平均 15 mg; 相当于采集 4~5 朵油茶花的全部花粉。做一个营巢产卵的粉包, 需要采集 40 朵以上油茶花的全部花粉。

关键词: 油茶, 传粉昆虫, 大分舌蜂, 福建省

八种危害油茶的新害虫

何学友^{1*} 蔡守平¹ 曾丽琼¹ 吴培衍² 潘爱芳³ 陈 曜⁴

1.福建省林业科学研究院 国家林业局南方山地用材林培育重点实验室, 福建福州 350012; 2.福建省龙海林下国有林场, 福建龙海 363118; 3.福州植物园, 福建福州 350012; 4.中国检验认证集团福建有限公司, 福建福州 350003

近年在对福建省油茶病虫害调查的过程中,采集了部分林间危害油茶的害虫于室内进行饲养观察,记录其生物学特性,以便为今后生产上害虫的防控提供基础资料,为油茶优质丰产提供保障。

通过对获得的标本进行鉴定,查阅有关文献。结果表明,黄缘疣胸沫蝉 *Phymatostetha punctata*、蜀凹大叶蝉 *Bothrogonia shuana*、凹大叶蝉 *Bothrogonia ferruginea*、眼斑宽广蜡蝉 *Pochazia discreta*、山茶光沟实蝇 *Euphranta (Rhacochlaena) camelliae*、一点落祝蛾 *Epimactis monodoxa*、四川斜线网蛾 *Striglina susukei szechwanensis*、肾纹绿尺蛾 *Comibaena procumbaria* 等 8 种昆虫是首次记录危害油茶的新害虫。其中山茶光沟实蝇为中国大陆新记录种,四川斜线网蛾为油茶害虫名录中新记录科,蜀凹大叶蝉、四川斜线网蛾是福建省新记录种。

山茶光沟实蝇:分布于福建(福州)、台湾;韩国,日本。幼虫取食油茶、山茶(*Camellia japonica*)及日本栗(*Castanea crenata*)的果实(种仁)。在福州,该虫与油茶象(*Curculio chinensis*)在油茶果内混合发生,9月下旬开始在受害果中化蛹,11-12月中旬成虫羽化出果。幼虫期可被寄生蜂寄生。近年在福建省闽侯桐口国有林场华南工区的小果油茶(*C. meiocarpa*)果实受害率为2%~7%之间,影响油茶产量和茶油品质。

四川斜线网蛾:国内分布于福建(福州)、四川(峨眉山、青城山)、湖北(神农架)、江西(大余)。幼虫取食油茶叶片。在福州油茶上1年发生4~5代,以幼虫在油茶树冠下枯枝落叶、土缝或树上的虫包中吐丝做薄茧越冬,翌年3月下旬至4月中旬羽化。其余各代成虫羽化期分别在5月中旬至6月上旬、6月下旬至7月中旬、8月上旬至9月上旬以及9月下旬至10月下旬。

关键词: 油茶, 新害虫, 山茶光沟实蝇, 四川斜线网蛾

*作者简介:何学友(1963-),男,博士,教授级高级工程师,从事森林病虫害综合控制技术研究。E-mail: fhexueyou@126.com。

舒城县板栗主要虫害的发生与防治

叶明福*

舒城县林检局, 安徽舒城 231300

概述舒城县板栗虫害发生现状, 分析虫害发生的主要原因, 简述主要虫害的发生规律及危害症状, 归纳综合防治措施。

一、舒城县板栗虫害发生现状: 主要种类有栗绹蚧、栗瘿蜂、板栗剪枝象甲、栗实象等。2010-2015 年全县平均每年板栗发生虫害 6.8 万亩, 2014 年全县板栗发生虫害 8.4 万亩。

二、板栗主要虫害的发生规律及危害症状: 1. 栗剪枝象甲: 一年发生一代, 以老熟幼虫在土中越冬。次年 5 月上旬开始化蛹, 5 月底-6 月上旬开始羽化。成虫白天活动, 夜间静伏, 有假死性, 受惊即落下。雌成虫选一嫩果枝产卵于幼嫩栗苞内, 产卵后把果枝咬断, 坠落地面。幼虫孵化后, 即在栗苞内取食, 果肉吃空, 充满虫粪。 2. 栗瘿蜂: 一年 1 代, 以幼虫在栗芽内越冬; 第 2 年 4-5 月越冬幼虫开始活动取食, 此后在板栗枝条、叶柄和叶脉里化蛹成瘤子, 虫瘤初成绿色, 后变成红色至褐色的干枯瘤。 3. 栗实象: 2 年 1 代, 以老熟幼虫在土中做土室越冬。幼虫在栗实内取食, 内部充满虫粪。被害栗实完全失去发芽能力和食用价值。 4. 栗绹蚧: 以若虫和雌成虫寄生于板栗树枝干上刺吸汁液为害。轻则致新芽萌发推迟, 重则造成枯枝、枯顶, 乃至整株、成片枯死。

三、综合防治措施: 1. 营林措施: 及时剪除虫瘿、病果、僵果等。秋冬季节深翻栗园土壤, 捡拾落果、落苞, 清除枯枝落叶和栎类植物等, 集中深埋或焚烧。落叶后进行树干涂白, 用波美 3~5 度的石硫合剂喷洒 1 次。合理增施有机肥, 及时整形修剪, 保留适当密度。 2. 生物防治: 保护利用天敌。在板栗剪枝象甲成虫期喷洒苏云金杆菌 2 次。根据主要害虫的趋光性、趋向性等设置相应的诱捕装置晚秋在树干绑草以诱集害虫, 冬季解下烧毁。天敌昆虫成虫发生期不喷任何化学农药。 3. 化学防治 (1) 栗剪枝象甲: 成虫羽化盛期, 用磷化铝烟雾剂在栗园连放 3 次熏杀, 或喷施栗虫清+栗虫快杀或其它菊酯类农药 1200—1500 倍液, 或喷施甲胺磷 500~800 倍液, 或喷 25% 亚胺硫磷乳油稀释成 500 倍液或 1000 倍液。(2) 栗绹蚧: 喷洒 10% 高渗吡虫啉可湿性粉剂 1000 倍液。亦用 40% 氧化乐果 1000 倍液, 50% 马拉硫磷 1500 倍液, 连喷 2~3 次。(3) 栗瘿蜂: 成虫发生盛期喷氰戊菊酯乳剂 1500 倍液, 或高效氯氰菊酯+吡虫啉 1000-1500 倍液。成虫羽化产卵期喷洒 20% 乐果 2500-3000 倍液。(4) 栗实象: 新脱粒的栗实用 56% 磷化铝片剂按 21g/m³ 密闭处理 24 小时。

关键词: 板栗虫害, 现状, 原因, 发生规律, 危害症状, 综防措施

*作者简介: 叶明福 (1962-), 男, 高级工程师, 从事林业有害生物检验检疫工作。E-mail: scllyymf@163.com。
联系电话: 13705641921

