

中国昆虫学会 2017 年学术年会

论文摘要集



主办单位：中国昆虫学会

协办单位：福建省昆虫学会
农业虫害鼠害综合治理研究国家重点实验室
闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室

福建·厦门

2017年10月

目 录

昆虫区系分类

- 过去二十年昆虫分类领域的机构合作: 基于文献的社会网络分析·····王 旭 等(1)
- 青藏高原半翅目昆虫多样性格局及其环境决定因素·····李俊洁 等(2)
- 昆虫新物种发表的现有模式·····邓 鋈 等(3)
- 中国灶螽亚科系统分类研究·····秦艳艳(4)
- 基于 CO I 基因的我国部分地区蚊种鉴定与白纹伊蚊种群遗传分析·····郭玉燕 等(5)
- 麦蛾总科系统发育研究(鳞翅目: 双孔次亚目)·····王青云 等(6)
- 基于线粒体基因组的金斑喙凤蝶(鳞翅目: 凤蝶科)5 个地理种群间的系统发育研究·····
·····黄超斌 等(7)
- 赛罕乌拉国家级自然保护区蝶类多样性调查·····戈昕宇 等(8)
- 陕西秦岭蝴蝶区系组成与地理分布格局·····房丽君(9)
- 专性寄生胃蝇属关键形态的适应演化·····李心钰 等(10)
- 中国黄色羽摇蚊 *Chironomus (Chironomus) flaviplumus* 卵、幼虫、蛹和成虫的形态描述及分
子鉴定·····陈 珊 等(11)
- 中国光蠓亚科研究·····王珍珍 等(12)
- 隐尾蠓 *Cryptocercus* 的综合分类学研究·····王丽丽 等(13)
- 中国地鳖蠓科的分类研究·····邱 鹭 等(14)
- 基于形态和分子数据对中国乙蠓属的物种界定·····李 梦 等(15)
- 寄生禾本科植物的蚜虫多样性·····李 强 等(16)
- 蚜虫与小蜂总科寄生蜂关系的宏进化格局·····陈 翠 等(17)
- 茶棍蓟马线粒体基因组的测序与分析·····陈世春 等(18)
- 急流水螭科分类现状分析·····古欣瑶 等(19)
- 长翅目昆虫细胞分类学研究·····苗 颖 等(20)
- 扶桑绵粉蚧内共生菌多样性及系统发育分析·····林 丹 等(21)
- 斑翅果蝇和黑腹果蝇肠道可培养的细菌多样性分析·····高欢欢 等(22)

昆虫生态

- 光照诱导烟蚜体色的转换·····曾凌达 等(23)
- 自然生草和清耕对梨园天敌昆虫种群动态影响·····赵龙龙 等(24)
- 蚜虫和蚂蚁关系中蚂蚁触角的拍打行为及对蚜虫个体的选择·····邹旭婷 等(25)
- 甘蔗蓟马在不同甘蔗品种上空间分布型及理论抽样数·····尹 炯 等(26)
- 不同抗性甘蔗品种对螟害垂直分布的影响·····罗志明 等(27)

沟眶象和臭椿沟眶象成虫趋光行为研究·····	文超等	(28)
沟眶象和臭椿沟眶象的生态位分离研究·····	季英超等	(29)
温度对金纹细蛾生活史的影响及其种群动态模型的建立·····	耿书宝等	(30)
五种天然食物对桃蛀螟生长发育和繁殖的影响·····	陈公敏等	(31)
金银花害虫与天敌群落结构特征研究·····	李少华等	(32)
爱玉子传粉蜂对寄主榕果挥发物的行为反应·····	吴怡凌等	(33)

农林昆虫

山东茶园茶新折缘叶蝉形态和生物学研究·····	张艳等	(34)
斑翅果蝇在辽宁省发生的初步报道·····	刘佩旋等	(35)
红棕象甲交配行为研究·····	纪田亮等	(36)
低温臭氧处理对草莓常见害虫的熏蒸活性·····	武超等	(37)
臭椿沟眶象产卵行为的观察·····	张甘雨等	(38)
林业入侵害虫中对长小蠹 <i>Euplatypus parallelus</i> 在我国首次发现·····	李猷等	(39)
红火蚁土壤搬运行为·····	秦文权等	(40)
水椰八角铁甲表皮碳氢化合物在不同性别与日龄上的动态变化研究·····	向海军等	(41)
入侵杂草薇甘菊诱导下台湾乳白蚁的代谢产物分析·····	吴文静等	(42)
白蚁多样性对澳门城市化不同干扰程度森林生境的响应·····	张世军等	(43)
土壤基质对灰茶尺蠖成虫生长发育及繁殖的影响·····	梁仕萍等	(44)
马铃薯瓢虫成虫触角感器扫描电镜观察·····	高芳瑞等	(45)
苹果园害虫和天敌优势种群调查及三种生态防控措施的评价·····	李佳兴等	(46)
一种为害北美枫香的新害虫——枫香刺小蠹·····	高磊等	(47)
闽菇迟眼蕈蚊生物学特性研究·····	孙朝辉等	(48)
朱红毛斑蛾雌雄成虫生殖系统解剖观察·····	茅裕婷等	(49)
抗黄野螟土沉香植株选择及其抗性评价·····	茅裕婷等	(50)

生理生化

miR-8-3p 在橘小实蝇精子发育中的功能研究·····	彭威等	(51)
桔小实蝇气味结合蛋白表达模式与 <i>OBP99a</i> 基因功能研究·····	张静等	(52)
水椰八角铁甲卵黄原蛋白表达谱测定与功能分析·····	李静逸等	(53)
酪氨酸代谢通路相关基因在红棕象甲不同体色表型中的表达模式·····	王桂花等	(54)
入侵害虫红棕象甲肽聚糖识别蛋白编码基因 <i>PGRP-S1</i> 的分子克隆与表达分析·····	王兴红等	(55)
脂多糖对家蚕幼虫 <i>Toll</i> 样受体 <i>Toll9</i> 基因表达的影响·····	刘吉升等	(56)
马尾松毛虫化学感觉相关基因鉴定及表达特征分析·····	张苏芳等	(57)

家蝇 U93 原核表达、多克隆抗体制备及功能初探·····	王 兵 等(58)
家蝇抗菌肽 Sarcotoxin II 家族基因的克隆及原核表达条件优化·····	王 兵 等(59)
二化螟取食诱导 OsAOS2 启动子·····	李翰鹏 等(60)
赤拟谷盗两种精氨酸激酶的鉴定和比较分析·····	张 楠 等(61)
亚洲玉米螟对镉的行为响应及生理机制研究·····	罗 妹 等(62)
柞蚕两种表皮蛋白 ApCP12 与 ApCP23 的表达特征及 RNAi 研究·····	王 勇 等(63)
昆虫肠道细菌分离培养策略及进展·····	梅 承 等(64)
拟环纹豹蛛五个 AChEs 的鉴定及酶学性质的比较分析·····	孟祥坤 等(65)
JH 核受体 Met 参与调控大猿叶虫注定滞育和注定非滞育雌成虫中 JHEs 的差异表达·····	朱 莉 等(66)

生物防治

山东聊城地区蠋蝽生物学特性及捕食特点·····	周 凯 等(67)
红棕象甲幼虫和成虫分泌物的体外抑菌活性分析·····	蒲宇辰 等(68)
椰扁甲啮小蜂寄生对水椰八角铁甲蛹 Apolipophorin-III 基因表达的影响·····	乔 婷 等(69)
椰扁甲啮小蜂毒液蛋白 Tbserpin6 抑制水椰八角铁甲蛹原酚氧化酶反应的机理·····	张华剑 等(70)
椰扁甲啮小蜂对两种寄主的适应性研究·····	林亚平 等(71)
白蛾周氏啮小蜂定位寄主利用的信息化合物成分研究·····	相伟芳 等(72)
白蛾周氏啮小蜂嗅觉相关基因的鉴定及气味结合蛋白的功能分析·····	张新玥 等(73)
寄生蜂毒液蛋白组分与功能的研究进展·····	张 顺 等(74)
土壤处理绿僵菌对黄野螟化蛹及羽化的影响·····	熊鸿鹏 等(75)
土壤处理绿僵菌对灰茶尺蠖化蛹及羽化的影响·····	王慧芳 等(76)
嗜线虫致病杆菌属 PirAB 蛋白的克隆表达及互作蛋白的筛选鉴定·····	杨 晴 等(77)
嗜线虫致病杆菌几丁质结合蛋白对几丁质酶生物活性的影响·····	刘 佳 等(78)
武昌罗索线虫转录组测序和性别决定差异基因筛选及功能研究·····	陶斯莹 等(79)
昆虫病原线虫胶囊剂型的研制及对小地老虎致病力的测定·····	李天慧 等(80)
中华卵索线虫性别决定机制初探·····	文桂桂 等(81)
布氏白僵菌对茶丽纹象甲成虫的致病力评价·····	王定锋 等(82)
糖胶树花挥发物成分分析·····	史先慧 等(83)

药剂毒理

三种植物无水乙醇提取物对红火蚁的杀虫活性比较·····	唐丽萍 等(84)
烟粉虱 CYP6CM1vQ 对环氧虫啉中间体 NTN32692 降解特性研究·····	须志平 等(85)
多个细胞色素 P450 基因介导吡虫啉和毒死蜱复配对褐飞虱的协同增效作用·····	

.....	徐 鹿 等 (86)
球孢白僵菌与印楝素混配对温室白粉虱药效评价.....	卫秋阳 等 (87)
福建主茶区茶小绿叶蝉对常见农药的抗药性比较.....	李良德 等 (88)
聚乙烯防蚊纱网杀蚊试验.....	蓝来娇 等 (89)

过去二十年昆虫分类领域的机构合作：基于文献的社会网络分析

王旭 邓鋈* 黄晓磊*

闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室，福建农林大学植物保护学院，福州 350002

研究机构之间的合作对于学科发展非常重要。有关机构合作的网络分析已成功引入人文社会科学、医学、战略管理等诸多学科领域。然而，在昆虫分类学领域，有关研究机构之间的合作模式，鲜有相关分析。本研究收集了 *Web of Science*TM 数据库 1997 到 2016 年发表的昆虫分类领域文章信息共 21095 条，用来探索机构合作的演变。研究发现机构数量和机构合作程度随着时间的推移不断增加，但是机构之间还存在着合作薄弱、不同地区合作不均衡的情况。大多数机构倾向于与同一个国家的机构合作，只有少部分机构愿意与其他地区合作。非洲从事昆虫分类研究的机构较少，且这些机构倾向于与美国、欧洲、中国等地区的较为强大的研究机构合作。美国农业部、大英博物馆、俄罗斯科学院、中国科学院和巴西圣保罗大学等机构发表的昆虫分类文章数量最多并最具影响力。本次研究提供了一个视角用来了解昆虫分类领域机构合作的现状，并指出昆虫分类领域还需加强国际间的机构合作。

关键词：昆虫分类学，机构合作，社会网络分析，聚类分析，热力图

*通讯作者 (tiancai1282008@126.com, huangxl@fafu.edu.cn)

青藏高原半翅目昆虫多样性格局及其环境决定因素

李俊洁 黄晓磊*

闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室，福建农林大学植物保护学院，福州 350002

大尺度物种丰富度格局是生物地理学和生态学领域的重要科学问题。青藏高原是世界上面积最大且海拔最高的高原，在动物地理区划中占有重要地位。半翅目是物种最多多样化的昆虫类群之一，并且是最重要的农业昆虫类群。本研究基于多种来源的综合地理分布数据库，对青藏高原半翅目昆虫的多样性及分布格局进行了研究。我们基于 $0.5^{\circ} \times 0.5^{\circ}$ 网格分析了物种丰富度格局，并探讨了多样性格局与环境变量之间的关系。结果显示：青藏高原半翅目昆虫的总体呈不均匀分布，大部分物种分布在高原东部；四川西北部、西藏东南部、青海东部、甘肃南部和云南西北部被确定为半翅目昆虫物种多样性热点地区；多样性空间格局与气候因子之间有强烈关系。

关键词：生物多样性，分布格局，环境因子，半翅目，青藏高原

*通讯作者 (huangxl@fafu.edu.cn)

昆虫新物种发表的现有模式

邓 鋆 郭燕青 黄晓磊*

闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室，福建农林大学植物保护学院，福州 350002

昆虫是地球上物种多样性最为丰富的生物类群。昆虫新种的发现和描述一直是昆虫学领域的重要内容。为理解昆虫学者发表新物种的模式，我们以动物分类学领域重要期刊 *ZooKeys* 为对象，收集了 2009 到 2015 年间 914 篇论文（包括 3666 种昆虫新种），并提取了出版日期、检视标本数量、是否使用 DNA 数据等相关信息。研究发现 22% 的昆虫新种只基于一个标本进行描述发表，近 50% 的已发表新种所检视的标本数量少于 6 个。同时，21.66% 的新种只在一个地点采集到标本。这些结果表明检视标本数量和地理上可能存在的变异应该引起更多的重视和关注。另外，我们统计了所有论文的 DNA 数据使用情况，发现单样本新种在使用 DNA 数据文章中占 15%，而在未使用 DNA 数据的文章中所占比例提升到 24%，这个结果支持 DNA 方法的使用可能促使研究者采集更多的新种样本。我们建议昆虫分类学者采用更合理的采集策略获得尽可能多的新种标本。我们的研究有助于深入了解昆虫分类学者发表新种的行为模式。

关键词：昆虫，物种，标本，分类学，*ZooKeys*

* 通讯作者 (huangxl@fafu.edu.cn)

中国灶螽亚科系统分类研究

秦艳艳

华东师范大学生命科学学院, 上海 200241

灶螽亚科 Aemodogryllinae 隶属于昆虫纲 Insecta 直翅目 Orthoptera 螽亚目 Ensifera 驼螽总科 Rhabdiphoroidea 驼螽科 Rhabdiphoridae。目前全球已知 16 属约 206 种, 其中中国共记载 8 属约 70 种。因其常出没于灶旁烟囱附近而得名, 是有名的洞窟性及群栖性昆虫。我国灶螽资源丰富, 占世界的近 1/3, 近些年虽有新种类在不断填充, 但缺乏较系统的分类研究。通过查阅大量原始文献, 核对凭证标本, 对馆藏标本和外出采集获得标本进行了检视、解剖、绘图和拍照, 系统地对中国分布的灶螽亚科昆虫进行了整理和形态修订; 选用线粒体基因 (COI、16S) 的部分序列和核基因 (ITS1、28S) 的部分序列构建了中国灶螽亚科部分属种的系统发育关系。形态分类研究共发现 2 新属、38 新种、1 新记录种、3 新组合、1 同物异名种并恢复 1 属名、1 种名。分子系统学研究初步结果表明, 突灶螽族所有类群聚成一大支, 突灶螽属 *Diestramima* 所有物种聚在同一支, 并与越突灶螽属 *Tamdaotettix* 形成姐妹属。灶螽族所有类群聚成一大支, 分成两支: 其中异疾灶螽属 *Pseudotachycines* 几乎所有种类聚到一块, 而卷枝异疾灶螽与小疾灶螽属的长板小疾灶螽形成姐妹群, 后与庭疾灶螽疾灶螽聚到一块, 凤阳山亚灶螽属于芒灶螽属, 聚在该支的底部; 另外裸灶螽亚属与疾灶螽亚属的种类相互穿插聚在另外一支。形态分类与分子系统学研究综合表明: 突灶螽族的种类聚类较为清晰; 灶螽族不同属间的种类聚类较为混杂, 通过形态分类恢复疾灶螽属 1 属, 但更亟待需要更多的分子材料和选用更多分子标记进行分子系统学研究并与形态分类结合来修订灶螽族。