虫生广布拟盘多毛孢胞外酶对松突圆蚧的作用*

吕成群** 黄宝灵

广西大学林学院, 广西南宁 530005

本研究用虫生广布拟盘多毛孢 GH10 菌株侵染松突圆蚧和蚧虫表皮, 测定不同含孢量的虫生广布拟盘多毛孢培养过程中胞外酶的变化及其与松突圆蚧毒力相关性, 虫生广布拟盘多毛孢侵染蚧虫表皮过程中胞外酶的变化、抑制剂对酶的抑制作用以及三种胞外酶的协同作用等, 探讨虫生广布拟盘多毛孢侵染松突圆蚧的致病机制, 为更好的应用虫生广布拟盘多毛孢防治松突圆蚧提供科学依据。

研究表明: 在培养过程中, 三种胞外酶活性以蛋白酶>几丁质酶>脂肪酶。脂肪酶的活性高峰出现在第 3 d, 蛋白酶活性高峰出现在第 4 d, 几丁质酶活性出现在第 6 d。胞外酶活性与松突圆蚧校正死亡率呈显著或极显著正相关, 校正死亡率 (Y) 与蛋白酶活性 (X_1) 的回归方程为 $Y=0.6502 X_1-6.4597$, 相关系数 $R_1=0.9832$, 校正死亡率 (Y) 与几丁质酶活性 (X_2) 的回归方程为 $Y=147.48 X_2-12.801$, 相关系数 $R_2=0.9345$, 校正死亡率 (Y) 与脂肪酶活性 (X_3) 的回归方程为 $Y=88.161 X_3-5.4682$, 相关系数为 $R_3=0.8971$ 。在 N-乙酰葡萄糖胺 (GlcNAc)、阿洛氨基糖苷 (Allosamidin)、 Zn^{2+} 存在下蛋白酶、几丁质酶、脂肪酶都会分别受到抑制, 其中某一种酶被抑制, 虫生广布拟盘多毛孢毒力都极大下降; 三种酶活性都充分表达时, 它们表现出协同作用效应, 毒力作用更强。这种协同作用效应, 在虫生广布拟盘多毛孢侵染蚧虫死虫表皮过程中酶活性变化和对其底物的降解作用也得到证实, 在抑制剂的存在下, 酶活性受到抑制, 其降解底物的能力也大大下降。只有当蚧虫表皮的脂肪、蛋白质和几丁质都能被降解, 虫生真菌才能发挥最佳的杀虫效果。虫生广布拟盘多毛孢 GH10 菌株的胞外蛋白酶、几丁质酶、脂肪酶活性与它的底物蛋白质、几丁质和脂肪的含量成正比。

关键词: 虫生广布拟盘多毛孢, 松突圆蚧, 蛋白酶, 几丁质酶, 脂肪酶

*基金项目: 国家自然科学基金 (31170617), 广西林业科技项目 (林科字 2013 第 11 号)。

**通讯作者, E-mail: luchengqun8@126.com

松突圆蚧酚氧化酶特性*

吕成群** 黄宝灵

广西大学林学院，广西南宁 530005

本文对松突圆蚧酚氧化酶的特性、虫生广布拟盘多毛孢对松突圆蚧酚氧化酶原激活系统的影响以及松突圆蚧死亡率与酚氧化酶之间的关系进行研究。

松突圆蚧采集于广西玉林市，挑取蚧虫，提取酚氧化酶。在 20~70℃ 下测定温度对酶活力及稳定性的影响。在 pH 3~11 测定酚氧化酶的最适 pH 及 pH 稳定性测定。以 L-DOPA 为底物，测定不同底物浓度下酚氧化酶活性，用双倒数做图法绘图，并求出米氏常数 (K_m)。

虫生广布拟盘多毛孢 GH10 为供试菌株，用 PDA 培养基液体培养基培养，配置 1×10^4 、 1×10^5 、 1×10^6 、 1×10^7 和 1×10^8 个孢子/mL 等浓度处理松突圆蚧，以喷洒清水为对照，连续 10 天，逐日统计校正死亡率和取样测定酚氧化酶。

结果表明，松突圆蚧酚氧化酶的最适温度为 35℃，在 20-40℃ 表现出较高的稳定性，保温 30 min 后残留的酶活力占同一反应温度下酶活力的 84.0% 以上。最适 pH 值为 7.5，在 pH 值 6.0-7.5 表现出较高的稳定性，在室温下静置 30 分钟后，残留的酶活力仍维持其原活力的 90.0% 以上。 $K_m=1.176$ mmol/L，最大反应速率 $V_{max}=0.387$ mmol/min。不同孢子含量菌液侵染松突圆蚧后其酚氧化酶活性变化趋势有较大差异。浓度为 1×10^4 和 1×10^5 孢子/mL 虫生广布拟盘多毛孢侵染后，松突圆蚧酚氧化酶活性都是小幅度的增加。浓度为 1×10^6 、 1×10^7 和 1×10^8 孢子/mL 虫生广布拟盘多毛孢侵染松突圆蚧的酚氧化酶活性变化趋势都是前 3 天在上升，但以 1×10^7 孢子/mL 的上升最多；第 3 天以后下降，也是以 1×10^7 孢子/mL 的下降最快，下降幅度最大。虫生广布拟盘多毛孢侵染松突圆蚧的死亡率与酚氧化酶活性基本呈负相关， 1×10^7 个孢子/mL 处理的蚧虫校正死亡率最高，10 d 时达到 48.72%，表明虫生广布拟盘多毛孢能顺利侵染松突圆蚧并并在一定程度上克服和逃避寄主的免疫识别，对松突圆蚧产生毒力作用。

关键词：松突圆蚧，虫生广布拟盘多毛孢，酚氧化酶原激活系统，酚氧化酶活性，校正死亡率

*基金项目：国家自然科学基金 (31170617)，广西林业科技项目 (林科字 2013 第 11 号)。

**通讯作者，E-mail: luchengqun8@126.com

蝇蛆作为鱼饲料添加剂对鱼类免疫的影响*

毛宇翔 刘键柏 王方海 李广宏**

中山大学生命科学大学院, 广东广州 510275

家蝇幼虫不仅含有丰富的蛋白质、氨基酸,而且其所分泌物的抗菌肽是家蝇免疫防御系统的重要成员之一。此外,家蝇还含有凝集素、溶菌酶和几丁质等多种生物活性物质。研究表明,家蝇可以提高水产动物的相关免疫指标,增强水产动物免疫力。李小波(2013)用家蝇幼虫粉替代鱼粉添加在鲫鱼饲料中养殖鲫鱼,结果发现,用该饲料养殖的鲫鱼,其白细胞呼吸爆发活性、嗜中性粒细胞的吞噬功能、血清和肝胰脏 SOD 酶活性、溶菌酶活性和总抗氧化能力均有不同程度的增强,说明添加蝇蛆粉可在一定程度上增强鱼体的抗氧化能力和非特异性免疫能力。刘黎(2013)在青鱼饲料中添加 4.2~5%蝇蛆粉,也发现其可通过增加青鱼的 SBI、提高青鱼血清中的 LZM、C3、C4 活性、降低血清中的 GOT 和 GPT 活性来增强青鱼的非特异性免疫反应,提高鱼类整体抗病力。另外,研究还发现蝇蛆粉还可显著提高青鱼血清总蛋白、谷胱甘肽过氧化物酶(GSH-Px)水平,提高肝脏超氧化物歧化酶(SOD)、GSH-Px、过氧化氢酶(CAT)、血清碱性磷酸酶(AKP)、SOD 和 CAT 的活性(明建华,2013)。杨帆(2011)报道用蝇蛆粉替代黄鳝饲料中 50%鱼粉饲养黄鳝,发现黄鳝血液吞噬细胞的吞噬活性显著高于对照组,说明饲料中添加蝇蛆粉能有效地提高黄鳝血细胞的吞噬活性,而用蝇蛆粉替代 25%的鱼粉,则血清 T-SOD 酶活性增强,说明投喂蝇蛆粉还能提高黄鳝非特异性免疫应答水平。

关键词: 蝇蛆, 饲料添加剂, 鱼类, 免疫

*基金项目: 2013 年中央农业技术推广与服务补助资金项目; 广东省海洋局科技推广专项(A201301F02); 清远市科技计划项目(2013C008)。

**通讯作者, E-mail: lsslgh@mail.sysu.edu.cn

饲料中糖和蛋白的比例优化可提高家蝇成虫繁殖力*

刘键柏 毛宇翔 董俊良 王方海 李广宏**

中山大学生命科学大学院, 广东广州 510275

蝇蛆作为一种优质蛋白源已越来越被畜禽及水产养殖业所关注。根据家蝇成虫生活习性与产卵特点, 通过调整饲料组成、温度、湿度、光照强度、成虫密度等以提高成虫产卵量, 这对于促进家蝇大规模人工饲养具有重要意义。但目前有关饲料中糖和蛋白的组合对家蝇成虫繁殖力的影响尚缺详细研究。鉴于此, 作者开展了该方面研究。方法与结果如下:

选刚羽化健康雌雄家蝇成虫 42 对, 分为 7 组, 重复 6 次, 分别饲喂以下 7 种不同饲料: ①100%糖; ②80%糖+20%奶粉; ③60%糖+40%奶粉; ④50%糖+50%奶粉; ⑤40%糖+60%奶粉; ⑥20%糖+80%奶粉; ⑦100%奶粉。实验条件: 温度 $26\pm 1^{\circ}\text{C}$; 相对湿度 65-70%, 光照 L: D=12h: 12h。记录各组产卵量、卵孵化率、雌、雄成虫寿命和产卵前期。研究表明, 用不同比例奶粉与糖饲喂家蝇成虫, 其对单雌产卵量、雌虫寿命及卵孵化率影响显著, 对雌虫产卵前期及雄虫寿命无显著影响。在单雌产卵量方面, 用 40%糖+60%奶粉饲喂的雌虫产卵量最高 (1935.8 ± 311.5 粒/雌), 而用 100%糖饲养的最低 (235.2 ± 55.1 粒/雌)。经方差分析, 用 20%糖+80%奶粉、40%糖+60%奶粉、50%糖+50%奶粉和 60%糖+40%奶粉饲喂雌虫, 其单雌产卵量差异不显著, 但却显著高于其它各组。卵孵化率随糖的添加数量增加而下降, 其中用 100%糖饲喂的最低, 孵化率为 $86.8\pm 2.4\%$, 用 50%或以上奶粉饲喂的孵化率较高, 可达 93%以上, 而用 20%-40%奶粉饲养的孵化率约为 92.5%。雌虫寿命以全部用糖饲养的最短, 为 26 d, 其次是用纯奶粉饲养组, 为 40 d, 其它各组雌虫寿命均在 45 d 以上。雄成虫寿命和雌虫产卵前期几乎不受糖添加量的影响, 各组雄虫寿命均达 50 d 以上, 产卵前期为 4.1~4.5 d。经分析, 以用 40%糖+60%奶粉饲喂家蝇成虫, 产卵最多, 如进一步考虑经济效益, 则采用 60%糖+40%奶粉饲养家蝇成虫较为经济、有效。

关键词: 家蝇成虫, 糖, 蛋白质, 繁殖力

*基金项目: 2013 年中央农业技术推广与服务补助资金项目; 广东省海洋局科技推广专项 (A201301F02); 清远市科技计划项目 (2013C008)。

**通讯作者, E-mail: lsslgh@mail.sysu.edu.cn

“武陵山片区三叶虫茶开发研究中心”在湖南农业大学成立

文礼章*

湖南农业大学昆虫研究所，湖南省武陵山片区三叶虫茶开发研究中心，湖南长沙 410128

2015年7月10日下午，湖南农业大学与湖南省天下武陵农业发展有限公司共建“武陵山片区三叶虫茶开发研究中心”成立暨揭牌仪式在湖南农业大学国际会议厅举行。来自全国各地的40多家企业代表和湖南卫视、湖南日报、三湘都市报、华声在线、腾讯大湘网、湖南农大电视台等记者参加了仪式。在仪式上有六位分别作为湖南农业大学、天下武陵公司、湖南省昆虫学会、企业家团队、三叶虫茶开发研究中心和城步县政府的代表发了言。湖南农业大学校长符少辉在致辞中说，湖南农业大学开展虫茶研究自上世纪九十年代初叶开始，经过20多年的研究与探索，在该领域取得了突出成就，已成为国内外最权威、在虫茶科普与科研领域起着重要引领作用的虫茶研究单位。成立“武陵山片区三叶虫茶开发研究中心”，这既是深化产学研融合发展，也是解决武陵山片区虫茶产业发展中一系列紧迫问题的实际需要。湖南省天下武陵农业发展公司董事长陈杨朴说，近年来，我省城步虫茶的经济效益开始凸显，价格增长极快，但是，整个产业还停留在作坊式生产模式，不成规模，导致产品供不应求。天下武陵农业发展公司将对这一产业进行现代化改造，引进现代化技术，通过产学研模式推进产业的发展。同时，在武陵山片区，将采取公司+农户的模式，建立万亩三叶虫茶原材料（三叶海棠）种植基地，为当地农户带来实实在在的增收。本文作者作为研究中心主任解读了创立虫茶研究中心的宗旨、任务、目标和工作思路，并表示，研究中心成立后，将首先开展虫茶的国际标准制定，以满足城步三叶虫茶在产业化并走向国际市场进程中的需要。同时指出，研究中心为非营利性和探索性研究机构，将致力于为虫茶企业解答难题，致力于虫茶科技与虫茶文化的创新，致力于促进我国虫茶整体产业的科学有序发展。

*作者简介：湖南农业大学植物保护学院教授，湖南农业大学昆虫研究所所长，湖南省武陵山片区三叶虫茶开发研究中心主任，湖南省昆虫学会理事长，E-mail: weninsect123@aliyun.com.