关键词: 灶螽亚科, 系统分类, 形态修订, 新种, 分子系统, 中国

基于 CO I 基因的我国部分地区蚊种鉴定与白纹伊蚊种群遗传分析

郭玉燕 郑学礼*

南方医科大学公共卫生学院病原生物学系, 广东广州 510515

蚊虫是许多疾病的传播媒介。本文采用线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I (CO I) 基因作为分子标记对我国部分地区蚊虫种类进行鉴定与分析, 研究结果如下: 从我国 12 省捕获蚊虫 6 属 28 种 (亚种), 共研究 301 个个体, 成功扩增与克隆 301 条序列, 长度为 651bp, T+A 碱基的平均含量为 68%, 符合昆虫线粒体 TA 含量偏倚的特征。线粒体 CO I 基因序列中保守位点 348 个, 变异位点 303 个, 简约信息位点 239 个, 单态位点 64 个, 碱基替换 64 处, 颠换高于转换。用 K2P 距离和 p-距离分析 28 种蚊虫的 301 条 CO I 基因序列, 蚊虫 CO I 基因的种内距离在 2% 以下, 同种间距离无重叠现象。随着 K2P 距离的增大, 转换与颠换也跟着有规律的变化, 与 K2P 距离呈线性关系。对 28 种蚊虫构建的系统发育树结果显示, 所有序列被分为 6 簇, 分别以属为单位聚为一簇, 尽管同种蚊虫来自不同的采集地, 但均紧凑聚在一起成为单系群。用 CO I 基因对 5 省 14 个种群共 140 只白纹伊蚊进行种群遗传结构分析, 单倍型多样性为 0.897, 核苷酸多样性为 0.0177, 广西群体的单倍型多样性和核苷酸多样性最高。140 个白纹伊蚊个体中, 发现 57 个单倍型, 种群间共享单倍型 10 个, 种群特有单倍型 47 个。气候带对白纹伊蚊种群结构产生明显影响, 单倍型网络图与系统发育关系的结果均显示遗传差异大小与地理距离呈密切关系, 具有明显的地域分割。Mantel 检验表明: 白纹伊蚊种群的遗传距离和地理距离之间呈正相关, 存在地理隔离现象。AMOVA 分析表明: 白纹伊蚊种群间存在严重分化 ($F_{ST}=0.537$, $p<0.001$)。中性检验和错配分析表明: 大部分地区白纹伊蚊种群近期经历过扩张发展。对不同气候区白纹伊蚊种群的 CO I 序列分析发现, 在序列的 342 位点上存在单核苷酸多态性, 来自热带气候区的几乎所有个体的该位点是碱基 C, 来自亚热带和温带气候区的所有个体的该位点是碱基 T。

关键词: 线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I, 蚊虫, 鉴定, 白纹伊蚊, 遗传多样性

基金项目: 国家自然科学基金 (31630011) 和广东省科技计划基金 (2013B021800042)。

*通信作者 (zhengxueli2001@126.com)

麦蛾总科系统发育研究（鳞翅目：双孔次亚目）

王青云 李嘉恩 李后魂*

南开大学生命科学学院，天津 300071

麦蛾总科 Gelechioidea 隶属鳞翅目 Lepidoptera 双孔次亚目 Ditrysia 短突双孔类 Apoditrysia，是鳞翅目中多样性最高的总科之一。该总科有 15–24 个科，约 18500 个已知种以及大量未命名种。尽管麦蛾总科物种丰富且很多种类经济意义重大，但有关麦蛾总科的研究甚是不足，这可能受多种因素的影响，其中最重要的一个因素与麦蛾总科的系统发育关系混乱有关。虽然该总科的系统发育研究一直在不断的改进和完善，尤其是随着分子系统学理论和技术的应用，其中某些（亚）科间的关系已经得到很好的论证和支持，但是其系统发育关系仍然存在很多问题，其中就包括一些（亚）科的分类地位和相互关系缺乏可靠的支持以及一些属的归类不明确等问题。

本研究基于分子系统学和形态学研究方法，通过增加与调整类群的选取（增加 76 个代表种），扩大代表种的地域范围，选择合适的基因片段（包括 1 个线粒体基因和 9 个核基因）结合形态特征（翅、外生殖器以及整体解剖等）综合分析，解决各（亚）科以及存疑属的分类地位和系统发育关系等问题。研究标本来源于本实验室采自全国各地的标本，部分分子数据自 NCBI 和 BOLDSYSTEMS 获取，应用软件包括 MEGA 7.0, MrBayes 3.2.6, RAxML 8.2.x, TNT 1.1, NONA 2.0, WINCLADA 1.00.08 等。

重点研究解决包括模织蛾属 *Meleonoma* 及相关类群的分类地位问题。该属由 Meyrick 于 1914 年建立，置于织蛾科 Oecophoridae；1965 年 Clarke 将该属移入尖蛾科 Cosmopterigidae，但未给出任何依据。Lvovsky 分别于 2005、2015 年依据抱器腹和抱器瓣明显分离这一特征建立了带织蛾亚科 Periacminae，并从织蛾科移至始蛾科 Lypusidae；另依据雄性下唇须的节数将该亚科分为两个族，其中模织蛾族 Meleonomini 包括模织蛾属 *Meleonoma* 和 *Phaulolechia*。王淑霞教授自 1994 年以来对该类群进行了系统研究，目前已记述的种类占世界已知种的 80% 以上。她在研究了相关类群的翅形、翅脉及外生殖器形态后，认为该类群更接近织蛾科。在核对了相关属的模式标本后，发现模织蛾属实际上包括了隐织蛾属 *Cryptolechia* 的大多数种，是个庞杂的类群，于 2016 年就提出可能包含着不同的种团或属级阶元。这一观点现已得到分子系统学研究结果的支持（待发表），本研究将验证其在麦蛾总科中的分类地位。此外，麦蛾总科中其他一些有争议的类群，如：木祝蛾亚科 Oditinae、隆木蛾亚科 Aeolanthinae、壮木蛾属 *Epichostis*、凹鸠蛾属 *Acria* 等，它们的分类地位将进一步研究确定，而各个（亚）科间的关系也会得到更好的阐明和支持。

关键词：麦蛾总科，系统发育，分子系统学，形态学，分类地位

* 通讯作者（lihouhun@nankai.edu.cn）

基于线粒体基因组的金斑喙凤蝶(鳞翅目: 凤蝶科)

5 个地理种群间的系统发育研究

黄超斌^{1*} 曾菊平² 黄莹³ 周善义^{1**}

1. 珍稀濒危动植物生态与环境保护教育部重点实验室, 广西桂林 541004; 2. 江西农业大学林学院, 江西南昌 330045;
3. 柳州市白蚁防治所, 广西柳州 545007

【目的】金斑喙凤蝶 *Teinopalpus aureus* Mell 是我国 I 级保护物种, 传统上根据其地理分布划分为 5 个亚种, 即: 金斑喙凤蝶指名亚种 *T. aureus aureus* Mell、广西亚种 *T. aureus guangxiensis* Chou et Zhou、武夷亚种 *T. aureus wuyiensis* Lee、海南亚种 *T. Aureus hainanensis* Lee 和斯金卡亚种 *T. aureus skinkaii* Morita。本研究将其作为 5 个地理种群, 即: 广东南岭种群、广西大瑶山种群、福建武夷山种群、海南种群和越南种群, 探讨其系统发育关系。**【方法】**收集金斑喙凤蝶 5 个地理种群的样本(批准文号: 国家林业局林护许准【2012】1707 号), 提取线粒体总 DNA, 测定线粒体基因组全序列, 分析其遗传距离。以其近缘种金带喙凤蝶 *T. imperialis* (Hope) 作为外群, 用邻接法 (NJ) 和最大似然法 (MP) 分别构建基于 COI、Cyt b 和 PCGs 基因的系统发育树。**【结果】**结果表明: 广东南岭种群、福建武夷山种群和广西大瑶山种群之间的遗传距离 (COI=0.002; Cyt b =0.004-0.005; PCGs=0.003) 都小于其与海南种群和越南种群间的遗传距离 (COI=0.004-0.006; Cyt b=0.004-0.007; PCGs=0.005)。所构建的各种系统发育树一致显示, 广东南岭种群、福建武夷山种群和广西大瑶山种群都不能形成单系群, 而海南种群和越南种群则形成单系群。**【建议】**根据线粒体基因组研究结果, 结合形态学分析, 建议将金斑喙凤蝶重新划分为金斑喙凤蝶指名亚种、海南亚种和斯金卡亚种; 将金斑喙凤蝶广西亚种和武夷亚种作为金斑喙凤蝶指名亚种的同物异名处理。

关键词: 金斑喙凤蝶, 线粒体基因组, 系统发育, 地理种群

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31160430) 和国家林业局部门预算项目 (林规发【2011】100 号)。

*第一作者 (942852462@qq.com)

**通讯作者 (syzhou@mailbox.gxnu.edu.cn)

赛罕乌拉国家级自然保护区蝶类多样性调查

戈昕宇 李俊兰**

内蒙古大学生命科学学院, 呼和浩特 010021

【目的】蝶类隶属于昆虫纲(Insecta)鳞翅目(Lepidoptera)锤角亚目(Rhopalocera), 其种类繁多, 在我国分布广泛。蝴蝶多样性是生物多样性研究的热点之一, 因蝴蝶对环境的反应速度超过鸟类和其它昆虫, 是目前国际上公认的高灵敏性环境变化指示生物。本实验室自 2016 年对内蒙古赛罕乌拉国家级自然保护区的蝶类多样性进行了初步调查, 旨在研究保护区不同生境下的蝴蝶种类组成成分和生境破碎化对蝴蝶多样性的影响。【方法】在保护区选取五种不同的生境, 生境类型分别是: 生境 I—典型草原、生境 II—湿地(有干扰), 生境 III—落叶阔叶林, 生境 IV—典型草原(有干扰), 生境 V—湿地, 采用样线法, 从 2016 年 6 月至 9 月对选取的生境进行调查和采集, 样线长度 2km, 采集时间选择 9:00-17:00 蝴蝶活动频繁的时间, 对样线两侧各 2.5m 高 2.5m 范围内的所有飞行, 访花, 休息中的蝶类成虫进行采集和记录。分析了多样性指数、物种丰富度、优势度指数、均匀度指数。【结果】共采集蝴蝶标本 778 只, 隶属于 5 科 48 属 60 种。蛱蝶科为优势科, 云粉蝶 *Pontia daplidice* (Linnaeus, 1758)、菜粉蝶 *Pieris rapae* (Linnaeus, 1758) 和绢粉蝶 *Aporia crataegi* Linnaeus, 1758 为保护区的优势种。红珠绢蝶 *Parnassius bremeri* Bremer, 1864、玄灰蝶 *Tongeia fischeri* (Eversmann, 1843)、枯灰蝶 *Cupido minimus* (Füssly, 1775) 为保护区的稀有种。赛罕乌拉自然保护区蝶类在科级 Shannon-Wiener 多样性指数上由大到小依次为蛱蝶科(Nymphalidae) > 灰蝶科(Lycaenidae) > 粉蝶科(Pieridae) > 弄蝶科(Hesperiidae) > 凤蝶科(Papilionidae), 各生境蝶类多样性指数由大到小为生境 III > 生境 I > 生境 V > 生境 II > 生境 IV。【结论】生境 III 多样性指数最高, 生境 I 次之, 生境 V 最低。有强放牧干扰的生境 IV 和有耕作干扰的生境 II 多样性指数均低于无人干扰的生境 I 和生境 V, 由此可见人类活动对植被的破坏越大, 蝴蝶多样性指数越低, 生境的破碎化和退化是蝶类多样性面临的主要威胁。建议保护区尽量控制人为活动对保护区生境的干扰, 合理规划耕地和放牧的区域, 适时地采取禁牧措施并对退化的草场进行有效的围封。有利于保护区物种多样性的稳定和改善。

关键词: 赛罕乌拉, 蝶类, 多样性, 干扰

基金项目: 国家自然科学基金(31460111, 31000975); 内蒙古自然科学基金(2014MS0301); 环境保护部生物多样性保护专项资助项目。

**通讯作者 (lijunlan@imu.edu.cn)

陕西秦岭蝴蝶区系组成与地理分布格局

房丽君

陕西省植物研究所, 西安 710061

秦岭是长江和黄河两大水系的分水岭, 属暖温带向北亚热带过渡地带, 是我国蝴蝶资源的宝库, 在基因、物种和生态系统多样性上均是具有特殊意义的关键地区。经十余年调查采集及资料收集, 初步分析探讨了陕西秦岭地区蝴蝶的区系组成与地理分布格局, 以期揭示陕西秦岭蝴蝶区系现状, 为自然保护区的资源保护、利用以及环境质量监测提供基础资料。

本分析共记录秦岭地区蝴蝶5科199属502种。种级构成: 以蛱蝶科、灰蝶科及弄蝶科占优势, 3科占总种数的82.87%, 其中以蛱蝶科种类最多, 达222种, 占蝶类总种数的44.22%; 凤蝶科的种类较少, 42种, 占到总种数的8.37%。属级构成: 以蛱蝶科、灰蝶科分布的属最丰富, 分别为84属、57属, 两科占蝶类总属数的70.85%; 粉蝶科最少, 为11属, 占总属数的5.53%。

秦岭地区蝶类在世界动物地理区划中共有9种分布型, 主要由典型古北种、典型东洋种、古北及东洋共有种, 多区分布种及世界广布种组成。其中典型古北种107种, 占调查总种数的29.16%; 典型东洋种27种, 占调查总种数的7.36%; 古北及东洋共有种224种, 占总种数的61.04%; 古北、东洋及新北区共有种2种, 占总种数的0.55%; 多界及世界广布型各有2种及1种, 各占总种数的0.55%及0.27%。在中国动物区划中共有32种分布类型, 其中占总种数5%以上的分布类型6种, 占总种数的49.99%。这6种分布类型分别为: 华北+东北+华中型14种, 占10.77%; 华北+东北+蒙新+华中型12种, 占9.23%; 华北+华中型11种, 占8.46%; 华北+东北+蒙新+青藏+华中及华北+东北+蒙新型各10种, 占7.69%; 全布型8种, 占6.15%。另外, 华北、华北+东北、华北+蒙新及华北+东北+蒙新+青藏4种分布类型均各占4.62%, 合计占到18.48%; 其他28种分布类型则种类很少, 处于零星而分散状态。

关键词: 鳞翅目, 蝶类, 秦岭地区, 区系

专性寄生胃蝇属关键形态的适应演化

李心钰* 陈一欧 王企珂 刘贤慧 李 凯 张 东**

北京林业大学自然保护区学院, 北京 100083

胃蝇属是马科动物消化道内的专性寄生蝇, 其幼虫可引起严重的胃蝇蛆病, 甚至导致宿主死亡, 造成经济损失, 同时严重威胁濒危的野生马科动物的生存。三龄幼虫是胃蝇生活史中历时最长的阶段, 在长期较强的选择压力下, 演化出多样性极高的形态结构, 具有大量具进化意义的特征, 是系统学及进化生物学研究的重要信息源。此外, 胃蝇成虫嗅觉极其灵敏, 可在极短的存活期内完成寻找寄主、交配、产卵等生活史关键环节; 因此, 明确触角嗅感器的类型、超显微形态结构, 为揭示其适应演化机制的重要依据。本研究以分布于古北界的六种胃蝇为研究对象, 通过联用显微、超显微及共聚焦技术, 提出胃蝇幼虫体色多样, 是准确、高效的鉴定特征; 发现其口钩表面具多种纹饰; 明确了触角的超显微形态及其嗅感器的类型、形态、分布, 首次在触角芒上发现腔锥形感器; 相较于一般有瓣蝇类, 胃蝇触角嗅感器类型更丰富, 且鞭节集中了大量感觉窝结构, 大幅提高了嗅感器数量, 并提供稳定微环境, 可汇集气味分子、提高嗅觉灵敏性。基于幼虫、触角的八十余个形态学部位, 遴选出 42 个关键特征, 借助 TNT 软件构建了胃蝇属系统发育树, 支持了胃蝇属为单系, 口钩发达具大量纹饰、肛节具分亚节、触角芒具感受器等为胃蝇属的共有衍征, 属内种间关系为 (*Gasterophilus pecorum* + (*G. intestinalis* + *G. haemorrhoidalis* + *G. inermis* + (*G. nasalis* + *G. nigricornis*)))。

关键词: 胃蝇属, 三龄幼虫, 触角, 形态, 系统发育, 适应演化

*第一作者 (lixinyubjfu@bjfu.edu.cn)