铜绿假单胞菌 PAO1 分泌的弹性蛋白酶 B

对家蚕免疫系统的调控

马 力 吕志强

西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100

昆虫依赖天生免疫系统抵御病原菌和寄生虫的侵染, 抗菌肽 (AMP) 的产生和黑化反应是昆虫的两个主要的免疫应答反应。AMP 由 IMD 或 Toll 信号途径产生, 黑化反应依赖于酚氧化酶原 (PPO) 途径的激活。在侵染和致病的过程中, 病原菌产生毒素或毒力因子来阻碍或逃逸昆虫的免疫反应。本研究中, 我们的结果显示铜绿假单胞菌 (PAO1) 分泌产生的弹性蛋白酶 Elastase B 能够调控 PPO 和 AMP 途径。将 PAO1 注射到家蚕幼虫血腔后, *LasB* 基因在 1 小时内表达, 并导致血淋巴内的 Elastase B 的弹性蛋白酶解活力逐渐增加。将纯化的 Elastase B 注射到家蚕幼虫的血淋巴中, PPO 的活化受到了抑制从而导致较低的 PO 活力; 然而注射 Elastase B 诱导产生抗菌肽 Gloverin。我们发现 Elastase B 能够降低血淋巴中两种丝氨酸蛋白酶抑制(serpin) antitrypsin isoform 1 和 chymotrypsin CI-8A 的含量, 暗示这两种 serpins 可能参与调控 AMP 途径。为了证实纯化的 Elastase B 得到的结果, 我们用 PAO1 的突变型菌株 $\Delta LasB$ 和野生型菌株分别感染家蚕, 发现 $\Delta LasB$ 感染家蚕后的血淋巴中 PO 活力明显比野生型感染后的高, 并且 $\Delta LasB$ 诱导产生的 Gloverin 的含量及抗菌活性比野生型感染的低。与野生型 PAO1 相比, $\Delta LasB$ 型 PAO1 在家蚕体内表现出较低的生存能力以及对家蚕幼虫较低的致死率。综上所述, 我们的结果显示: 在 PAO1 侵染家蚕的过程中, 其产生的 Elastase B 作为一种毒力因子能够调控家蚕的免疫系统。

关键词: 家蚕, 免疫, 铜绿假单胞菌, 弹性蛋白酶, 酚氧化酶原, 抗菌肽

比较分析不同产丝量家蚕的丝腺转录组

李娟¹ 张静¹ 于焕君¹ 侯成香^{1,2} 李木旺^{1,2*}

1. 江苏科技大学生物技术学院, 江苏镇江 212018; 2. 中国农业科学院蚕业研究所, 江苏镇江 212018

家蚕是重要的经济昆虫。茧丝作为家蚕主要的效益产品, 是丝绸产业的原料, 也是行业产量和质量效益的决定因素。茧丝产量是家蚕品种中最受重视的性状之一。研究调控茧丝表达相关的基因对于家蚕分子育种和丝腺生物反应器的研发都有重要的意义。

运用转录组测序技术构建家蚕多丝量品种(JS)和少丝量品种(L10)的差异表达谱, 筛选出差异表达基因1401个(在JS中上调基因738个, 下调基因673个), 根据GO聚类分析和功能注释, 发现在JS中上调的差异表达基因的功能主要与大分子复合物、代谢过程和结合功能有关。KEGG代谢通路显示, JS在转录、翻译、核苷酸代谢和复制与修复的代谢水平上远远高于L10, 并应用荧光定量PCR技术对部分基因的表达量进行了验证。对这些差异显著的基因进行组织特异性研究, 发现这些基因在家蚕大多数组织都能表达。而且在各个品种组织之间的表达量也存在着差异, 表明丝蛋白的合成可能依赖于组织之间的协同作用。后期的工作中, 将对这些差异显著的基因进行时空特异性研究分析、克隆基因全长序列、通过转基因、RNAi或基因组编辑等技术验证相关差异基因对家蚕茧丝量的影响。

本研究获得的差异表达基因, 特别是与代谢与结合相关的功能基因, 可能参与丝蛋白的高效合成和分泌。有关结果为从分子水平上阐明家蚕茧丝产量性状差异形成的机制和家蚕品种选育中提高茧丝产量提供借鉴, 对开发有效的家蚕现代育种技术及利用丝腺生物反应器高效生产特种蛋白的技术有重要的参考价值。

关键词: 家蚕, 茧丝量, 丝腺, 转录组测序技术, 差异表达基因

*通讯作者, E-mail: mwli@just.edu.cn

家蚕对 AcMNPV 感染基因的定位分析

于焕君¹ 李木旺^{1,2} 汪生鹏^{1,2} 李娟¹ 张静¹ 侯成香^{1,2*}

1. 江苏科技大学生物技术学院, 江苏镇江 212018; 2. 中国农业科学院蚕业研究所, 江苏镇江 212018

苜蓿银纹夜蛾核型多角体病毒 (*Autographa californica nuclearpolyhedrosisvirus*, AcMNPV)作为杆状病毒的代表种,能够感染 30 多种鳞翅目昆虫,经常被作为生物农药来利用和研究。研究发现,重组 AcMNPV 可以感染部分家蚕品种,且家蚕对 AcNPV 的感染性由隐性单基因(susceptible to AcMNPV, *sav*) 控制。

以家蚕对 AcMNPV 敏感品种 P50 和不感染品种 C108 为亲本组配回交群体(P50×C108)×P50 和 P50×(P50×C108),记作 BC₁F 和 BC₁M。将 F₁ 和 BC₁F、BC₁M 的五龄起蚕注射 GFP 标记的重组 AcMNPV 病毒,用荧光显微镜区分感染个体和不感染个体。结果显示 F₁ 代个体全部为不感染个体。BC₁F 后代注射个体数为 100 个,其中感染个体 52 个,不感染个体 48 个,卡平方值为 0.16。BC₁M 后代注射个体数为 238 个,其中感染个体 126 个,不感染个体 112 个,卡平方值为 0.82。这说明这两个群体性状分离个体数均符合 1:1 的分离比。根据家蚕基因组信息,设计分子标记对 *sav* 基因进行定位分析。用 BC₁F 个体确认了感染基因 *sav* 在第 3 连锁群上,并在该连锁群上找到了 8 对多态标记。用 BC₁M 群体绘制的遗传连锁图总遗传距离为 48.7cM, *sav* 基因位于 37.6cM 处, T0399 和 T03147 标记与 *sav* 基因的距离最近,分别是 5.1 和 0.4cM。

经比对基因组序列,发现在此区间内共有 20 个候选基因,今后将筛选其中在敏感品种和不感染品种中的差异基因,并采用 Genome Editing 技术进行功能验证,分析家蚕感染 AcMNPV 的机制,为 AcMNPV 的应用提供参考。

关键词: 家蚕, AcMNPV, 感染, 基因定位

*通讯作者, E-mail: cxhou587@163.com

铝对家蚕的毒性作用

潮梦凌 刘龙海 宋红生*

上海大学生命科学学院, 上海 200444

铝是生物圈中含量最丰富的金属元素之一, 铝制品被广泛的用于生活当中。大量的研究发现, 动植物过度暴露在铝环境下, 其生长发育都会受到不同程度的影响。神经系统是铝毒性作用的主要靶位点, 铝在神经细胞内发生聚集, 增加了中枢神经系统受到伤害的风险, 使人的记忆力下降、行动不协调, 进而导致阿尔茨海默病 (Alzheimer's Disease, AD)、帕金森综合征 (Parkinson's Disease, PD) 以及肌萎缩侧索硬化症 (Amyotrophic lateral sclerosis, ALS) 等神经退行性疾病的发生。本研究利用模式昆虫家蚕, 探讨了氯化铝对家蚕生长发育以及氧化应激和神经递质的影响。家蚕 5 龄起蚕注射氯化铝 (AlCl_3), 家蚕的体重、幼虫存活率以及化蛹率明显下降, 并存在剂量依赖的关系。注射后前 2 天处理组 (AlCl_3) 与对照组 (蒸馏水) 家蚕体重没有明显的差异, 第 3 天开始, 处理组家蚕体重的增幅明显减少, 而且随着注射 AlCl_3 量的增加体重的增幅越小, 而且处理组的家蚕不仅体躯小而且大小参差不齐, 幼虫期的半致死剂量为 $0.1 \text{ mg AlCl}_3/\text{蚕}$, 表明 AlCl_3 明显地抑制了家蚕的生长发育。同时, 在注射 ($0.1 \text{ mg AlCl}_3/\text{蚕}$) 后第五天, 分别检测了家蚕中枢神经、肠的 SOD 活性和 ACh 的含量。与对照组比较, 处理组 SOD 酶活性中枢神经下降 28%, 肠中下降 20%; 处理组 ACh 含量中枢神经减少 10% 以上, 而肠中却增加了 2 倍多。这些结果显示氯化铝对家蚕具有毒性, 即抑制家蚕的生长发育以及中枢神经和肠中 SOD 酶的活力、减少中枢神经中 ACh 的含量和增加肠中 ACh 的含量, 为进一步利用家蚕探讨铝对生物毒性的机制奠定了基础。