**通讯作者 (ernest8445@163.com)

中国黄色羽摇蚊 *Chironomus (Chironomus) flaviplumus* 卵、幼虫、蛹和成虫的形态描述及分子鉴定

陈 珊 周 东 张瑞雷

上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306

黄色羽摇蚊 *Chironomus (Chironomus) flaviplumus* 作为底栖生物中环境污染的指示种, 对其的研究一直备受阻碍, 其主要原因是现有研究缺乏对其生命周期中不同时期的形态学描述, 以及对其幼虫进行分类学鉴定较为困难。在本研究中, 我们利用光学显微镜和解剖镜分别测量并记录了采集标本的卵、幼虫、蛹和雌雄成虫的形态学指标, 并将其与黄色羽摇蚊 *Chironomus (Chironomus) flaviplumus* 和吉松摇蚊 *C. (C.) yoshimatsui* 的幼虫和雌雄成虫进行形态学比较, 并利用 DNA 条形码技术分别提取幼虫及雌雄成虫的线粒体 *COI* 基因, 采用邻接法(Neighbor-joining)建立系统发育树进行分析。通过形态学观察, 采集标本与 *C. (C.) yoshimatsui* 雄成虫的触角比 (AR) 和足比 (TR) 较为相近, 但可通过雄成虫上附器 (SV) 形状与幼虫侧腹管不同直接区分。因此, 采集标本更接近于黄色羽摇蚊。同时, 我们结合 DNA 条形码技术进一步验证此次鉴定结果。通过在 NCBI 与已有序列进行对比, 发现与现有研究结果不同。综上所述, 本文描述了黄色羽摇蚊的生活史和修订了先前学者的错误。

关键词: 摇蚊科, 摇蚊属, 黄色羽摇蚊, 生活史, DNA 条码技术

中国光蠊亚科研究

王珍珍* 王宗庆**

西南大学植物保护学院, 重庆北碚 400715

光蠊亚科 Epilamprinae 隶属于网翅总目 Dictyoptera、蜚蠊目 Blattodea、硕蠊总科 Blaberoidea、硕蠊科 Blaberidae (George Beccaloni, 2014)。因该亚科中多数雄虫夜间喜向光飞行而得名, 卵胎生种类, 中至大型蜚蠊, 生活在枯枝落叶下, 同时存在许多两栖的种类, 当受到惊吓时会潜入水中保护自己, 对环境要求较高。截止 2016 年, 全世界共记录 48 属 8 族 430 余种。我国记录 8 属 58 种 (作者统计)。

【目的】揭示我国该类群物种多样性水平及其分布格局。【方法】运用传统分类学方法对中国光蠊亚科进行分类鉴定, 结合 157 条 COI 序列辅助分类鉴定和部分种的雌雄若虫配对。【结果】鉴定出 11 属 50 种, 发现 7 新种, 3 新记录属 (点光蠊属 *Rhcnoda* Brunner von Wattenwyl, 1893、棒光蠊属 *Rhabdoblattella* Anisyutkin, 2000 和栗光蠊属 *Cyrtonotula* Uvarov, 1939) 1 个新属, 并厘定了拟光蠊属 *Pseudophoraspis* Kirby, 1903 和点光蠊属 *Rhcnoda* Brunner von Wattenwyl, 1893 的关系。【结论】我国该类群具有较高的物种多样性水平, 然而对该类群的调查还很有限, 有待进一步深入调查; 翅的长短, 前胸背板有无刻点和腹部背板是否特化不能作为划分属的特征; 雄性外生殖器结构特别是左阳茎骨片之间的连接方式、左阳茎骨片缺失情况、右阳茎钩的形状、后足跗基节长度是否长于剩余几节跗节之和、后足跗基节腹缘刺的排列方式和跗垫占整节跗节的长度可作为划分属的特征。对 10 属 38 个种 157 条 COI 序列采用 ML 法、BI 法构建系统发育树发现其中 9 个属分别各自形成一个分支与传统分类学方法鉴定结果一致, 但大光蠊属 *Rhabdoblatta* Kirby, 1903 分为多个分支与传统分类学方法鉴定结果存在差异, 形成这种现象的原因还需进一步深入研究。

关键词: 光蠊亚科, 分类, 系统学, 中国, 新分类单元

基金项目: 国家自然科学基金 (31472026)。

*第一作者 (zhenzhenwang822@163.com)

**通讯作者 (zqwang2006@126.com)

隐尾蠓 (*Cryptocercus*) 的综合分类学研究

王丽丽 刘明伦 车艳丽*

西南大学植物保护学院, 重庆北碚 400715

【目的】通过对隐尾蠓形态学、染色体数据和 DNA barcoding 的研究, 探讨综合三种不同的方法对隐尾蠓分类的可行性和可靠性, 为隐尾蠓的物种多样性研究奠定基础。【方法】1. 解剖雌性隐尾蠓, 获得雌性外生殖器照片; 2. 以采集后饲养的隐尾蠓活体为材料, 每个地点分别选择 3-8 头活虫标本, 活体解剖雄性隐尾蠓末龄若虫或者成虫获取性腺 (精巢), 剔除杂质; 将性腺浸泡在 0.45% 柠檬酸三钠溶液中低渗 20 分钟; 将渗透好的性腺置于甲醇与冰醋酸比例为 3: 1 的卡诺氏固定液中固定 30 分钟; 用镊子将精巢充分夹碎, 获取悬浮液, 静置一段时间后, 用注射器吸取上清液, 喷于冰冻的玻片上, 用酒精灯迅速烤片; 用磷酸缓冲液稀释 Giemsa 染液染色 35 分钟, 冲洗后晾干; 置于奥林巴斯显微镜下观察并拍照; 3. 每个地点选取雌虫、雄虫和若虫各三头, 分别取后足提取 DNA 模板, 进行 PCR 扩增, 获取目的片段 COI 序列, 进行比对、建树分析。【结果】1. 获得 16 个采集地点的雌性外生殖器的形态特征, 并进行比较, 发现虽然雌性外生殖器存在差异, 但仅使用形态数据不能完成隐尾蠓的分类鉴定; 2. 观察并记录了 16 个采集地点隐尾蠓的染色体数目, 分别是 $2n(\text{CBSB})=25$ 、 $2n(\text{DJC})=25$ 、 $2n(\text{SSH})=33$ 、 $2n(\text{MZG})=33$ 、 $2n(\text{HS})=33$ 、 $2n(\text{SXH})=35$ 、 $2n(\text{MHC})=35$ 、 $2n(\text{WXC})=19$ 、 $2n(\text{RKG})=19$ 、 $2n(\text{ZRG})=19$ 、 $2n(\text{MLG})=43$ 、 $2n(\text{GXG})=43$ 、 $2n(\text{YRG})=41$ 、 $2n(\text{XGZ})=43$ 、 $2n(\text{MKC})=45$ 、 $2n(\text{KGC})=45$; 2. DNA barcoding 数据分析表明相同地点的雌虫、雄虫和若虫能聚为一支, 且支持率高。【结论】1. 结合雌性外生殖器形态差异、染色体的数量和 DNA barcoding 能够实现对隐尾蠓进行较好的分类鉴定, 本研究共鉴定出 13 个种; 2. 隐尾蠓染色体数目的变化具有连续性, 与隐尾蠓分化的时间先后顺序有关; 3. 隐尾蠓染色体数目在相邻的分布地点具有相同或者相近的数目, 同时隐尾蠓染色体数目具有多样性, 不同种具有不同的或相同的染色体数量; 4. 隐尾蠓染色体数目变化的规律为: 东北地区与云南数量较少, 秦岭-大巴山脉数量居中, 横断山脉 (四川省内) 数量最多, 且推测后续采集地点的增加, 可能出现染色体数目更多的隐尾蠓种类。

关键词: 染色体, 隐尾蠓, 蜚蠊, 分类

基金项目: 国家自然科学基金面上项目 (31672329, 31472026)。

*通讯作者 (shirleyche2000@126.com)

中国地鳖蠊科的分类研究

邱 鹭 车艳丽 王宗庆*

重庆西南大学植物保护学院, 北碚 400716

地鳖蠊科是蜚蠊目中较小的一个科, 因其生活习性隐秘, 标本难以获得, 故研究进展相对缓慢。该科昆虫雌雄多异型, 最主要的鉴别特征为雄虫后翅臀域仅向腹面折叠一次, 该折叠方式显与蜚蠊目其他科相区别。地鳖蠊科全世界已知 39 属 216 种 (Beccaloni & Eggleton 2013), 而中国仅记录 5 属 19 种。作者于 2014 年 9 月-2017 年 7 月期间, 通过野外采集, 各机构馆藏检视, 以及同行和昆虫爱好者交换或赠送等方式获得大量地鳖蠊标本, 并通过邮件的方式获得大量中国以及周边地区的地鳖蠊模式标本照片, 通过饲养和观察生物学学习性, 解剖对比以及雌雄配对, 共鉴定出中国地鳖蠊科 5 亚科 11 属 62 种 (含亚种), 其中新亚科 1 个, 新纪录亚科 2 个, 新属 4 个, 新纪录属 2 个, 新 (亚) 种 41 个, 新纪录种 2 个, 新异名 3 个, 地位变更 1 个, 地位恢复 1 个。通过野外调查发现, 大部分地鳖蠊科昆虫喜栖居于疏松干燥的土或者腐殖质中, 也有部分朽木生的种类, 部分艳丽的种类喜访花, 有些种类可以适应超高海拔的环境 (如某些真地鳖可生活在海拔四五千米的青藏高原), 生活习性多样, 但都较为隐蔽, 故不易被发现。通过研究发现, 地鳖蠊科昆虫多样性比较丰富, 应还有大量新分类单元待发掘, 该科的中华真地鳖, 冀地鳖等作为药用昆虫, 具有一定经济价值, 对其深入的研究也具有重大意义。

关键词: 地鳖蠊科, 蜚蠊, 中国, 分类

基金项目: 国家自然科学基金面上项目资助 (31472026, 31672329)

*通讯作者 (zqwang2006@126.com)

基于形态和分子数据对中国乙蠊属的物种界定

李 梦* 王宗庆**

西南大学植物保护学院, 昆虫研究所, 重庆 400715

乙蠊属 *Sigmella* Hebard 隶属于网翅总目 Dictyoptera、蜚蠊目 Blattodea、硕蠊总科 Blaberoidea、姬蠊科 Ectobiidae、姬蠊亚科 Blattellinae。世界已知该属 23 种, 我国已知 3 种。该属在世界上主要分布在中国、缅甸、菲律宾、马来西亚、印度尼西亚, 在我国主要分布于海南、广东、广西、重庆、福建、江苏、江西、浙江、台湾等 12 个省。【研究背景】中国乙蠊属的物种多样性水平如何? 外部形态非常相近的个体, 是种内变异, 还是种间差异? 【方法】每个种的每个地点选取 2-5 个样本进行研究。传统分类方法: 主要根据第七背板、肛上板以及下生殖板进行鉴定; 分子方法: 共获得 173 条 COI 和 116 条 28S 序列, 选取薄翅螳螂做外群, 利用 ML 和 BI 探讨其亲缘关系, 分别使用 GMYC 和 ABGD 方法进行乙蠊属的种类进行界定。【结果】所有样本通过形态特征的鉴定 5 个形态种。利用分子数据分析的结果显示, 其中四种与形态种类鉴定结果一致, 然而短囊乙蠊与形态鉴定结果不同: 分布在海南的种群与分布在内地的种群被认为是不同的种, 而且分布在内地的种群被不同的方法分成了不同的种 (GMYC 将其分成 2 个种, ABGD 将其分成 3 个种), 其中最大遗传距离达到 10.7% (海南南开与广西上思种群), 而其余四个种的种内遗传距离不超过 4.3%。【结论】我国乙蠊属也具有较高的物种多样性水平, 不断有新的物种被发现, 本研究发现 4 新种; 而且可能还存在隐存种; 【讨论】除短囊乙蠊外, 乙蠊属传统分类和分子方法鉴定保持了一致。重新检视短囊乙蠊的标本发现: 不管是海南, 还是内地种群标本, 它们之间均没有明显的形态差异, 而 GMYC 和 ABGD 分别将短囊乙蠊分成了 3 或 4 个种。两种分子方法界定种类的结果虽然不同, 但都比形态鉴定的种类要多, 而且种群之间的遗传距离较大 (最大值 10.7%), 说明该属可能存在着隐存种, 但仍需要进一步的研究分析。

关键词: 中国乙蠊属, 形态特征, 分子数据, GMYC, ABGD, 多样性分析

基金项目: 国家自然科学基金(31472026, 31672329)。

*第一作者 (limeng19999@163.com)

**通讯作者 (zqwang2006@126.com)

寄生禾本科植物的蚜虫多样性

李 强 黄晓磊*

闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室，福建农林大学植物保护学院，福州 350002

蚜虫与其寄主植物在进化上有着非常紧密的联系，一直都是相关领域学者研究的热点。蚜虫的寄主范围非常广泛，尤其在一些农作物上危害严重。禾本科植物包含许多重要的农作物和经济作物，如水稻、小麦、高粱以及竹子等，在人类的生产中占有非常重要的地位。基于国内外研究资料和权威数据库，本研究利用统计学手段分别从不同分类阶元水平上分析了寄生在禾本科植物上蚜虫物种的多样性。结果显示：共有 10 亚科 98 属 435 种蚜虫寄生在 184 属 827 种的禾本科植物上；在亚科级水平，蚜亚科、绵蚜亚科、毛蚜亚科等取食超过 100 种禾本科植物；在属级水平，谷网蚜属、缢管蚜属、伪毛蚜属等均取食超过 200 种禾本科植物；在种级水平，麦长管蚜、禾谷缢管蚜、*Hysteroneura setariae* 等是取食禾本科植物的优势种；禾本科植物中，早熟禾属、籼竹属、小麦属等是被蚜虫寄生的优势属。基于系统发育证据，我们进一步分析了蚜虫与其禾本科寄主的进化关系格局。

关键词：蚜虫，禾本科，物种多样性，系统发育

* 通讯作者 (huangxl@fafu.edu.cn)

蚜虫与小蜂总科寄生蜂关系的宏进化格局

陈 翠 邓 鋈 黄晓磊*

闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室，福建农林大学植物保护学院，福州 350002

【目的】寄生蜂与寄主之间的紧密联系对它们各自的进化历程都产生了重要影响，从不同角度阐明寄生蜂和寄主之间的进化关系不但可以丰富生态学理论，还可以为害虫防治提供重要信息。**【方法】**基于全球性数据，用相关性、随机性的统计方法以及进化树的比对方法，分析了蚜虫类（Hemiptera: Aphididae）与其小蜂总科（Hymenoptera: Chalcidoidea）寄生蜂关系的宏进化格局。**【结果】**1) 寄生蚜虫的小蜂来自蚜小蜂科、金小蜂科、跳小蜂科、姬小蜂科等 10 个科，蚜虫寄主来自蚜亚科、大蚜亚科、瘿绵蚜亚科等 12 个亚科，并且各类群蚜虫的物种多样性与小蜂物种多样性呈正相关关系；2) 不同小蜂类群在选择蚜虫寄主时存在随机和非随机现象；3) 在高级阶元水平上，并未呈现“亲缘决定”的系统发育格局（即亲缘关系近的蚜虫被亲缘关系近的小蜂寄生）；4) 蚜小蜂科、跳小蜂科、金小蜂科取食更多类群的蚜虫，它们的广食性分别独立起源。**【结论】**蚜虫的小蜂初寄生蜂中，专食性物种占总物种的一半左右；蚜虫寄主的多样性可能会增加寄生蜂的物种多样性；“亲缘决定”的系统发育格局可能存在于低级分类阶元。

关键词：生物间关系，寄主选择，寄主范围，系统发育

* 通讯作者：huangxl@fafu.edu.cn

茶棍蓟马线粒体基因组的测序与分析

陈世春* 王晓庆** 江宏燕 彭 萍

重庆市农业科学院茶叶研究所, 重庆 402160

茶棍蓟马 *Dendrothrips minowai* Priesner 隶属于缨翅目 Thysanoptera、蓟马科 Thripidae, 广泛分布于我国南方茶区, 成、若虫以其锉吸式口器锯吸茶树嫩梢嫩叶, 严重影响茶树树势及茶叶产量和质量, 损失率可达 50% 以上。线粒体 DNA (mtDNA) 因具有母系单性遗传、基因组较小、结构保守、进行速率快, 以及含有大量进化信息等特点, 使其广泛应用于昆虫的种类鉴定、种群遗传结构及系统发育研究中。本实验使用 PCR 技术完成茶棍蓟马的线粒体全基因组序列的扩增、拼接、校正和注释。本研究获得的茶棍蓟马线粒体全基因组为单一闭合环状 DNA 分子, 全长 14, 631 bp, 小于目前已发表 5 个蓟马线粒体基因组。该线粒体基因组碱基组成为 A = 40.93%, C = 11.63%, G = 9.84% 和 T = 37.60%, 共编码了 37 个基因, 包括 13 个蛋白质编码基因 (*cox1-3*, *cytb*, *nad1-6*, *nad4L*, *atp6* 和 *atp8*), 22 个 tRNA 基因 (*tRNA^{Ile}*, *tRNA^{Cys}*, *tRNA^{Gln}*, *tRNA^{Met}*, *tRNA^{Trp}*, *tRNA^{Tyr}*, *tRNA^{Leu(CUN)}*, *tRNA^{Leu(UUR)}*, *tRNA^{Lys}*, *tRNA^{Asp}*, *tRNA^{Gly}*, *tRNA^{Ala}*, *tRNA^{Arg}*, *tRNA^{Asn}*, *tRNA^{Ser(AGN)}*, *tRNA^{Ser(UCN)}*, *tRNA^{Glu}*, *tRNA^{Phe}*, *tRNA^{His}*, *tRNA^{Thr}*, *tRNA^{Pro}* 和 *tRNA^{Val}*), 2 个 rRNA 基因 (*rrnS* 和 *rrnL*)。同时, 基因组还包含 1 个控制区域, 位于 *tRNA^{Ser(AGN)}* 和 *nad5* 之间, 全长 149 bp, A+T 含量为 91.95%, 高于基因组其他区域。茶棍蓟马是第 6 个获得全线粒体基因组序列的缨翅目昆虫, 与其他蓟马一样具有典型的单一闭合环状结构, 但已发表的茶黄蓟马 *Scirtothrips dorsalis* 除了其东亚种群具有典型结构以外, 南亚种群的线粒体基因组裂化为两个 DNA 分子环。在蓟马线粒体基因组中普遍出现基因重排现象, 包括有蛋白质编码基因和 rRNA 基因的移位。此外, 除茶棍蓟马与玉米黄呆蓟马 *Anaphothrips obscurus* 以外的 4 个蓟马线粒体基因组均包含有 2 个以上的控制区域。缨翅目昆虫线粒体基因组的测序, 为探索蓟马线粒体基因组的进化提供数据, 为蓟马种类的精准鉴定、种群遗传多样性以及缨翅目系统发育关系的研究打下基础。

关键词: 棍蓟马, 线粒体基因组, 缨翅目, 基因重排

基金项目: 国家茶叶产业技术体系西部病虫害防控岗位专家基金 (CARS-23); 重庆市永川区自然科学基金计划项目 (Ycstc,2016nc5014)。

*第一作者 (chensc0318@sina.com)

**通讯作者 (wangxiaoqing2891@126.com)

急流水螨科分类现状分析

古欣瑶* 郭建军**

贵州大学昆虫研究所, 贵州山地农业病虫害重点实验室, 贵阳 550025

急流水螨科 *Torrenticolidae* 隶属于蜱螨亚纲 Subclass Acari, 真螨总目 Superorder Acariformes, 绒螨目 Order Trombidiformes, 前气门亚目 Suborder Prostigmata, 大赤螨总股 Supercohort Anystides, 寄殖螨股 Cohort Parasitengonina, 水螨亚股 Subcohort Hydrachnidiae, 腺水螨总科 Superfamily Lebertioidea。急流水螨大多数种类生活在流水和泉水中, 是其中的优势水螨类群, 也是水螨亚股中物种数量最丰富, 特征最鲜明的种群之一, 现世界已知 2 亚科 7 属 13 亚属 515 种。

急流水螨科分类研究历史悠久, 时有新种建立, 特别是 2007 年后, 新种则呈显爆发性涌现, 成为国际蜱螨学研究的热点之一, 其中 2007 年新建物种 39 种, 2009 年 10 种, 2011 年 12 种, 2012 年 19 种, 2014 年 27 种, 2016 年 15 种。其研究主要集中于亚洲 (97 新种)、中南美洲 (48 新种)、欧洲 (24 新种)、非洲 (13 新种)、北美洲 (15 新种); 而亚洲则更多的集中在少数地区, 马来西亚 (25 新种), 伊朗 (18 新种), 印度尼西亚 (13 新种)、中国 (8 新种), 以及越南、印度等各个国家。就物种总量而言, 中国目前所知种类仅为 30 余种 (部分种类待发表), 而全世界目前已知种超 500 种; 就新种发表数量而言, 中国自 1987 年以来共计发表 8 新种, 而全世界发表了 203 新种, 差距较大。由此可见, 中国急流水螨分类学研究现状与国际水平仍具较大差距。

目前, 急流水螨分类主要采用外部形态特征分类, 而所用特征相对单一, 致使其分类中同物异名和异物同名现象过多最终表现为分类混乱, 因而增加显微特征和分子特征进行已知种的厘定和近似种的鉴定将是我国急流水螨分类研究的突破点。同时, 急流水螨科下单元系统发育关系观点分歧较大, 急需增加可用性状证据, 特别是分子方面性状证据以进一步明确其科下单元系统发育关系。因此, 现行工作重心在以传统形态分类为重点的同时, 对其进行深入的分子系统发育研究, 以期摸清我国范围内种群的区系组成, 地理分布特点, 探索出能够反映急流水螨真正历史进化关系的系统发育谱图。

关键词: 急流水螨科, 分类, 研究现状, 存在问题, 解决思路

基金项目: 国家自然科学基金 (31372161)

**第一作者 (guxinyaojy@hotmail.com)

**通讯作者 (jjguo@gzu.edu.cn)

长翅目昆虫细胞分类学研究

苗颖* 花保祯**

西北农林科技大学, 昆虫博物馆, 陕西杨凌 712100

染色体具有高度的保守性和独立性, 在探究物种分化模式、明确昆虫系统发育关系、以及区分近缘物种中发挥重要作用。长翅目 *Mecoptera* 是全变态类昆虫中唯一在幼虫期具有复眼的类群, 被认为是联系全变态类与半变态类昆虫的重要纽带, 但其系统发育地位长期存有争议。长翅目的分类体系涵盖特征较少, 造成多个科之间的系统发育关系不明; 分类特征局限于外部形态, 使得科内的分类体系混乱。本试验采用吉姆萨和 DAPI 荧光染色以及 C-带处理法, 对中国长翅目蝎蛉科 *Panorpidae* 和蚊蝎蛉科 *Bittacidae* 昆虫的染色体进行分析, 试图为长翅目的分类、系统发育及演化研究提供新的依据。

蚊蝎蛉科内蚊蝎蛉属 *Bittacus* Latreille 和地蚊蝎蛉属 *Terrobittacus* Tan & Hua, 的比较细胞遗传学研究, 显示减数分裂过程和核型在属间具有明显的多样性, 可作为区分这 2 个属的特征。细胞遗传学特征在蚊蝎蛉属内的多样性支持该属的并系性, 而在地蚊蝎蛉属内的高度特化暗示了该属独特的演化历程。通过对蝎蛉科内单角蝎蛉属 *Cerapanorpa* Gao, Ma & Hua 不同种间粗线期二价体的分带研究, 发现 C-带和荧光带型具有良好的种级分类价值。二价体内部多型带的存在表明染色体重排事件的发生, 而其出现频率很低, 说明同源染色体的精确配对可能对减数分裂过程中二价体的形成至关重要。据此推测, 染色体重排很可能通过改变染色体的结构, 影响同源染色体配对适合度以及合子减数分裂成功率, 产生交配后生殖隔离, 从而促进近缘种的分化。

基于已获得的蝎蛉科 6 属 53 种的染色体数据, 蝎蛉属 *Panorpa* Linnaeus 的染色体数目为 41–47, 新蝎蛉属 *Neopanorpa* Weele 为 33–41, 华蝎蛉属 *Sinopanorpa* Cai & Hua 和双角蝎蛉属 *Dicerapanorpa* Zhong & Hua 为 45, 单角蝎蛉属 *Cerapanorpa* 为 43, 叉蝎蛉属 *Furcatopanorpa* Ma & Hua 为 41。染色体数目在属间的多样性, 显示出近年来对蝎蛉科内属级阶元重新划分的合理性, 证实了蝎蛉属的并系性, 也揭示了新蝎蛉属的异质性。通过染色体的祖先特征重建, 推测出蝎蛉科染色体的演化呈现数目减少和尺寸增大的趋势, 且染色体融合事件在演化中起到了关键的作用。

关键词: 细胞遗传学, 染色体, 蝎蛉科, 蚊蝎蛉科, 分类, 演化

基金项目: 国家自然科学基金委项目 (31672341, 31301898)。

*第一作者 (miaoy@nwafu.edu.cn)

**通讯作者 (huabzh@nwafu.edu.cn8)

扶桑绵粉蚧内共生菌多样性及系统发育分析

林丹** 张莉 饶琼***

浙江农林大学农业与食品科学学院, 杭州临安 311300

扶桑绵粉蚧是近些年来入侵我国的重要的检疫性害虫, 其寄主广泛、繁殖力强、扩散迅速、为害严重, 对农林业生产构成极大威胁。像其它刺吸式口器昆虫一样, 扶桑绵粉蚧的韧皮部取食使得其内共生菌成为维持它正常生命活动不可或缺的共生对象, 即为其提供必需的营养物质, 如氨基酸和维生素等。【方法】本研究通昆虫共生菌通用引物对扶桑绵粉蚧的内共生菌 16S rRNA 片段进行扩增和测序, 并进行系统发育分析; 同时, 为进一步分析扶桑绵粉蚧体菌群的多态性, 对扶桑绵粉蚧体内菌群的 16S rRNA V3-V4 区进行高通量测序分析。【结果】对扶桑绵粉蚧内共生菌 16S rRNA 的 30 个克隆测序结果显示, 扶桑绵粉蚧仅检测到一种共生菌, 即原生共生菌“*Candidatus Tremblaya phenacola*”, 而高通量测序结果也验证了原生共生菌“*Ca. Tremblaya phenacola*”在扶桑绵粉蚧体内为优势菌群, 丰度达到 95% 以上。高通量共测到扶桑绵粉蚧体内菌群有 67-72 个 OTU, 平均 GC 含量为 49.5% 左右, 除原生共生菌外, 其他含量大于 1% 的菌群还有 2 个, 分别为“*Ca. Tremblaya princeps*”和一种昆虫 (新菠萝灰粉蚧 *Dysmicoccus neobrevipes*) 的次生内共生菌, 而此前报道的粉蚧原生共生菌中嵌套的次生共生菌“*Ca. Moranella endobia*”, 在本次高通量检测中也发现有微量分布。【结论】扶桑绵粉蚧内优势共生菌种类单一, 且所占比例大, 为寄主存活繁殖提供重要作用, 且其他共存的内共生菌虽所占比例少, 但种类多样, 为其提供其他未知的功能, 可能为其入侵本土带来优势。本研究为进一步研究扶桑绵粉蚧遗传进化、其可能的侵入途径以及科学防控提供理论基础, 具有重要的理论和实践意义。

关键词: 扶桑绵粉蚧, 内共生菌, 高通量测序, 16S rRNA

基金项目: 浙江省自然科学基金 (LY14C140003)。

**第一作者 (137916608@qq.com)

***通讯作者 (qiong.rao@zafu.edu.cn)

斑翅果蝇和黑腹果蝇肠道可培养的细菌多样性分析

高欢欢^{1, 2*} 吕召云² 翟一凡² 吴新颖¹ 刘倩² 王咏梅^{1**} 于毅^{2**}

1. 山东省葡萄研究院, 济南 250100; 2. 山东农业科学院植物保护研究所, 济南 250100

【目的】为了了解斑翅果蝇 *Drosophila suzukii* 和黑腹果蝇 *Drosophila melanogaster* 可培养的肠道细菌多样性。**【方法】**本研究将两种果蝇卵中、以及幼虫、蛹和成虫肠道中的可培养的细菌分别进行传统的分离, 统计菌落数量, 并利用 16srDNA 基因分析的方法鉴定。**【结果】**在两种果蝇的不同发育阶段中, 卵中的细菌数量最少, 而幼虫肠道中最多, 且斑翅果蝇中细菌的数量显著多于黑腹果蝇。两种果蝇共分离出 31 种细菌, 以变形菌门细菌为主。斑翅果蝇和黑腹果蝇中细菌的种类分别为 20 和 21 种, 其中相同种类的细菌为 13 种。斑翅果蝇肠道内比较稳定的细菌种类为弗氏柠檬酸杆菌 *Citrobacter freundii*、产酸克雷伯菌 *Klebsiella oxytoca*、金黄杆菌属 *Chryseobacterium sp.*、形赖氨酸芽孢杆菌 *Lysinibacillus fusiformis*, 黑腹果蝇肠道内比较稳定的细菌种类为醋酸菌 *Acetobacter thailandicus*、类芽孢杆菌 *Paenibacillus taichungensis*、雷氏普罗威登斯 *Providencia rettgeri*、摩氏摩根菌 *Morganella morganii*。**【结论】**不同发育阶段的斑翅果蝇和黑腹果蝇中细菌的数量和种类均有差别。本研究可为探索果蝇和共生菌之间的协同进化关系提供理论基础。

关键词: 斑翅果蝇, 黑腹果蝇, 肠道, 细菌, 多样性

基金项目: 资助项目 Supported projects: 山东省农业科学院农业科技创新工程 (CXGC2016B11, CXGC2016D01); 山东省现代农业产业技术体系果品产业创新团队。

*第一作者 (gaohuanhuan368@126.com)

**通讯作者 (wangym228@126.com; robertyuyi@163.com)

光照诱导烟蚜体色的转换

曾凌达 陈 翠 黄晓磊*

闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室，福建农林大学植物保护学院，福州 350002

视觉是捕食者和被捕食者之间交流的重要生态信号之一，昆虫体色也常与它们的生存策略发生关联。先前有研究发现豌豆蚜的体色表型由横向转移自真菌的基因以及体内的次级内共生菌 *Rickettsiell* 决定。对烟蚜 *Myzus persicae* 来说，即便同一个克隆也存在红色和绿色两种表型。根据野外调查发现，四月中红色型烟蚜占据主导地位，然而在六月则为绿色型为优势。我们假定光照强度或能够影响烟蚜红绿色型的转变。我们于福建农林大学烟田采集烟蚜并开展了室内实验，烟蚜被饲养在不同光照强度的烟草上。研究发现短日照能够明显促进绿色型烟蚜向红色型转变，暗示光照强度或许是影响烟蚜体色表型变化以及烟蚜与其他昆虫相互作用的一个重要因素。

关键词：生态性状，*Myzus persicae*，表型可塑性，物种关系

*通讯作者(huangxl@fafu.edu.cn)

自然生草和清耕对梨园天敌昆虫种群动态影响*

赵龙龙** 李庆亮 张未仲 胡增丽 周旭凌 刘朝红 韩凤 李捷***

山西省农业科学院果树研究所, 晋中太谷, 030815

【目的】随着安全农业的发展, 梨果生产逐渐趋于无公害、绿色化、有机方向发展, 传统农业中化学防治的方法正逐渐被生物防治等一些对环境无害的防治方法替代。如何利用梨园生态系统中自然天敌调控害虫的发生已成为本领域的重要研究课题之一。本研究调查了梨园清耕(干扰)、自然生草(未干扰)模式对梨园天敌昆虫种群动态的影响, 为生物防控梨园害虫提供依据。【方法】采用了黄板引诱, 扫网、相机采集等方式对清耕梨园、自然生草梨园中天敌昆虫种类, 数量进行了调查, 统计了 5-10 月份天敌昆虫的发生量以及发生动态, 通过 Shannon- Wiener、Simpson 多样性指数比较了两种模式下天敌昆虫的多样性情况。【结果】自然生草梨园中的天敌昆虫共有 26 科, 清耕梨园有 22 科, 自然生草梨园中天敌昆虫发生数量明显高于清耕梨园。统计结果显示自然生草梨园中天敌昆虫、中性昆虫、害虫数量比为 39:32:29, 清耕梨园中天敌昆虫、中性昆虫、害虫数量比为 33:31:36。对两种模式梨园中天敌昆虫多样性指数研究表明, 除 6 月份外, 生草梨园天敌昆虫的 Shannon- Wiener、Simpson 多样性指数均明显高于清耕梨园。综合 5-10 月份调查数据, 自然生草梨园中 Shannon- Wiener 和 Simpson 多样性指数为 1.876 和 0.790, 清耕梨园为 1.588 和 0.818。【结论】自然生草的梨园可明显增加天敌昆虫的数量和丰富度, 并对害虫形成明显的抑制作用, 有利于梨园生态系统平稳发展。综合本研究结果表明, 在梨园管理中, 尽可能减少对梨园生态系统的人为干扰, 或可通过兼作蜜源植物, 芳香植物等吸引有益昆虫提高其自然调控能力。