关键词: 铝, 家蚕, 毒性, 生长发育, SOD 酶活力, ACh 含量

*通讯作者, E-mail: hssong@staff.shu.edu.cn

家蚕 dsRNase 在昆虫细胞中的表达可消化细胞中的核苷酸

刘吉升^{1*} Guy Smagghe² Luc Swevers³

1. 广州大学生命科学学院, 广东广州 510006; 2. Department of Crop Protection, Faculty of Bioscience Engineering, Ghent University, Ghent, Belgium; 3 Insect Molecular Genetics and Biotechnology, Institute of Biosciences & Applications, National Centre for Scientific Research “Demokritos”, Athens, Greece

RNA 干扰是一种转录后基因沉默的机制; 然而, 在家蚕等鳞翅目昆虫中, RNA 干扰的通路尚不明确, 其成功率也非常低; 这可能与昆虫体内的 RNA 降解酶的存在有关。我们从家蚕中, 发现了一个双链 RNA 降解酶 dsRNase, mRNA 表达研究表明, 它在家蚕的组织有广泛的表达。通过转染把 dsRNase 转到昆虫细胞中过量表达, 发现它可将细胞培养基额外添加的双链 RNA 和 DNA 消化; 同时, 过量表达的 dsRNase 能部分抑制细胞中的 RNA 干扰的反应。

关键词: 家蚕, dsRNase, 消化, 双链 RNA, DNA, RNA 干扰

*通讯作者, E-mail: jisheng.liu@gzhu.edu.cn

蝴蝶的基因组测序及蝴蝶中 CRISPR/Cas9 技术的应用

李学燕¹ 范丁丁² 刘贵春¹ 张国捷^{2*} 王 文^{1*}

1. 中国科学院昆明动物研究所, 遗传资源与进化国家重点实验室, 云南昆明 650203;

2. 华大基因研究院, 广东深圳 518083

【目的】 蝴蝶因其翅和幼虫的形态等丰富的适应性变异, 自达尔文时期就是研究的材料。然而, 对其高杂合的基因组难以解析及有效可行遗传操作技术体系的匮乏极大的限制了这一研究材料的广泛应用。柑橘凤蝶(*Papilio xuthus*)和金凤蝶(*Papilio Machaon*)是成虫极为相似但幼虫的形态和寄主习性却差别很大的中国常见的两个近缘物种。为了更好的利用蝴蝶这一类群探讨适应性变异形态变异的遗传基础, 我们解析了两种凤蝶的基因组并构建了蝴蝶的 CRISPR/Cas9 基因编辑技术平台。**【方法】** 利用二代测序技术平台 (Illumina 和 454) 对柑橘凤蝶(*Papilio xuthus*)和金凤蝶(*Papilio machaon*)是雄成虫进行基因组测序并用杂合组装的方法进行基因组组装, 利用 Illumina 技术平台对两个物种从卵、1-5 龄幼虫、雌雄蛹和雌雄成虫各 10 个虫态进行转录组测序; 利于近三年快速发展起来的高效的 CRISPR/Cas9 基因编辑技术对柑橘凤蝶的三个形态相关的基因进行基因敲出。**【结果】** 利用杂合组装的方法获得了两种凤蝶 (柑橘凤蝶和金凤蝶) 的高质量的参考基因组。柑橘凤蝶的组装基因组大小为 244 Mb, 组装的 contig 和 scaffold N50 分别达 492 Kb、3.4 Mb; 金凤蝶的组装基因组为 281 Mb, 组装的 contig 和 scaffold N50 分别达 81 Kb 和 1.15 Mb。结合比较基因组学和转录组学分析的结果为蝴蝶的适应和进化提供了重要线索, 结果也揭示了一些基因在蝴蝶的适应性进化和分化中可能起着重要作用。利用 *Abdominal-B*、*ebony* 和 *frizzled* 基因作为案例, 首次在蝴蝶这一非模式物种成功的实现了 CRISPR/Cas9 基因编辑, 突变率高达 92.5%, 并观察到了各基因的形态突变体。**【结论】** 我们的研究结果为今后的蝴蝶研究提供了重要的数据资源和技术平台, 发掘了蝴蝶用作模式材料探索自然界有趣科学问题的潜力。

关键词: 橘凤蝶, 金凤蝶, 基因组, CRISPR/Cas9 基因编辑技术

*通讯作者

丁醚脲与苯丁锡二元复配剂的杀螨活性 及家蚕急性毒性研究*

杨振国** 谢道燕 江秀均 达爱斯 罗雁婕***

云南省农业科学院蚕桑蜜蜂研究所, 云南蒙自 661101

【目的】近年来, 桑始叶螨(*Eotetranychus suginamensis*)、朱砂叶螨(*Tetranychus cinnabarinus*)、二斑叶螨(*T. urticae*)、侧多食跗线螨(*Polyphagotarsonemus latus*)等桑园植食性害螨频频发生, 已成为了危害桑数的重要害虫之一, 严重影响桑叶的生产和品质, 而桑叶的品质优劣直接影响蚕茧的产量和品质。然而桑园用药需兼顾家蚕安全性, 其所用药种类和品种比较保守, 长期依赖传统的单一类药剂防控, 导致桑园害螨的耐药性不断提高, 而主要农药品种防治效果明显下降, 防治越来越困难。本研究旨在筛选对桑园害螨高效, 且对家蚕安全的丁醚脲与苯丁锡二元复配杀螨剂配方。【方法】以共毒因子法和共毒系数法评价了丁醚脲+苯丁锡不同配比混剂对朱砂叶螨雌成螨的联合毒力, 并以食下毒叶法评价了两者最优配比混剂对3龄和4龄起蚕(家蚕品种为青松×皓月)的急性毒性。【结果】药后24 h, 丁醚脲和苯丁锡对朱砂叶螨雌成螨的 LC_{50} 分别为154.67和93.26 mg/L, 两者以1:0.39混合增效最明显, 共毒系数为188.93, LC_{50} 为67.87 mg/L, 相对丁醚脲和苯丁锡的毒力增加2.28倍和1.37倍。该配比混剂对3龄和4龄起蚕处理后24 h的 LC_{50} 分别为118.39和117.42 mg/L, 其联合毒性为中等毒级, 联合作用系数分别为0.94和1.35, 表现为相加作用, 即未增加毒性。【结论】丁醚脲+苯丁锡以1:0.39混合在增强杀螨作用的同时, 未增加对家蚕的毒性, 具有一定的开发应用价值。