关键词 天敌昆虫, 清耕, 自然生草, 梨园, 种群动态

基金项目: 山西省农业科学院博士研究基金 (YBSJJ1608); 山西省农业科学院重点项目 (YZD1504)

*第一作者 (longlong5333@sina.com)

**通讯作者 (lijie303@yeah.net)

蚜虫和蚂蚁关系中蚂蚁触角的拍打行为及对蚜虫个体的选择

邹旭婷 Junaid Ali Siddiqui 黄晓磊*

闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建农林大学植物保护学院, 福州 350002

蚜虫和蚂蚁之间的共生关系一直以来引起了大量关注。蚂蚁触角的拍打行为是共生双方间最重要和最直接的物理接触。但截至目前, 我们并不了解在蚜虫和蚂蚁的共生关系中, 蚂蚁触角的拍打频率是否具有一定的模式。我们对亚热带地区在盐肤木上普遍共生的杧果蚜 *Aphis odinae* 和双齿多刺蚁 *Polyrhachis dives* 进行了调查研究, 结果表明双齿多刺蚁在觅食和防御阶段的触角拍打行为有不同的模式; 相对于成蚜, 蚂蚁更喜欢访问若蚜, 这可能是由于成蚜的自我保护能力更强。

关键词: 共生, 物种关系, 功能生态学, 杧果蚜, 双齿多刺蚁

*通讯作者 (huangxl@fafu.edu.cn)

甘蔗蓟马在不同甘蔗品种上空间分布型及理论抽样数

尹炯* 罗志明 黄应昆** 李文凤 张荣跃 王晓燕 单红丽 仓晓燕

云南省农业科学院甘蔗研究所, 开远 661699

【目的】甘蔗蓟马 *Fulmekiola serrata* Kobus, 别名蔗褐蓟马, 属缨翅目, 蓟马科, 是为害甘蔗的重要害虫之一。该虫主要为害甘蔗新叶和蔗叶尾部, 若虫和成虫群集于未展开的新叶内吸食汁液, 被害叶片未展开时略呈水渍状黄斑, 叶片展开后, 呈黄色或淡黄色斑块。为害严重时使蔗叶卷缩萎黄, 缠绕打结, 甚至干枯死亡, 影响叶片光合作用, 妨碍甘蔗生长并造成减产。据报道, 甘蔗蓟马为害在南非可造成甘蔗产量减少 18.0%~26.8%, 蔗糖减少 16.2%~24.0%, 损失相当严重。目前, 国内外学者对甘蔗蓟马的发生为害、种群动态、防治技术等方面进行了大量研究, 但对甘蔗蓟马种群空间分布格局的研究尚未见报道。研究昆虫种群的空间分布格局, 不仅有助于发展精确而有效的抽样技术, 而且对了解种群的数量、扩散行为和种群管理有一定的实际应用价值。为了解甘蔗蓟马在不同甘蔗品种上的种群空间分布型, 获得准确的田间调查资料, 提高甘蔗蓟马的预测及防治效果。**【方法】**2015年7月在云南省农业科学院甘蔗研究所第一科研试验基地, 采用五点取样法, 调查了新台糖 22 号、粤糖 93-159、粤糖 00-236、新台糖 25 号、闽糖 69-421、新台糖 16 号、新台糖 10 号、桂糖 11 号、福农 91-21 和德蔗 03-83 等 10 个甘蔗品种上甘蔗蓟马成虫和若虫数量, 利用 5 种聚集度指标、Iwao 回归分析法和 Taylor 幂法则测定了甘蔗蓟马的种群空间格局。**【结果】**甘蔗蓟马成虫和若虫在不同甘蔗品种上均以个体群形式存在, 个体间相互吸引; 其空间分布型均为聚集分布, 聚集强度随种群密度的升高而增加, 聚集原因是由于自身的生物学习性和环境因素共同作用引起的。利用 Iwao 回归分析法中的 α 、 β 参数计算出在允许误差范围内的理论抽样数。**【结论】**甘蔗蓟马在不同甘蔗品种上均呈聚集分布, 调查时应根据当地栽培品种平均虫口密度选择适宜的抽样数量。

关键词: 甘蔗蓟马, 空间分布型, 聚集分布型, 理论抽样数

基金项目: 云南省技术创新人才培养对象项目(2017HB085); 国家自然科学基金项目(31460477); 现代农业产业技术体系建设专项资金项目(CARS-20-2-2); 云南省现代农业产业技术体系建设专项资金项目。

*第一作者(yinjiiong@126.com)

**通讯作者(huangyk64@163.com)

不同抗性甘蔗品种对螟害垂直分布的影响

罗志明* 尹 炯 黄应昆** 李文凤 单红丽 王晓燕 张荣跃 仓晓燕

云南省农业科学院甘蔗研究所, 开远 661699

【目的】 昆虫的分布格局是昆虫种群在其生存空间中的自然表达, 是昆虫种群的重要属性之一, 由昆虫的遗传特性和生态环境条件所决定, 对害虫种群分布格局的研究, 不仅可以揭示害虫种群的空间结构状况, 还可以准确掌握害虫种群的发生规律和数量变化特征, 这对指导害虫监测预警及制定防控措施具有重要现实意义。**【方法】** 调查了自然种群接虫方式下的螟害蛀孔数, 应用统计学方法, 系统研究了 ROC10、桂糖 29 号、粤糖 93-159、云蔗 05-49 和 ROC22 等不同抗螟性甘蔗品种生长中后期螟害蛀孔垂直分布特点。**【结果】** 不同抗性甘蔗品种间螟害蛀孔数差异显著, 但垂直分布特征相似, 均呈单峰型分布。从分布位置来看, 螟害蛀孔分布于蔗茎地上部 14 节以内, 并主要集中于 4-9 节之间, 且螟害蛀孔峰值随品种抗螟性不同表现出差异, 其中抗螟性强的品种, 螟害蛀孔峰值出现在 4-5 节, 抗性螟性弱的品种螟害蛀孔峰值出现在 7-8 节。应用 Iwao 的 m^*-m 回归分析法, 将样本平均数 m 与平均拥挤度 m^* 进行线性回归, 得出回归方程 ($m^*=4.7522+1.3081m$, 相关系数 $r=0.9695$), 相关关系极显著。 $\alpha=4.7522>0$, 表明螟害蛀孔在甘蔗上的分布的基本成分是个体群, 个体间相互吸引; $\beta=1.3081>1$, 表明螟害蛀孔个体群在蔗茎上呈聚集分布。应用 Taylor 幂法则, 将样本平均数 m 与方差 S^2 的对数值计算出 Taylor 幂法则方程 ($\lg S^2=0.1276+1.8907\lg m$, $r=0.9605$), 相关关系极显著。 $\lg a=0.1802>0$, $b=1.5758>1$, 表明螟害蛀孔在甘蔗上的分布呈聚集分布, 抗螟性强品种聚集程度较抗螟性弱品种低。**【结论】** 不同抗性甘蔗品种螟害蛀孔在蔗茎上均呈单峰型聚集分布特征, 其基本成分是个体群, 个体间相互吸引, 且抗螟性强品种聚集程度较抗螟性弱品种低。螟害蛀孔峰值出现在 5-7 节, 抗性较强品种峰值出现较抗性弱品种早。

关键词: 甘蔗品种, 螟虫, 垂直分布, 统计方法

基金项目: 云南省技术创新人才培养对象 (2017HB085); 现代农业产业技术体系建设专项 (CARS-20-2-2); 云南省现代农业产业技术体系建设专项。

* 第一作者 (kylzm@163.com)

* 通讯作者 (huangyk64@163.com)

沟眶象和臭椿沟眶象成虫趋光行为研究

文 超 王 旭 季英超 谭诗蓓 张甘雨 温俊宝

北京林业大学林木有害生物防治北京市重点实验室, 北京 100083

【目的】 沟眶象和臭椿沟眶象是中国北方严重危害臭椿的害虫, 本文旨在获得沟眶象和臭椿沟眶象的敏感波谱范围, 为研制新一代专一性强的诱虫灯提供依据。**【方法】** 运用室内行为学的方法测定了沟眶象和臭椿沟眶象成虫对 8 种波长不同的 LED 光源的趋性, 并探究了性别、饥饿处理和光、暗经历对两种象虫成虫的趋光行为的影响。**【结果】** 沟眶象和臭椿沟眶象对同种波长的趋光指数无显著差异, 两种象虫对不同波长的光源的趋光指数有显著差异, 均对紫光 (400-405nm) 最敏感, 其次为蓝紫光 (420-430nm); 对红光 (650-660nm)、白光 (6000-6500k)、蓝绿光 (470-480nm)、黄光 (590-595nm)、蓝光 (450-455nm) 和绿光 (515-530nm) 的趋性较弱。性别对趋光行为有一定影响, 沟眶象雌虫对红光 (650-660nm)、黄光 (590-595nm) 的趋光指数显著高于雄虫, 雄虫对蓝紫光 (420-430nm) 和紫光 (405-410nm) 的趋光指数显著高于雌虫。臭椿沟眶象雌虫比雄虫更容易被紫光 (400-405nm) 吸引, 对其它 7 种波长光源的趋光性差异不显著。随着饥饿时间的增加, 两种象虫成虫对多个波长的光源的趋光指数先增加后减小, 多在饥饿处理后的第 2、3 天呈现最大。光、暗处理对害虫的趋光行为有显著影响。**【结论】** 本研究为监测和诱捕沟眶象和臭椿沟眶象的装置提供基础, 同样提供了一种防治这两种危害臭椿害虫的策略。

关键词: 沟眶象, 臭椿沟眶象, 趋光行为, 波长

沟眶象和臭椿沟眶象的生态位分离研究

季英超¹ 张甘雨¹ 钟 玮¹ 章译丹¹ 谭诗蓓¹ 李会娟¹ 潘 玲² 温俊宝¹

1. 北京林业大学 林学院, 北京 100083; 2. 宁夏灵武市灵武林业局, 灵武 751400

【目的】近缘种沟眶象 *Eucryptorrhynchus scrobiculatus* Motschulsky, 1854 和臭椿沟眶象 *E. brandti* (Harold), 1880 是危害我国乡土树种臭椿 *Ailanthus altissima* (Mill.) Swingle 的主要钻蛀性害虫。两种象虫能共存且混合发生, 共同危害单一寄主臭椿。因此, 本研究从生态位分离角度来探索这两种象虫的共存现象。**【方法】**1、随机选择 30 棵臭椿树, 在 07:00-23:00 调查两种象虫成虫的发生频次。2、利用 Levins 生态位宽度指数和 Pianka 生态位重叠指数计算两种象虫时间、空间和营养生态位宽度及重叠值。3、利用线性回归模型分析时间、空间和营养生态位分离对这两种象虫共存的重要性。**【结果】**1、沟眶象和臭椿沟眶象均在 11:00-14:59 内活动频次最高, 两种象虫的时间生态位宽度值是 3.96 ± 0.03 和 3.94 ± 0.03 , 时间生态位重叠值是 0.99 ± 0.01 。2、垂直空间: 沟眶象成虫趋向于分布在地面和臭椿树 > 250cm 的位置, 臭椿沟眶象成虫主要分布在臭椿树 0.1-50cm 和 >250cm 的位置。水平方向: 两种象虫成虫均趋向于分布在南面方向。沟眶象和臭椿沟眶象的垂直空间生态位宽度值是 2.89 ± 0.29 和 4.83 ± 0.08 , 垂直空间生态位重叠值为 0.71 ± 0.07 ; 两象虫水平方向生态位宽度值分别为 3.97 ± 0.05 和 3.92 ± 0.04 , 水平方向生态位重叠值为 0.98 ± 0.02 。3、沟眶象成虫趋向于取食一年生枝条、多年生枝条和复叶叶柄, 而臭椿沟眶象成虫趋向于取食树干; 沟眶象和臭椿沟眶象的营养生态位宽度值是 3.14 ± 0.11 和 1.07 ± 0.15 , 营养生态位重叠值为 0.09 ± 0.06 。4、两象虫共存的生态位分离线性回归公式为: $O = 0.675 + 0.679O_{tr} + 0.174O_{vs} + 0.06O_{cs} - 0.866O_{te}$ 。**【结论】**沟眶象和臭椿沟眶象成虫在空间和营养生态位存在明显分离现象, 时间生态位几乎不存在分离; 生态位分离对于沟眶象和臭椿沟眶象成虫共存的重要性依次为: 营养生态位分离 $O_{tr} >$ 垂直空间生态位分离 $O_{vs} >$ 水平方向生态位分离 $O_{cs} >$ 时间生态位分离 O_{te} 。

关键词: 沟眶象, 臭椿沟眶象, 共存, 生态位分离

温度对金纹细蛾生活史的影响及其种群动态模型的建立

耿书宝 鄭哲義

(Department of Bioresource Sciences, Graduate School, Andong National University, Andong, 36729, Republic of Korea)

【目的】 研究温度对金纹细蛾 (*Phyllonorycter ringoniella*) 生活史的影响, 建立种群动态模型, 预测金纹细蛾的田间发生动态, 从而制定害虫防治策略。**【方法】** 在不同恒温下, 本文对金纹细蛾越冬蛹、卵、幼虫和蛹的生长发育及成虫的产卵进行研究。以累积有效日度为自变量, 用 Weibull 方程拟合金纹细蛾越冬蛹的累积羽化率。用线性和非线性模型模拟各个龄期的发育速率, 将 Weibull 方程和非线性模型结合, 构建卵、幼虫、蛹和整个未成熟期的阶段发育模型。利用成虫老化模型、总产卵模型、特定年龄产卵模型和特定年龄生存模型构建成虫的产卵模型。**【结果】** 从卵到蛹的整个未成熟时期, 发育时间与温度负相关; 发育时间从 13.3°C 的 76.4 天减少到 26.1°C 的 25.9 天。在高温 35.0°C 下, 卵、幼虫和蛹均不能成活。温度不影响 1:1 的性比, 但对成虫寿命和产卵量有显著影响。雌成虫平均寿命范围为 6.3 天 (32.3°C) 至 18.3 天 (15.6°C), 单雌平均产卵量为 9.9 个卵 (32.3°C) 至 65.2 个卵 (15.6°C)。越冬蛹的发育起点温度和有效积温分别是 7.06°C 和 307.6 日度。卵、幼虫、蛹和整个未成熟期的发育起点温度分别是 6.7、6.7、9.6 和 7.1°C; 有效积温分别为 93.5、286.5、94.6 和 480.1 日度。在 11 种非线性模型中, Lactin-1 模型对卵的发育速率拟合最好, Briere-1 模型对幼虫、蛹和整个未成熟期的发育速率拟合最好。**【结论】** 本文首次详细研究了金纹细蛾种群的温度相关模型。金纹细蛾的种群动态模型由春季成虫羽化模型、未成熟阶段发育模型和成虫产卵模型组合而成。此模型能帮助预测苹果园金纹细蛾种群发生动态, 从而提供有效的防治策略。

关键词: 金纹细蛾, 种群模型, 模拟, 物候, 害虫管理

五种天然食物对桃蛀螟生长发育和繁殖的影响

陈公敏* 王荣成 王云鹏 尹萍 徐清芳 孟凡征 高原 林小璐 郑方强**

山东农业大学植物保护学院昆虫学系, 泰安, 271018

桃蛀螟 *Conogethes punctiferalis* (Guenée) 属鳞翅目草螟科 (Lepidoptera: Crambidae), 是多种果树 (板栗、石榴、桃、山楂等)、大田农作物 (玉米)、经济作物 (如向日葵) 和林木的重要害虫。近年来, 由于农业产业结构的调整、气候变化和疏于防治或防治失利等因素的影响, 在国内许多地区发生危害逐年加重, 尤其为害玉米越来越严重, 且带来严重的穗腐病和相继的玉米安全生产问题。本试验运用两性生命表理论和技术研究了桃蛀螟取食 5 种天然食物的种群生命特征, 旨在明确食物因素对该害虫生长发育和生殖的影响, 以探明该害虫发生的内禀机制, 为该害虫种群的监测预警和科学治理提供可靠理论依据, 同时也为该害虫其他生态学特性的研究提供重要基础数据。主要研究结果如下:

在室内温度 $25^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ 、相对湿度 $70\% \pm 5\%$ 条件下, 桃蛀螟饲喂玉米、板栗、葵花籽、山楂和苹果 5 种天然食物, 卵和成虫的发育历期差异不显著; 其幼虫的发育历期差异显著, 发育历期分别为 15.05d、15.67d、20.30d、21.44d 和 28.40d; 平均世代周期 (T) 分别为 34.84d、36.06d、42.26d、40.85d 和 48.12d; 平均蛹重差异显著, 分别为 74.22mg、69.88mg、71.59mg、46.80mg 和 33.06mg; 生殖力差异显著, 平均单雌产卵量分别为 294.35 粒、282.31 粒、105.55 粒、70.52 粒和 19.21 粒; 净生殖率 (R_0) 分别为 147.00、134.52、30.31、29.88 和 8.63; 内禀增长率 (r) 分别为 0.1424 d^{-1} 、 0.1358 d^{-1} 、 0.0804 d^{-1} 、 0.0830 d^{-1} 和 0.0446 d^{-1} ; 周限增长率 (λ) 分别为 1.1530 d^{-1} 、 1.1455 d^{-1} 、 1.0837 d^{-1} 、 1.0672 d^{-1} 和 1.0457 d^{-1} 。以上实验结果表明, 玉米和板栗为桃蛀螟生长发育和生殖的适宜寄主, 其次为葵花和山楂, 苹果不是其适宜的寄主。从理论上阐明了近 20 多年来桃蛀螟在玉米上发生危害严重的原因。

关键词: 桃蛀螟, 寄主食物, 两性生命表, 生命参数

基金项目: 国家重点研发计划 粮食丰产增效科技创新项目“五大种植模式区水稻、小麦、玉米主要病虫害的发生规律”(课题编号 2016YFD0300701) 中“粮食主产区主要病虫害发生及其绿色防控关键技术”子项目资助。

*第一作者: 陈公敏, 男, 硕士研究生, 研究方向: 昆虫生态与害虫综合治理

**通讯作者 (fqzheng@sdau.edu.cn)

金银花害虫与天敌群落结构特征研究

李少华^{1*} 王云鹏¹ 尹萍¹ 王荣成¹ 曹文文¹ 王建华^{2**} 郑方强^{1**}

1. 山东农业大学植物保护学院昆虫学系, 泰安 271018; 2. 山东农业大学农学院, 泰安 271018

金银花又名忍冬, 为多年生半常绿缠绕及匍匐茎灌木, 是我国的名贵中药材。近年来, 金银花害虫发生危害严重, 药农由于不了解害虫及天敌发生状况, 经常不科学或滥用杀虫剂, 造成金银花中有毒物质残留严重超标, 不仅影响了出口创汇, 而且危害了消费者的健康。为明确金银花发生的害虫及天敌种类和发生状况, 我们对山东农业大学中草药园(园内不施任何化学农药)金银花上的害虫及天敌群落进行调查, 以明确害虫及天敌的优势种和金银花昆虫的群落结构特征, 为科学防治金银花害虫和保护自然天敌提供理论依据。

本研究通过抽样调查, 共发现金银花昆虫(包括蜘蛛、螨类和软体动物)59种。物种丰富度总体呈上升趋势, 期间波动较大, 在6月10日(23种)、7月8日(27种)和8月12日(29种)物种丰富度高。从4月22日至5月7日, 其优势种为胡萝卜微管蚜 *Semiaphis heraclei*, 优势度指数分别为0.896、0.951和0.943; 5月13日优势种为异色瓢虫 *Harmonia axyridis*, 优势度指数为0.500。5月20日优势种为金银花叶蜂 *Arge similis* 和三突花蛛 *Misumenops tricuspoidatus*, 两者的优势度指数均为0.286。5月27日至6月24日优势种为金银花尺蠖 *Heterolocha jinyinhuaphaga*, 其优势度指数分别为0.205、0.464、0.267、0.321和0.445, 数量高于其他昆虫, 其中6月10日天敌的优势种为龟纹瓢虫 *Propylaea japonica* 和中华通草蛉 *Chrysoperla nipponensis*, 优势度指数分别为0.143和0.139; 6月24日天敌的优势种是广斧螳 *Hierodula petellifera*, 优势度指数为0.155; 7月1日优势种为大青叶蝉 *Cicadella viridis*, 其优势度指数为0.186。从7月8日到8月5日, 优势种为金银花尺蠖, 优势度指数分别为0.306、0.599、0.664、0.809和0.401, 其中7月30日, 金银花尺蠖数量达到最高峰, 共310头。8月12日优势种为烟粉虱 *Bemisia tabaci*, 优势度指数为0.395。通过调查发现, 危害金银花的优势种是金银花尺蠖, 其取食叶片形成缺刻与孔洞或将叶片蚕食一空, 严重时, 将整株叶片吃光, 导致金银花树势衰弱, 严重威胁金银花的发育和产量。该害虫的天敌除了蜘蛛以外, 尚无有效的天敌控制其危害, 也是该害虫发生重的原因之一。

Shannon 群落多样性指数在5月7日最低, 为0.3991, 从5月13日至7月15日呈上升趋势, 多样性指数在1.9592~3.8376之间变化, 因降雨7月30日多样性指数下降明显, 随后又呈上升趋势。群落均匀度与群落多样性指数的变化趋势相似。

关键词: 金银花, 昆虫群落, 优势种, 金银花尺蠖, 群落多样性

基金项目: 山东省现代农业产业技术体系 中药材病虫害防控与质量安全岗位(SDAIT-20-04)。

*作者简介: 李少华, 男, 硕士研究生, 从事昆虫生态与害虫治理方面的研究。

**通讯作者(jhwangjh@163.com; fqzheng@sdau.edu.cn)

爱玉子传粉蜂对寄主榕果挥发物的行为反应

吴怡凌¹ 宋天宇¹ 杨升¹ 吴文珊¹ 陈友铃^{1*} 周莲香² 曾喜育³

1. 福建师范大学生命科学学院, 福州 350117; 2. 台湾大学生态学与演化生物学研究所, 台北 10617; 3. 台湾中兴大学森林与自然资源学系, 台中 60004

爱玉子 (*Ficus awkeotsang*) 为雌雄异株桑科榕属植物, 爱玉子传粉小蜂 (*Wiebesia pumilae*) 与爱玉子建立了专性共生关系, 寄主榕果挥发物在维系传粉小蜂与其寄主的共生关系上起着重要作用。本研究利用 Y 型嗅觉仪 (1) 测定了爱玉子传粉蜂对爱玉子雌花期雌、雄榕果挥发物的行为反应, 结果表明: 爱玉子雌花期雌、雄花序挥发物对爱玉子传粉蜂均有极显著的吸引作用 ($c^2=72.900, P=0.000; c^2=92.564, P=0.000$), 此外, 爱玉子雌花期雌、雄花序挥发物对爱玉子传粉蜂的吸引作用无显著差异 ($c^2=0.047, P=0.828$), 由此说明爱玉子雌花期雌、雄花序挥发物成分可能存在相似性, 爱玉子传粉蜂对雌、雄花序之间的选择可能不存在偏向性。(2) 爱玉子传粉蜂对传粉 (或产卵) 5 天后的爱玉子雌、雄榕果挥发物产生趋避行为, 表明花序被传粉或产卵后其挥发物的浓度或组成发生改变, 从而改变了对传粉小蜂的吸引作用。(3) 榕果挥发物浓度影响爱玉子传粉蜂的行为反应, 爱玉子雌花期雌、雄榕果挥发物对其传粉小蜂的吸引作用均可能存在阈值反应, 即榕果挥发物浓度未超过阈值时, 雌花期榕果挥发物对传粉小蜂的吸引作用与挥发物浓度成正相关关系, 而一旦超过阈值, 榕果挥发物对传粉蜂的吸引作用显著下降, 表明寄主榕果挥发物浓度影响传粉小蜂的寄主定位;(4) 爱玉子和薜荔互为变种与原变种的关系, 爱玉子传粉小蜂和薜荔传粉小蜂互为隐存种。爱玉子传粉小蜂对低浓度薜荔雌花期雌 (雄) 榕果挥发物、薜荔传粉小蜂对低浓度爱玉子雌花期雌 (雄) 榕果挥发物均既无趋向也无驱避行为; 爱玉子传粉小蜂对高浓度薜荔雌 (雄) 雌花期榕果挥发物表现为显著的趋向行为, 而薜荔传粉小蜂对高浓度的爱玉子雌花期雌 (雄) 榕果挥发物表现为显著的驱避行为, 因此, 薜荔传粉小蜂与爱玉子传粉小蜂存在寄主专一性不对称现象, 爱玉子传粉小蜂进入薜荔雌 (雄) 果内传粉或产卵的可能性较大, 而福州地区的薜荔传粉小蜂可能难以进入爱玉子雌 (雄) 果内传粉或产卵。本研究结果将为榕-蜂共生体系的化学生态学理论研究以及爱玉子栽培提供科学依据。

关键词: 雌雄异株, 雌花期, 变种, 隐存种, Y 型嗅觉仪

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31270440); 福建师范大学大学生创新训练计划项目。

*通讯作者

山东茶园茶新折缘叶蝉形态和生物学研究

张 艳* 李程锦 唐天成 陈珍珍 许永玉**

山东农业大学植物保护学院, 山东泰安 271018

茶新折缘叶蝉 *Neovulturnus testacea* (Kuoh), 同翅目叶蝉科新折缘叶蝉属, 是近几年在山东各茶区新发现且危害较为严重的茶园害虫。该叶蝉在山东茶区一年发生 3~5 代, 在田间 (7~9 月份) 完成一个世代需要 65.43 ± 0.57 d, 世代重叠严重。第一代若虫于 2 月中旬在棚内开始活动, 最后一代在 10 月下旬进入越冬。该叶蝉共 4 个龄期, 龄期的划分可根据若虫的体长及翅芽是否显露来区分: 1 龄体长 1.0~1.4mm, 初孵若虫乳白色后渐变为黑色, 头、胸、腹部背面出现白色斑点, 无翅芽; 2 龄体长 1.3~2.4mm, 翅芽显露、头、胸背面淡黄褐色, 密布深褐色网状纹伴有黑色斑点; 3 龄体长 2.3~3.6mm, 翅芽显露明显, 随着虫龄的增加, 体色逐渐透红, 胸、腹部密布深褐色网状纹, 伴有黑色斑点, 腹部末端逐渐变为白色; 4 龄体长 3.5~4.1mm, 翅芽伸达腹部末端, 胸、腹部背面密布深褐色网状纹, 伴有黑色斑点, 腹部末端变为白色。成虫雌、雄可以根据叶蝉的体长、体色不同进行辨别, 雌成虫体长 4.2~4.3mm, 颜色为淡黄褐色, 雄成虫体长 3.8~4.0mm, 颜色为灰褐色, 密布黑褐色网状纹。成虫羽化后需要补充营养, 产卵前期为 16.26 ± 0.26 d。卵多产在茶树中上部叶片的上表皮内, 初产时能看到椭圆形凸起, 随着卵慢慢发育, 卵痕颜色逐渐变为黑褐色; 卵散产, 椭圆形, 约 1mm, 每雌可产卵 45 粒左右。雌成虫寿命明显高于雄成虫。

茶新折缘叶蝉成、若虫喜栖于叶片正面叶脉处危害, 正午常栖于背阴处或叶背休息, 喜飞善跳, 有较强的趋嫩、趋光、趋黄性。成、若虫主要刺吸茶叶的嫩梢、嫩芽及芽下嫩叶, 危害初期会在嫩梢、嫩芽上形成空洞, 待嫩梢、芽展开后会在叶片上形成不规则的空洞并逐渐变为黄褐色, 空洞周围有瘤状凸起; 该叶蝉长时间危害芽下嫩叶同一部位时, 受害部位及周围会先变黄后变褐, 影响茶叶的产量和品质。

关键词: 茶新折缘叶蝉, 发育历期, 形态特征, 危害症状

注: 茶新折缘叶蝉, 由西北农林科技大学戴武教授鉴定确定种名。

基金项目: 山东省茶产业技术体系 (SDAIT-19-04)。

*作者简介: 张艳 (1993~), 山东潍坊人, 硕士研究生, 研究方向昆虫生理生态 (m18264893909@163.com)

*通讯作者 (xuyy@sdau.edu.cn)

斑翅果蝇在辽宁省发生的初步报道

刘佩旋* 郑雅楠**

沈阳农业大学 林学院, 沈阳 110866

斑翅果蝇 (*Drosophila suzukii* Matsumura) 是一种危害树莓、蓝莓、樱桃等软皮水果的危险性害虫。近年来, 随着辽宁省小浆果种植面积不断增加, 该害虫对辽宁省小浆果产业具有巨大的潜在危险性。本研究于 2016 年 6 月-10 月在辽宁省沈阳、瓦房店、凤城、法库和抚顺地区的栽培田地和野生林地, 采用诱捕法和人工采集法对斑翅果蝇的分布及发生情况进行调查。

调查结果表明斑翅果蝇在辽宁省部分地区有分布, 并对当地的树莓、樱桃、蓝莓等栽培鲜果和野生鲜果造成了不同程度的危害。诱捕成虫的调查显示, 斑翅果蝇成虫在四个调查地点的相对丰度依次是法库 (29.37%)、凤城 (28.06%)、沈阳 (13.53%) 和瓦房店 (5.68%), 相对丰度均低于 30%, 不属于优势种群; 斑翅果蝇成虫的周平均诱捕量从高到低依次为凤城 (49.90)、法库 (38.98)、瓦房店 (10.17) 和沈阳 (6.90); 斑翅果蝇成虫在各调查地点的诱捕数量均随时间的变化呈先上升后下降的趋势, 而且斑翅果蝇成虫的诱捕数量达到峰值的时间依次是沈阳 (7 月 18 日-24 日)、凤城 (7 月 25 日-31 日)、瓦房店 (8 月 1 日-7 日) 和法库 (8 月 8 日-14 日), 均为该地区栽培鲜果的成熟期。采摘鲜果的调查显示, 在树莓、蓝莓和樱桃鲜果中均发现了斑翅果蝇幼虫, 其中树莓鲜果里斑翅果蝇幼虫的数量最多, 樱桃鲜果里斑翅果蝇幼虫的数量最少。从调查时间来看, 在树莓的整个生长周期都在树莓鲜果中发现了斑翅果蝇幼虫, 而且鲜果中斑翅果蝇蛹的数量随时间的变化呈先上升后下降的趋势; 而樱桃和蓝莓中发现斑翅果蝇幼虫的时间仅在鲜果成熟后期。与此同时, 在野生鲜果 (野生黑莓、野生树莓、忍冬和软枣子猕猴桃等) 中也发现了斑翅果蝇幼虫。

关键词: 斑翅果蝇, 蓝莓, 树莓, 樱桃, 发生, 分布

基金项目: 沈阳市国家级科技思想库决策咨询课题 (Sxk-201471P)。

*第一作者 (liupeixuan91@163.com)

**通讯作者 Tel: 18640403865 (rockyya@163.com)

红棕象甲交配行为研究

纪田亮^{1, 2*} 王禹^{1, 2} 黄斌^{1, 2} 侯有明^{1, 2**}

1. 福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福州 350002; 2. 福建省昆虫生态重点实验室, 福州 350002