关键词: 杀螨剂, 朱砂叶螨, 非靶标昆虫, 家蚕

*基金项目: 国家自然科学基金(31201546); 云南省农业科学院蚕桑蜜蜂研究所青年创新基金(QC2014003)。

**第一作者, E-mail: zhenguoyang@qq.com

***通讯作者, E-mail: yanjieluo@126.co

生物工程方法生产蜘蛛丝的研究进展*

刘婷婷 郭技星 梁梓强 梁士可 王方海**

中山大学生命科学大学院 有害生物控制与资源利用国家重点实验室, 广东广州 510275

蜘蛛丝是一种高分子蛋白纤维, 具有许多重要的优良特性: 如非常细小, 强度大, 柔韧性和弹性都很好, 耐冲击力强, 耐低温, 无论在干燥或潮湿状态下都能保持较好的性能, 对环境友好, 等等。由于有了这些优良特性, 使得蜘蛛丝用途广泛。在军事方面: 可做防弹背心等; 在航空航天方面: 可用于结构材料和宇航服装等; 在建筑方面: 用于制造桥梁、楼房等的结构材料和复合材料; 在医学和保健方面: 可用于制作高性能的人工筋腱、人工韧带等, 也可用于外科手术的特细和超特细生物可降解外科手术缝合线等(潘志娟等, 2004; 赵爱春等2007)。然而蜘蛛的产丝量小, 提取工艺复杂, 且同类相食, 无法高密度养殖以获取大量的蜘蛛丝, 难以满足实际应用的需要(王琳纲和胡平, 2007)。于是人们只能着眼于生物工程方法, 即将蜘蛛丝蛋白基因转入其它生物体来表达丝蛋白, 然后人工纺丝。目前美国、加拿大、德国、俄罗斯和日本等发达国家已投入大量的人力和物力进行该类研究, 吸引了众多的科学家参与此项工作, 可以说有关蜘蛛丝的研究已成为当今世界纤维界的热门课题。经过多年的研究, 已取得很多重要的进展: 如利用奶牛或奶羊等动物来生产这种蜘蛛丝蛋白; 利用微生物如大肠杆菌(Lewis *et al.*, 1996)、毕赤酵母来生产(Fahnestock and Bedzyk, 1997); 利用植物如烟草、番茄和马铃薯来生产(Scheller *et al.*, 2001)。然而这些方法生产出的蜘蛛丝蛋白却很难转变成有用的丝纤维。目前也有通过转座子piggyBac或其它方法将蜘蛛丝基因导入自然吐丝的家蚕中来生产出有用的丝纤维(张袁松等, 2012), 但由于家蚕本身要合成大量的丝蛋白, 占用了体内过多的氨基酸资源, 使得外来基因所用氨基酸资源有限, 合成的蛋白产量明显偏低。随着人工构建的核酸酶技术和同源重组技术的成熟和应用, 现正有多个实验室尝试利用这些技术对家蚕生物反应器进行改造, 以提高蜘蛛丝等外源蛋白的合成产量。

关键词: 蜘蛛丝, 生物工程, 生物反应器, 核酸酶

*基金项目: 广东省科技计划项目(2014A010107009)。

**通讯作者, E-mail: lsswfh@mail.sysu.edu.cn

三种害螨胁迫对富士苹果叶片细胞超微结构的影响

张坤鹏^{1,2} 孙瑞红¹ 杨洪强²

1. 山东省果树研究所, 山东泰安 271000; 2. 山东农业大学园艺科学与工程学院, 山东泰安 271018

【目的】为探讨山楂叶螨 *Tetranychus viennensis*、二斑叶螨 *T. urticae* 和苹果全爪螨 *Panonychus ulmi* 为害对富士苹果叶片细胞超微结构的影响, 【方法】利用透射电镜观察了上述 3 种害螨取食 6 d 时叶片细胞超微结构的变化。【结果】正常叶片细胞呈长方形, 大小相近, 细胞排列整齐, 细胞质中细胞器分布有序, 细胞界限清晰。细胞中叶绿体数量较多, 呈船形, 紧贴细胞壁分布。细胞核呈长椭圆形, 核仁和核膜清晰可见。细胞膜和细胞壁完整, 相邻细胞壁界限明显。叶片受到害螨刺吸危害后, 叶肉细胞内部结构受损, 细胞间隙增大, 叶绿体和细胞核变形, 叶绿体内有淀粉粒出现, 严重影响细胞功能。山楂叶螨为害后的细胞壁上, 出现针状结晶沉淀物。【结论】细胞超微结构的变化会影响细胞功能。

关键词: 富士苹果, 山楂叶螨, 二斑叶螨, 苹果全爪螨, 超微结构

朱砂叶螨甲氰菊酯抗性品系种群繁殖力增强的机制研究*

刘 星** 申光茂 徐浩然 何 林***

西南大学植物保护学院, 重庆 400716

朱砂叶螨 (*Tetranychus cinnabarinus*) 是一种世界性害螨, 在我国广泛为害蔬菜、棉花、烟草等多种具有经济价值的作物。该螨繁殖能力强、世代周期短, 容易对常用杀螨剂产生抗药性。目前朱砂叶螨的田间种群已经对甲氰菊酯产生了较高抗性, 在甲氰菊酯抗性品系的研究中发现, 其繁殖力显著高于敏感品系。为明确其内在机制, 本研究以卵黄原蛋白及其受体为研究对象, 分析相关基因在抗性、敏感品系间的表达差异。卵黄原蛋白(vitellogenin, Vg) 是广泛存在于卵生脊椎和非脊椎动物的肝脏、脂肪体、血淋巴和卵中的大分子复合蛋白质。大多数昆虫的 Vg 由脂肪体细胞合成并分泌到血淋巴中, 被正在发育的卵母细胞通过卵黄原蛋白受体(Vitellogenin receptor, Vgr)调节的内吞作用摄取, 再转化为卵黄蛋白(yolk protein, YP), 为胚胎发育提供氨基酸、脂类、碳水化合物、维生素等营养和功能性物质。本研究统计发现甲氰菊酯抗性品系的日均产卵量和终身产卵量均高于敏感品系, 在此基础上, 从朱砂叶螨转录组数据中分析得到两条卵黄原蛋白基因和一条卵黄原蛋白受体基因, 分别命名为 *Tcvg1*, *Tcvg2* 和 *Tcvgr*。通过 RT-qPCR 技术对这三条基因在甲氰菊酯抗性品系和敏感品系之间的表达量进行分析后发现: 1.这三条基因在朱砂叶螨进入成螨期前表达量极低, 成为成螨时表达量均激增, 在 3 日龄成螨期达到峰值后表达量下降; 2.这三条基因在甲氰菊酯抗性品系体内的表达量显著高于敏感品系。

综上我们推断朱砂叶螨长期与甲氰菊酯的接触使 *Tcvg1*, *Tcvg2* 以及 *Tcvgr* 基因的表达升高, 从而导致甲氰菊酯抗性品系的朱砂叶螨产卵能力大幅提升, 成为朱砂叶螨田间再猖獗现象的一个诱因。

关键词: 朱砂叶螨, 甲氰菊酯, 抗药性, 卵黄原蛋白, 卵黄原蛋白受体

*基金项目: 国家自然科学基金(3127059, 31470115)。

**作者简介: 刘星, 女, 硕士研究生, 主要从事农药毒理学研究; E-mail: liuxing_@outlook.com

***通讯作者, 何林, 男, 博士, 教授, 主要从事农药毒理及使用技术研究; E-mail: helinok@vip.tom.com

朱砂叶螨 *TcGSTM7* 基因介导的甲氰菊酯抗性研究*

申光茂** 李 恒 梁金辉 何 林***

西南大学植物保护学院, 重庆 400716

朱砂叶螨(*Tetranychus cinnabarinus*)是棉花、蔬菜等经济作物上最重要的害螨之一。该螨的防治多年来一直以施用化学农药为主, 导致其抗药性发展十分迅速。抗性监测数据表明, 我国多个地区的朱砂叶螨已对甲氰菊酯等多种杀虫杀螨剂产生了不同程度的抗性。GSTs 作为重要的解毒代谢酶, 主要功能是催化一些内源性或外来有害物质的亲电子基团与还原型谷胱甘肽的巯基结合, 增加其疏水性使其易于排出体外, 从而达到解毒的目的。此前的研究发现, 朱砂叶螨多个 Mu 家族的 GST 基因在甲氰菊酯抗性品系中的表达具有可诱导性, 可能与该螨对甲氰菊酯的抗性有关。在此基础上, 本研究以其中的 *TcGSTM7* 基因为主要对象, 通过 RNAi 和原核表达的方法分析其在朱砂叶螨抵抗甲氰菊酯中的作用。

根据朱砂叶螨 *TcGSTM7* 基因序列体外合成特异的 dsRNA, 利用叶蝶饲喂法使其进入朱砂叶螨体内, 对靶标基因的表达进行沉默。48 小时后检测 *TcGSTM7* 基因的相对表达量发现, 取食 dsRNA 的处理组与空白对照相比, *TcGSTM7* 基因表达量显著下调, 而 GFP 对照组的表达量则与空白对照一致, dsRNA 的沉默效率达到 53%, 在此基础上使用 LC₅₀ 对朱砂叶螨敏感品进行了生物测定, 结果发现抑制 *TcGSTm7* 的表达后, 甲氰菊酯致死率显著上升, 表明 *TcGSTM7* 基因的有效表达与朱砂叶螨抵抗甲氰菊酯的能力有关。进而在蛋白水平利用原核表达技术成功获得了 *TcGSTm7* 的重组蛋白, 酶活检测显示该蛋白具有 GSTs 的催化活性, 比活力为 $673.26 \pm 25.63 \text{ nmol} \cdot \text{min}^{-1} \cdot \text{mg}^{-1}$, 且该活性可被甲氰菊酯抑制, 以上研究结果均表明 *TcGSTm7* 介导了朱砂叶螨对甲氰菊酯的抗药性。

关键词: 朱砂叶螨, 甲氰菊酯抗性, GST, RNAi

*基金项目: 国家自然科学基金(31401748)。

**作者简介: 申光茂,男,讲师,博士,主要从事农药毒理学研究; E-mail: blackaet@163.com

***通讯作者, 何林,男,博士,教授,主要从事农药毒理及使用技术研究; E-mail: helinok@vip.tom.com

朱砂叶螨发育过程中几丁质酶基因的表达特性研究*

徐浩然** 申光茂 肖伟***

西南大学植物保护学院, 重庆 400716

朱砂叶螨 *Tetranychus cinnabarinus* 是一种分布广、危害严重的害螨, 加之其抗性问题的日益严重, 朱砂叶螨的危害越来越严重。几丁质酶是一种可降解昆虫(螨)外骨骼, 具有消化作用的酶, 研究表明几丁质酶在昆虫(螨)蜕皮前的一小段时间内表现活性, 在蜕皮前达到表达高峰。昆虫(螨)通过体内几丁质酶基因的表达进而控制蜕皮的过程。本实验研究了朱砂叶螨发育过程中几丁质酶基因表达量的差异, 通过 RT-qPCR 技术对 8 条几丁质酶基因在朱砂叶螨生长过程的 6 个龄期(卵期、幼螨期、第一若螨期、第二若螨期、初羽化成螨、三日龄成螨)的相对表达量进行了测定, 结果表明除 CHIT7 在各个发育阶段表达量均偏低外, 其它几丁质酶基因在幼螨期、若螨期的表达量普遍高于卵期和成螨期。继而筛选出了具有高丰度、高特异性的 3 条几丁质酶基因(CHIT1, CHIT2, CHIT10)。序列分析表明, CHIT1 cDNA 序列全长 1632 bp, 编码 544 个氨基酸。其在幼螨、和若螨期的表达量达到峰值, 两个时期表达量没有显著性差异, 其峰值大概为卵期表达量的 13.64 倍; CHIT2 cDNA 序列全长 1875 bp, 编码 625 个氨基酸。其在第二若螨阶段的表达量达到峰值, 其峰值大概为卵期表达量的 7.61 倍; CHIT10 cDNA 序列全长 1875 bp, 编码 625 个氨基酸。其在幼螨阶段表达量达到峰值, 其峰值大概为卵期表达量的 36.26 倍。

综上所述, 朱砂叶螨几丁质酶基因在其生长发育过程中, 尤其在蜕皮这一生理过程中起着关键性的作用, 该结果为进一步利用 RNAi 和基因的体外表达技术深入研究此几丁质酶的作用以及开发以此基因作为靶标进行药物干扰的防治方法和奠定了基础。

关键词: 朱砂叶螨, 几丁质酶, 生长发育

*基金项目: 国家级大学生创新创业训练项目(201510635023)。

**作者简介: 徐浩然, 男, 在读本科生, 植物保护专业, E-mail: zgcxhr123@163.com

申光茂, 男, 博士, 讲师, 西南大学植物保护学院农药系, E-mail: blackaet@163.com

***通讯作者, 肖伟, 男, 博士, 副教授, 西南大学植物保护学院农药系, E-mail: xwbusiness@126.com

朱砂叶螨甲氧菊酯抗性相关 miRNA 筛选*

张一超** 徐志峰 彭 邈 申光茂 何 林***

西南大学植物保护学院, 重庆 400716

朱砂叶螨 *Tetranychus cinnabarinus* 是重要的世界性害螨, 可危害蔬菜、棉花、烟草等多种具有经济价值的作物。甲氧菊酯作为一种防治叶螨的重要药剂, 经长期施用, 已经导致朱砂叶螨田间种群对其产生了严重的抗性。miRNAs (microRNAs) 是一种大小为 21 nt 左右, 由真核生物基因组编码的内源性, 具有调控功能的非编码 RNA, 它通过 5'端种子序列 2-8 位核苷酸与靶基因 mRNA 3'UTR 区互补配对识别, 降解靶基因 mRNA 或抑制 mRNA 的翻译, 从而调控基因的表达。朱砂叶螨甲氧菊酯抗性分子机制主要包括解毒酶基因的过量表达以及相关靶标基因的突变, 而对于这些抗性相关基因转录前调控机制的研究还比较少。