【目的】红棕象甲 *Rhynchophorus ferrugineus* (Oliver) 是一种近年来入侵我国的棕榈科植物害虫, 给我国棕榈科产业造成了严重的危害。在室内饲养的过程中发现红棕象甲成虫多次交配现象极为普遍, 本文分析多次交配行为是如何影响其繁殖适应性? **【方法】**利用昆虫行为监测系统记录红棕象甲雌雄成虫的交配行为和交配节律。设置交配 1 次、5 次、10 次、15 次、20 次和不限次数 (大于 20 次) 共计 6 个不同交配次数梯度, 阐明多次交配与雌性适合度的互作效应。**【结果】**红棕象甲成虫交配行为主要包括相遇和交配两个阶段, 其中一次完整的交配主要有示爱、抱对、插入和配后保护 4 个步骤, 但不是每一次交配完成后都存在配后保护的现象。一次完整的交配持续时间为 54.32 ± 4.26 s, 交配多发生在 9:00-11:00 和 17:00-20:00 这两个时间段。多次交配能够显著提高雌虫的生殖适合度, 主要表现为有效产卵前期缩短、产卵历期延长、产卵量和卵孵化率升高以及雌、雄成虫的寿命延长等。交配 20 次有效产卵前期最短, 为 2.07 ± 0.17 d。不限次数交配组产卵量最高, 为 255.8 ± 8.8 粒, 有效产卵历期最长, 为 107.0 ± 3.4 d, 卵孵化率最高, 为 85.6 ± 0.1 %。交配 20 次和不限次数组的雌虫寿命最长, 且不存在显著性差异, 分别为 124.0 ± 2.9 d 和 130.6 ± 3.0 d。交配 10 次的雄虫寿命最长, 达到 131.7 ± 5.3 d。**【结论】**红棕象甲成虫交配行为具有特定的交配流程, 交配存在显著的节律。不同交配次数能够显著提高雌虫的生殖适合度, 雌虫能够在多次交配中获得生殖上的受益。

关键词: 红棕象甲, 交配行为, 多次交配, 繁殖适合度

基金项目: 国家重点研发计划 (2017YFC1200605); 国家自然科学基金项目 (31470656)。

*第一作者 (276353376@qq.com)

**通讯作者 (ymhou@fafu.edu.cn)

低温臭氧处理对草莓常见害虫的熏蒸活性

武 超¹ 王文君¹ 王振华² 蔡万伦¹

1. 华中农业大学, 武汉 430070; 2. 湖北出入境检验检疫局, 武汉 430050

水果疫情的除害处理是检疫处理的难题, 检疫处理不仅要考虑杀死有害生物, 还要考虑不影响水果的品质和风味。草莓水果采用冷藏运输, 在口岸很易检出有害生物的卵或幼虫。为了在草莓进出口贸易中建立一种高效的替代溴甲烷熏蒸的检疫处理技术, 本文研究了臭氧低温处理对主要草莓害虫的控制效果和效率。以臭氧作为熏蒸剂, 在不同低温条件下 (2, 4℃) 设置不同剂量, 对草莓上主要害虫 (桃蚜 *Myzus persicae* (Sulzer)、朱砂叶螨 *Tetranychus cinnabarinus* (Boisduval)、一种立毛属蚂蚁 *Paratrechina spp.*) 进行室内熏蒸毒力测定。结果表明, 三种草莓害虫 2h 的 LC₅₀ (LC₉₉) 分别为 1.60 (3.83) 和 1.97 (4.25) mg/L、0.41 (4.16) 和 0.36 (8.64) mg/L、2.08 (23.69) 和 2.67 (21.90) mg/L (依次为桃蚜、朱砂叶螨、蚂蚁在 2 和 4℃数据)。在 4℃环境下, 利用 200ppm (0.43mg/L) 臭氧熏蒸, 桃蚜的 LT₅₀ 和 LT₉₉ 分别为 10.48 和 196.28h, 朱砂叶螨分别为 0.69 和 5.08h, 蚂蚁为 16.56 和 174.75h。综上所述, 臭氧处理有可能出现在草莓上的所有有害生物, 唯一途径就是提高臭氧处理浓度尽可能降低储藏温度。

关键词: 熏蒸活性, 草莓, 臭氧, 桃蚜, 朱砂叶螨, 蚂蚁

臭椿沟眶象产卵行为的观察

张甘雨 季英超 温晓健 文超 谭诗蓓 李会娟 温俊宝

北京林业大学林学院, 北京 100083

【目的】臭椿沟眶象是我国林业上一种检疫性枝干害虫, 主要危害臭椿及变种千头椿。开展其产卵行为的研究, 有利于揭示其行为发生和发展的规律, 为该害虫的综合防治提供新的思路。**【方法】**用配有微距镜头的摄像机记录臭椿沟眶象怀卵雌虫的整个产卵过程, 对产卵过程中的特定行为进行详细的观察和时间记录。将成功产卵的雌虫的钻孔时间与未成功产卵雌虫的钻孔时间进行对比。**【结果】**(1) 臭椿沟眶象的产卵行为流程为: 远距离搜寻、近距离定位、钻孔(喙的插入和刺探)、兴奋、调转、寻找产卵孔、产卵和休息;(2) 怀卵雌虫主要在白天进行产卵, 产卵过程中制造产卵槽即钻孔这一行为花费时间最多, 当钻孔时间超过 28min 时, 即认为该怀卵雌虫极有可能在之后的时间内产卵;(3) 雌虫钻孔结束准备产卵时在调转身体方向这一选择上没有明显偏好性, 向左或向右具有随机性。**【结论】**首次报道了臭椿沟眶象的完整产卵行为过程; 怀卵雌虫的钻孔时间与产卵成功与否具有相关性, 在臭椿沟眶象产卵高峰期可根据其钻孔时间来预测该虫的产卵成败; 臭椿沟眶象只在白天进行产卵的生物学现象对其野外防治有一定的参考价值。

关键词: 臭椿沟眶象, 产卵, 行为, 臭椿

林业入侵害虫中对长小蠹 *Euplatypus parallelus* 在我国首次发现

李 猷¹ 殷 涛² 季英超³ 殷明亮⁴ Jiri Hulcr¹

1. University of Florida, Gainesville, Florida, USA 32603; 2. 海南大学, 海南海口 570228; 3. 北京林业大学, 北京 100083;
4. 华南农业大学, 广州广东 510642

【目的】中对长小蠹 *Euplatypus parallelus* 是国际重要林业害虫, 同时也被列入《中华人民共和国进境植物检疫性有害生物名录》。中对长小蠹起源于中南美洲, 近些年入侵到非洲和东南亚, 在印度尼西亚和泰国造成印度紫檀 *Pterocarpus indicus* 大量死亡。2016年10月, 我们在海南儋州进行橡胶林害虫调查时候, 首次发现中对长小蠹。为进一步了解其在我国海南的扩散分布情况和其共生真菌, 开展了下述研究。**【方法】**1、利用诱木、灯诱等方法在海南岛各地区收集中对长小蠹; 2、利用马铃薯葡萄糖琼脂培养基来分离培养中对长小蠹的共生真菌; 3、通过共生真菌 LSU 基因的序列测定, 进行真菌鉴定。**【结果】**1、在海南3个市的7个地点采集到中对长小蠹; 2、中对长小蠹是蛀干害虫, 钻蛀为害植物木质部; 修筑虫道时, 在虫道内种植真菌, 并以这些真菌为食; 在口腔和虫道内分离到的主要真菌为长喙壳菌目 Ophiostomatales 的 *Raffaelea* sp.、*Raffaelea* cf. *xyleborina* 和裂殖酵母目 Saccharomycetales 的 *Ambrosiozyma monisproa*。**【结论】**这是我国境内首次发现中对长小蠹, 该害虫已经在海南岛定殖扩散, 但暂时未在大陆发现。其主要危害树木主干, 发生十分隐蔽, 其传播的 *Raffaelea* 真菌是重要的植物病菌, 在日本和韩国, 两种长小蠹 *Platypus quercivoru* 和 *Platypus koryoensis* 分别携带的 *Raffaelea quercivora* 和 *Raffaelea quercus-mongolicae* 造成了当地栎树大量枯萎死亡。栎树在我国分布范围很广泛, 是具有很高经济价值的树木资源。中对长小蠹在我国的发生和生物学研究报道较少, 急需在未来开展进一步研究。

关键词: 共生真菌, 长喙壳菌, 分布, 海南, 检疫

红火蚁土壤搬运行为

秦文权* 温秀军** 王 偲**

华南农业大学，林学与风景园林学院，广东省森林植物种质创新与利用重点实验室，广州 510642

【目的】此前的研究中我们观察到红火蚁搬运土壤颗粒掩埋食物，然而土壤搬运行为的模式及与觅食行为的关系尚不清楚。【方法】将室内饲养的红火蚁进行饥饿或饱食处理，并通过高清摄影技术观察两种情况下红火蚁的土壤搬运及觅食行为。【结果】当处于饥饿状态下，红火蚁迅速取食食物，几乎没有发现搬运土壤颗粒掩埋食物的行为。而红火蚁处于在饱食状态时，土壤颗粒搬运量显著高于饥饿条件下的红火蚁。此外，我们通过视频观察，发现饱食状态下红火蚁首先搬运小颗粒(1.51 ± 0.10) mm^2 到食物边缘，当边缘布满土粒后，土粒被搬运至食物表面(1.26 ± 0.06) mm^2 或四周(2.06 ± 0.08) mm^2 。在野外，红火蚁表现出活跃的颗粒搬运与觅食行为，然而颗粒仅被搬运到食物周围。【结论】结果表明红火蚁土壤搬运行为与觅食行为密切相关。

关键词：红火蚁，饥饿，饱食，搬运，掩埋

基金项目：广东省大学生科技创新培育专项资金（“攀登计划”专项资金，pdjh2017a0074）。

*第一作者（qinwenquan@stu.scau.edu.cn）

**通讯作者（wenxiujun@scau.edu.cn; wangcai@scau.edu.cn）

水椰八角铁甲表皮碳氢化合物在不同性别与日龄上的动态变化研究

向海军* 黄 斌 侯有明**

福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建省昆虫生态重点实验室, 福州 350002

水椰八角铁甲 *Octodonta nipae* (Maulik) 是一种严重为害我国南方棕榈科植物的检疫性害虫, 其具有种群聚集、世代重叠及寄主较广等习性, 对园林景观危害巨大。表皮碳氢化合物作为近距离接触性信息素在水椰八角铁甲自身雌雄识别与生殖状态区分中扮演着重要的化学信号作用。本文为明确这种化学信息素在不同性别与日龄上的动态变化, 利用化学浸泡法并结合气相色谱—质谱联用技术对水椰八角铁甲整虫表皮碳氢化合物的相对含量与绝对含量进行了差异分析。结果如下: 1. 雌雄均含有 28 种表皮碳氢化合物。其中正构烷烃 13 种, 包括: n-C18、n-C19、n-C20、n-C21、n-C22、n-C23、n-C24、n-C25、n-C26、n-C27、n-C28、n-C29、n-C30; 正构烯烃 6 种, 包括: (3Z)-C17ene、1-C18ene、1-C19ene、(1Z)-C20ene、(10E)-C21ene、(1Z)-C22ene; 单甲基烯烃 1 种, 5-Me-(5Z)-C22ene; 单甲基烷烃 4 种, 包括: 8-Me-C17ane、3-Me-C18ane、2-Me-C19ane、10-Me-C20ane; 多甲基烷烃 1 种, 2, 6, 10, 15-Tetramethyl-C21ane; 环烷烃 3 种, 包括: Cyclotetracosane、Cyclooctacosane、Cyclotriacontane。2. 单头水椰八角铁甲表皮碳氢化合物绝对含量雄性均显著高于雌性, 相对含量(非面积化一法求得的单一碳氢化合物占总出峰化合物之比) 雄性均显著高于雌性。3. 羽化 1d、5d、10d、15d(完全性成熟) 日龄的雌雄水椰八角铁甲表皮碳氢化合物的绝对含量均呈现先下降后上升趋势, 在 10d 日龄处于最小值; 相对含量在 1d 与 5d 之间、10d 与 15d 之间均无显著性差异, 10d 较 5d 有显著性升高。结论: 1. 雌雄表皮碳氢化合物的绝对含量与相对含量差异可以充当水椰八角铁甲雌雄识别的化学信号之一, 这种信号与表皮碳氢化合物的种类无关。2. 水椰八角铁甲在性成熟之前随着日龄增加其表皮碳氢化合物的合成量递减, 而在完全性成熟期合成量显著增加。这可能存在物质合成成本与生殖投入之间的权衡, 说明表皮碳氢化合物合成与雌雄繁殖适合度之间具有一定的相关性。

关键词: 水椰八角铁甲, 表皮碳氢化合物, 气质联用仪, 雌雄识别, 繁殖适合度

基金项目: 国家自然科学基金项目(31471829)和国家重点研发计划(2017YFC1200605)。

*第一作者(825163739@qq.com)

**通讯作者(ymhou@fafu.edu.cn)

入侵杂草薇甘菊诱导下台湾乳白蚁的代谢产物分析

吴文静 杜 贺 李志强*

广东省生物资源应用研究所, 广州 510260

【目的】白蚁能够高效降解转化木质纤维素, 而且具有较高的营养与保健价值。利用外来恶性杂草薇甘菊 *Mikania micrantha* 作为食料, 研究白蚁对其短期的代谢应答, 探索薇甘菊的无害化利用及台湾乳白蚁资源化利用。**【方法】**将薇甘菊晒干压制成饼状喂食台湾乳白蚁 *Coptotermes formosanus*, 运用气相色谱飞行时间质谱联用 (GC-TOF-MS) 的代谢组学非靶标检测技术, 检测分析了取食薇甘菊与松木的白蚁样品之间的代谢产物, 对差异代谢物进行了 KEGG 分析、代谢通路分析和层次聚类分析。**【结果】**台湾乳白蚁均可正常取食薇甘菊饼与松木粉饼, 但是在 OPLS-DA 得分图中, 喂食薇甘菊与松木的样品被明显分开。检测鉴定出有显著差异的稳定代谢产物 63 种, 主要为有机酸类、糖类、嘧啶核苷类、TCA 中间产物、氨基酸类 6 类, 薇甘菊诱导明显促进了台湾乳白蚁体尿苷、内丝氨酸、苯基丙氨酸、丙酮酸、硬脂酸、棕榈酸、肌醇、乳糖等的积累。通路的富集分析和拓扑分析显示, 半乳糖通路、TCA 循环通路、嘧啶通路 3 类为最密切相关的通路。**【结论】**构建的代谢轮廓很好地反映了台湾乳白蚁利用恶性杂草薇甘菊的代谢适应性, 获得的显著差异的代谢物为台湾乳白蚁进一步资源化利用提供了参考。

关键词: 台湾乳白蚁, 薇甘菊, 代谢谱

基金项目: 广东省科学院科技发展专项 (2017GDASCX-0107)。

*通讯作者 (lizq@giabr.gd.cn)

白蚁多样性对澳门城市化不同干扰程度森林生境的响应

张世军 杜 贺 李志强*

广东省生物资源应用研究所, 广州 510260

【目的】 澳门快速的城市化进程导致城市森林生境不同程度的破坏, 白蚁对生态环境变化敏感, 但它对城市森林生境干扰的生物指示作用的研究报道较少。本研究分析了澳门不同城市化梯度的森林白蚁多样性, 探讨白蚁多样性对澳门城市森林干扰的生态指示功能。**【方法】** 基于白蚁标准化快速样带取样法, 沿着澳门半岛、氹仔岛、路环岛城市化水平由高到低的梯度, 丰水期和枯水期的白蚁物种多样性、功能群多样性特征进行了研究。**【结果】** 共调查获得白蚁 599 个群体, 隶属 3 科 6 种和 3 个功能群。仅白蚁相对丰度和均匀度指数可将澳门路环岛显著区别于澳门半岛和氹仔岛, 城市化干扰最强的澳门半岛森林白蚁的相对丰度最高, 均匀度最低。基于功能群的分析显示, 培菌性白蚁 (Fungus-growing termites) 相对丰度能显著区分三个城市化干扰程度不同的森林生境。**【结论】** 澳门白蚁丰富度较低, 城市化干扰显著提高了白蚁相对丰度, 但其中腐食性白蚁相对丰度则降低。白蚁相对丰度, 特别是培菌性白蚁群的相对丰度, 对澳门森林生境城市化干扰强度具有潜在的指示作用。

关键词: 白蚁, 生物多样性, 城市化, 澳门, 生态指示

基金项目: 国家自然科学基金 (31172163)。

*通讯作者 (lizq@giabr.gd.cn)