根据此前完成的朱砂叶螨对甲氧菊酯敏感、抗性品系 miRNA 的测序结果, 对 55 条 miRNA 在甲氧菊酯抗性、敏感品系中的表达量进行了 qPCR 检测, 其中有 21 条出现在了甲氧菊酯抗性品系中出现了上调现象, 有 13 条在甲氧菊酯抗性品系中出现了下调现象。在此基础上, 我们进一步运用 miRanda 和 RNAhybrid 软件对相关 miRNA 的靶基因进行了分析, 这两种软件同时预测出 56 对 miRNA 和抗性相关靶基因的组合, 包括解毒酶相关基因细胞色素 P450(16 对)、羧酸酯酶(14 对)和谷胱甘肽-硫-转移酶(2 对), 以及 24 对杀螨剂靶标基因与的 miRNA 组合, 其中包括细胞色素 B(10 对)、烟碱乙酰胆碱受体(3 对)、离子型谷氨酸受体(3 对)、 γ -氨基丁酸受体(3 对)、三磷酸腺苷酶(5 对)。运用 qPCR 对这两种软件同时预测到的抗性相关靶基因进行了敏感和甲氧菊酯抗性品系之间表达变化趋势的鉴定, 最终发现 26 组 miRNA 和抗性相关靶基因在敏感和抗性品系中的表达变化趋势相反, 推测这些 miRNA 可能通过调控这些抗性相关基因从而引起它们在两品系之间的表达差异, 研究结果为后面进一步确定调控抗性相关基因的 miRNA 提供了一定的依据。

关键词: 朱砂叶螨, 甲氧菊酯抗性, miRNA, 抗药性相关基因

*基金项目: 国家自然科学基金(3127059, 31470115)。

**作者简介: 张一超, 男, 硕士研究生, 主要从事农药毒理学研究; E-mail: 1296929388@qq.com

**通讯作者, 何林, 男, 博士, 教授, 主要从事农药毒理及使用技术研究; E-mail: helinok@vip.tom.com

朱砂叶螨 γ -氨基丁酸与阿维菌素毒力效应关系研究*

刘炎超** 徐志峰 石力 何林***

西南大学植物保护学院, 重庆 400716

朱砂叶螨 *Tetranychus cinnabarinus* 是棉花、蔬菜等经济作物上的重要害螨, 其防控主要以化学防治为主。大环内酯类杀螨剂阿维菌素具有广谱、高效、低残留和对人畜及环境安全等特点, 杀螨效果突出。之前的研究发现朱砂叶螨阿维菌素抗性品系中 γ -氨基丁酸(GABA) 含量显著高于敏感品系。GABA 是脊椎动物和非脊椎动物中枢神经系统中重要的抑制性神经递质, 生物体内 GABA 含量的调控是 GABA 合成与分解共同平衡的结果。参与 GABA 合成与分解的酶分别是谷氨酸脱羧酶(GAD)与 γ -氨基丁酸转氨酶(GABA-T)。

本研究通过内源和外源的方法增加朱砂叶螨 GABA 含量, 从而研究其对阿维菌素毒力的影响。分别利用 GABA-T 抑制剂氨己烯酸抑制 GABA-T 活性及 RNAi 技术干扰 GABA-T 基因表达的方法内源增加朱砂叶螨 GABA 含量。抑制剂结果表明, 氨己烯酸在离体及活体条件下均可使朱砂叶螨 GABA-T 活性降低。氨己烯酸处理后朱砂叶螨 GABA 含量显著提高, 爬行速度减慢, 而再用阿维菌素处理 4 h 后 GABA 含量降至对照水平。毒力测定结果也显示氨己烯酸预处理后敏感个体对阿维菌素的耐药性提高了 4 倍。RNAi 结果显示, 饲喂 GABA-T dsRNA 后 GABA-T mRNA 表达下调 33%, 朱砂叶螨爬行速度显著减慢, GABA 含量显著提高。用阿维菌素 LC₃₀、LC₅₀ 分别处理取食 dsRNA 的敏感品系螨后, 校正死亡率分别下降 12%和 18%。利用喷施的方法外源增加朱砂叶螨 GABA 含量后其爬行速度降低, 对阿维菌素的耐药性同样下降。

综上所述, 内源与外源的方法均可使朱砂叶螨 GABA 含量升高, 爬行速度也可间接证明, 并且高含量的 GABA 可以降低阿维菌素的毒力。

关键词: 朱砂叶螨, 阿维菌素, GABA, 抗性

*基金项目: 国家自然科学基金(3127059, 31470115)。

**作者简介: 刘炎超, 女, 在读硕士研究生, 研究方向: 农药毒理及科学应用, E-mail: wendyreal@126.com

***通讯作者, 何林, 男, 博士, 教授, 主要从事农药毒理及使用技术研究, E-mail: helinok@vip.tom.com

《中国虫茶百科全书》征稿启事

文礼章

湖南农业大学昆虫研究所、武陵山片区三叶虫茶开发研究中心，湖南长沙 410128

我国少数民族饮用虫茶的传统习俗，实际上是一种在全世界独树一帜的与现代生态文明和健康文明紧密结合在一起的中华特色文明。虫茶，虽然听上去出身卑微，而且到目前为止，仍然为深山闺秀，不为大多数人们所知，但是，随着科学研究的不断深入和虫茶产品在民间的迅速传播，已初步显露出，我国众多的虫茶种类和饮虫茶习俗，不仅蕴藏着博大精深的科学奥妙，而且孕育着巨大的人们向往的健康财富和现代商机，在不久的将来，我国虫茶这一特色产业必将像一朵灿烂的鲜花呈现在世人面前，虫茶产品也将进入到千千万万个家庭。为了弘扬中华民族祖先传承下来的千年虫茶文明，并分享给更多的人，由湖南农业大学和湖南省天下武陵公司共同组建的“武陵山片区三叶虫茶开发研究中心”决定斥资组织编撰大型书著《中国虫茶百科全书》，计划100-120万字，现特向全国各领域虫茶科研工作者、虫茶消费者、虫茶生产者、虫茶企业家、文史学家、文学家、记者、民间百姓各行业、各阶层人士征集有关以昆虫排泄物（如三叶虫茶、化香虫茶、蚕沙、柞蚕虫茶等等）做茶饮料（包括解渴和药用）的自由撰稿、习俗详解、历史记录、民间传闻、民间故事、消费者体验、企业介绍、成果新闻、政策新闻、报刊新闻、已发表的科技论文、专利文献、已获学位的学位论文、文学作品以及不拘一格的任何年代任何刊物介绍虫茶的文字、图片和视频等材料。凡撰稿人（包括自荐本人原作和推荐他人原作），都将获得由“武陵山片区三叶虫茶开发研究中心”颁发的《中国虫茶百科全书》撰稿纪念证书；凡被录用稿件的撰稿人无需缴纳版面费，也无需完成售书任务，但将可免费获得一册《中国虫茶百科全书》正式出版物。本中心将根据撰稿人提供材料的迟早、多少和珍贵程度以及本人意愿，聘选出8-10名专家学者组成编委会，再由编委会共同决定本书最后书名以及编写体例和稿件改写要求。欢迎各界有兴趣人士踊跃参与。

征稿时间：从即日起至2016年12月底。

联系人：湖南农业大学武陵山片区三叶虫茶开发研究中心 文礼章

咨询和投稿电子邮箱：weninsect123@aliyun.com；QQ邮箱：1013729512@qq.com

2015年7月15日启