土壤基质对灰茶尺蠖成虫生长发育及繁殖的影响

梁仕萍* 王慧芳 温秀军** 王 偲**

华南农业大学林学与风景园林学院，广东省森林植物种质创新与利用重点实验室，广东广州 510642

【目的】灰茶尺蠖*Eetropis grlsescens* Warnne是茶树的主要害虫，严重影响我国茶叶生产。此前的研究表明灰茶尺蠖老熟幼虫多入土化蛹，且土壤湿度对成虫羽化率存在显著影响。本实验进一步通过研究无土环境和不同土壤湿度对灰茶尺蠖生长发育及繁殖的影响。【方法】将老熟幼虫分别放入无土容器和不同湿度（20%，50%或80%湿度）土壤中，每盒40只，每组重复8次。待其羽化后，挑选41-58只雌成虫和25-46只雄成虫测其含水量，另将同一处理中同天羽化的健康雌雄成虫进行单雌单雄配对，随机挑选17-24对成虫记录产卵量，选17-22对记录成虫寿命及幼虫孵化量。【结果】结果表明80%湿度土壤羽化的雌成虫含水量显著高于20%湿度土壤，雄成虫含水量无显著性差异。此外，50%湿度土壤羽化的成虫产卵量显著高于20%湿度土壤。50%湿度土壤羽化的成虫幼虫孵化量显著高于无土和20%湿度土壤，且80%湿度土壤显著高于无土。20%湿度土壤羽化的雌成虫的寿命显著低于50%和80%土壤湿度，20%湿度土壤羽化的雄成虫的寿命显著低于80%土壤湿度。【结论】本研究增加了对灰茶尺蠖生理生态的理解，也为灰茶尺蠖的非化学防治提供了一定的思路，例如，可通过控制土壤湿度降低成虫寿命和幼虫孵化量以对灰茶尺蠖进行防治。

关键词：土壤湿度，灰茶尺蠖，生长发育，繁殖

*第一作者（3137975613@qq.com）

**通讯作者（wenxiujun@scau.edu.cn; wangcai@scau.edu.cn）

马铃薯瓢虫成虫触角感器扫描电镜观察

高芳瑞* 李妍颖 赵东芳 宋 萍**

河北农业大学植物保护学院, 保定 071000

【目的】研究马铃薯瓢虫 *Henosepilachna vigintioctomaculata* 雌雄成虫的触角上感受器的形态、类型、数量及个体间分布差异, 完善其形态学研究, 为化学生态手段防控及信息素防治提供借鉴。**【方法】**从田间采集马铃薯瓢虫成虫在实验室内饲养至下一代羽化五日龄成虫, 利用扫描电子显微镜进行触角感受器扫描观察, 利用 Excel 表进行数据统计分析。**【结果】**马铃薯瓢虫雄性和雌性成虫的触角均呈锤状, 由柄节 (scape, Sc)、梗节 (pedicel, Pe) 和鞭节 (flagellar, Fl) 3 部分组成。从雌雄性别上看, 雌性触角长度大于雄性, 其长度分别为雌性 $1292 \pm 101.23 \mu\text{m}$ 和雄性 $1124 \pm 72.86 \mu\text{m}$, 经对感器背腹面感器数量的统计分析, 除柄节和梗节外, 其他各节触角上均为感器总目也显示为雄虫多于雌虫; 从背腹面上看, 柄节和梗节上背面多于腹面, 而鞭节末三节腹面多于背面; 从内外侧面上看, 由于感器密集区的存在, 感器数目外侧面多于内侧面, 这个现象在鞭节末 3 节表现最为显著。马铃薯瓢虫雌、雄虫触角上共发现了 8 种感器, 分别为锥形感受器 (sensilla basiconca, SB), 刺形感受器 (sensilla chaetica, SC), 毛形感受器 (sensilla trichodea, TS), 腔锥形感受器 (sensilla coeloconica, CoS), 腔形感受器 (Cavity sensilla, CaS), 鳞形感受器 (sensilla squamiformia, SQ), Böhm 氏鬃毛 (Bohm bristles, BB), 特殊感器 (unusual sensilla, US)。触角鞭节末三节膨大区密布着毛形感器、刺形感受器和锥形感受器。**【结论】**毛形感受器、刺形感受器和锥形感受器数量最多, 其他类型感受器数量都较少。雌雄成虫间触角感器的类型无明显差异。触角背面感器数量多于腹面, 触角外侧面感器数量多于内侧面, 雄虫触角感器数量多于雌虫。

关键词: 马铃薯瓢虫, 扫描电镜, 触角感器, 毛形感器, 刺形感器, 锥形感器

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31301718); 河北省自然科学基金 (C2014204031)。

*第一作者 (gaofangruihebei@126.com)

**通讯作者 (songpingbaoding@126.com)

苹果园害虫和天敌优势种群调查及三种生态防控措施的评价

李佳兴* 张 静 关 键 李天慧 高芳瑞 宋 萍 南宫自艳 王勤英**

河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000

【目的】通过研究几种生态防控措施对果园中害虫与天敌的影响, 分析评价果园中这些措施应用的可行性, 为今后果园制定合理的综合防控技术体系提供科学依据。**【方法】**果园害虫及天敌的发生动态的调查, 通过悬挂三角形性诱剂诱捕器和目测法来监测果园害虫发生种类与数量; 比较分析果园中诱虫灯、糖醋液和诱虫带诱集的果园害虫和天敌的数量, 评价这几种措施的防控效果。**【结果】**2017年在保定地区苹果园中的系统调查结果表明, 该地区苹果园中主要害虫有绣线菊蚜、二斑叶螨、山楂叶螨、梨小食心虫、苹小卷叶蛾、金纹细蛾等, 主要天敌有草蛉、小花蝽、异色瓢虫、龟纹瓢虫等, 天敌高峰期在麦收前后。对诱虫灯诱集到的昆虫种类和数量的分析结果表明, 共诱集到昆虫种类 7227 头, 诱集的苹果害虫数量占 3.8%, 天敌数量占 2.4%, 中间性昆虫占 93.8%, 诱虫灯诱集的害虫种类和数量所占比例很低, 但是, 诱虫灯不仅直接诱杀主要天敌昆虫, 而且, 大量诱杀中间性昆虫也会间接对天敌产生影响。我们通过对不同配方糖醋液和不同时间段糖醋液诱集到的昆虫种类和数量分析结果表明, 糖醋液对梨小食心虫、苹小卷叶蛾等鳞翅目害虫诱集量很少, 诱集到昆虫大多数是蝇类。2017年秋季, 我们对两个果园使用的瓦楞纸诱虫带的诱虫效果进行了分析, 结果表明, 瓦楞纸诱虫带不仅能诱集越冬的害虫山楂叶螨和二斑叶螨以及苹小卷叶蛾和梨小食心虫, 还诱集到了蜘蛛、瓢虫、小花蝽等天敌, 并且天敌的数量超过害虫数量。**【结论】**建议在果园中根据具有趋光性主要害虫发生期阶段性开灯诱杀害虫, 减少诱虫灯对天敌的直接和间接影响。糖醋液对梨小食心虫和苹小卷叶蛾成虫的诱杀效果不明显。瓦楞纸诱虫带不仅能诱杀害虫, 也是保护天敌的好方法, 但是要正确处理使用过的诱虫带, 做到既保护天敌又诱杀了害虫。

关键词: 苹果园害虫和天敌, 诱虫灯, 糖醋液, 诱虫带, 生态防控措施

基金项目: 国家苹果产业体系项目 (CARS-28)。

*第一作者 (975741535@qq.com)

**通讯作者 (wqinying@hebau.edu.cn)

一种为害北美枫香的新害虫——枫香刺小蠹

高磊^{1,2} 李猷³ 徐颖^{1,2} Anthony I. Cognato⁴ 鞠瑞亭⁵ 王建国⁶

1.上海市园林科学规划研究院植保研究所, 上海 200232; 2.上海城市困难立地绿化工程技术研究中心, 上海 200232; 3.佛罗里达大学森林资源与保护学院, 佛罗里达州 32611; 4. Department of Entomology, Michigan State University, East Lansing, MI 48824 USA; 5. 生物多样性和生态工程教育部重点实验室, 复旦大学生物多样性科学研究所, 上海 200438; 6. 江西农业大学农学院植物保护系, 南昌 330045

2013年, 在上海地区发现大量的北美枫香 *Liquidambar styraciflua* 死亡, 经现场调查, 认定该现象是由一种小蠹虫为害所致, 经专家鉴定, 确定该虫为枫香刺小蠹 *Acanthotomicus* sp.。随后, 在上海及周边地区的苗圃和新建绿地进行了调查, 发现该虫已经造成了严重为害, 近年来已至少导致3万株不同胸径的北美枫香死亡。枫香刺小蠹钻蛀北美枫香树干, 在韧皮部和木质部之间取食, 被为害后产生流胶, 遭受该虫攻击的北美枫香叶片会逐渐枯黄, 在1-2月内完全死亡。通过野外调查和户外半受控饲养观察, 该虫在上海地区1年发生2-3代, 越冬虫态以幼虫为主, 世代重叠现象明显。一雄一雌或者一雄多雌, 取食坑道结构较为单一, 多数呈水平状, 有时候会形成环形, 每个母坑道卵的数量介于47-69粒; 子坑道位于母坑道两侧, 长5-10 cm。对被枫香刺小蠹为害的北美枫香活体树干的坑道、成虫和幼虫所携带的真菌进行分离培养, 共鉴定出三种真菌, 分别为 *Geosmithia* sp.、*Phaeoacremonium* sp.、*Trichoderma* sp., 其致病情况有待进一步分析。

关键词: 枫香刺小蠹, 北美枫香, 上海, 生物学特性

闽菇迟眼蕈蚊生物学特性研究

孙朝辉 史先慧 梁永婵 路艺 朱映 马涛 王偲 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】闽菇迟眼蕈蚊 *Bradysia minpleuroti* Yang et Zhang 通过幼虫啃食刚刚种植到土中的木质化程度小的林木和花卉组培苗的根茎韧皮部, 从而对组培苗造成伤害, 导致组培苗大量倒伏死亡, 严重时组培苗受害率高达 90% 以上。为寻找有效的防治方法, 首先对该虫的生物学特性进行了观察研究。

【方法】前期观察研究发现, 闽菇迟眼蕈蚊成虫对肥猪肉和蘑菇有较强的趋性, 因此本研究将土中埋有肥猪肉和蘑菇的小花盆, 放置于闽菇迟眼蕈蚊的发生地, 诱导雌成虫产卵于小花盆中, 待卵孵化成幼虫后取食肥猪肉和蘑菇时, 将幼虫取出, 移至培养皿中, 加入蘑菇继续饲养至成虫。将初羽化的雌雄成虫放于自制的同一个养虫笼中, 观察雌雄成虫交尾, 然后将交尾后雌成虫捕捉至铺有适宜湿度的滤纸的培养皿中, 观察产卵和卵孵化情况, 待卵孵化后加入适宜湿度的草炭土和蘑菇饲养幼虫发育至成虫。通过这种饲养方法, 观察统计雌雄成虫的寿命, 雌雄成虫交尾次数, 产卵量, 卵历期、幼虫历期和蛹历期, 成虫羽化节律, 雌雄比等生物学特性。全部试验均在室温 25℃ 条件下进行。

【结果】观察结果表明, 雌成虫寿命为 2-6 天, 平均 3.5 天, 雄成虫寿命 3-6 天, 平均 4.5 天。成虫羽化高峰期在早上 06:00-08:00, 占总量 35.1%, 次高峰期是早上的 04:00-06:00, 占总量 33.0%。雌成虫产卵量在 46-192 粒, 平均 115 粒, 卵孵化率 61.5-98.1%。雄成虫交尾次数 3-6 次。在 25℃ 条件下, 卵至成虫的发育历期为 16-27 天, 卵期 3 天, 幼虫有 4 龄, 幼虫期 9-20 天, 预蛹期 1 天, 蛹期 3 天。通过对 34 个雌成虫后代的雌雄比进行调查, 共有 777 个雌成虫和 456 个雄成虫, 雌雄比 1.7:1。生活习性: 该虫为害组培苗时, 雌成虫将卵产于土表的缝隙中, 单粒散产或几粒产在一起, 孵化后的幼虫则钻入土中 2-3 cm 处取食土中腐殖质或啃食苗木地下茎, 老熟幼虫化蛹前则爬到土壤表层 0.5-1.0 cm 处的土块中化蛹, 羽化时蛹从土中钻出一半的身体, 成虫即从蛹背中羽出。刚羽化的成虫因翅未展好而爬行, 待翅展开后便可飞行, 遇到雄虫即可交尾, 雌成虫死亡前 8-10 h 开始产卵, 将卵产完后即刻死亡。卵孵化后, 初孵幼虫如果找不到合适的食料, 就会先就近取食死去的成虫尸体。

【结论】明确了闽菇迟眼蕈蚊在 25℃ 条件下的发生规律和生物学特性, 为防治该虫提供理论依据, 为研究其他蕈蚊提供借鉴。

关键词: 闽菇迟眼蕈蚊, 植物组培苗, 生物学特性, 生活习性

朱红毛斑蛾雌雄成虫生殖系统解剖观察

茅裕婷^{1*} 贾蕊娟² 贾彩娟³ 朱诚棋¹ 陆雪雷¹ 张胜男¹ 马涛¹ 温秀军^{1**}

1.华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642; 2.深圳市广信园林建设有限公司, 广东深圳 518052; 3. 深圳市梧桐山风景区管理处, 广东深圳 518520

【目的】 朱红毛斑蛾 (*Phauda flammans*) 属鳞翅目 (Lepidoptera), 榕蛾科 (Phaudidae), 又称榕树斑蛾, 火红斑蛾, 是我国南方地区危害榕树的一种重要害虫。近年来, 在广东、广西等省份, 朱红毛斑蛾由榕树的次要害虫上升为主要害虫, 呈爆发性危害。本研究拟探寻更多的形态学证据, 明确朱红毛斑蛾雌雄成虫生殖系统基本结构, 对于开展朱红毛斑蛾成虫生殖行为学、性信息素以及种群发生及灾害控制研究具有积极意义。**【方法】** 通过外观形态和显微解剖观察, 迅速准确鉴别蛹和成虫性别, 描述朱红毛斑蛾雌雄成虫生殖系统的结构。**【结果】** 结果表明: 雌蛹第 8 腹节有一纵裂缝, 裂缝两侧平坦, 第 9 腹节和第 10 腹节分节不明显; 雄蛹第 9 腹节有一明显生殖孔裂缝, 裂缝略微突起, 第 9 腹节和第 10 腹节分节明显。雄虫体型较雌虫略小, 雌虫触角鞭节白色, 雄虫黑色; 雌虫腹面体毛黑色, 雄虫腹面体毛灰白色。雌虫腹部末端有明显的产卵器, 轻挤腹部末端, 伸出一黄色囊状腺体; 雄成虫腹部末端有 1 对黑色尾须, 轻挤腹部末端, 抱握器分开, 阳具外突。朱红毛斑蛾雌成虫的生殖系统包括 1 对卵巢、卵巢管、1 根中输卵管、2 根侧输卵管、受精囊、受精囊腺、阴道支囊、导精管、交尾囊, 1 对附腺、产卵器; 雄成虫的生殖系统包括 1 个睾丸, 1 对输精管, 1 对附腺, 双精管, 单精管, 阴茎和抱握器。**【结论】** 朱红毛斑蛾雌成虫的生殖系统为典型鳞翅目雌蛾生殖系统, 朱红毛斑雌蛾的交尾囊不同于其他鳞翅目, 为黄色球状。朱红毛斑蛾雄虫生殖系统由内生殖系统和外生殖系统构成。

关键词: 朱红毛斑蛾, 蛹, 成虫, 雌雄鉴别, 生殖系统

基金项目: 国家农业公益性科研专项资金项目 (201203036) 和深圳梧桐山风景区管理处资助。

*第一作者 (13533728762@163.com)

**通讯作者 (wenxiujun@scau.edu.cn)

抗黄野螟土沉香植株选择及其抗性评价

茅裕婷^{1*} 王 忠² 靳秀芳¹ 张 蒙¹ 马 涛¹
王 偲¹ 孙朝辉¹ 陈晓阳¹ 李奕震¹ 温秀军^{1**}

1. 华南农业大学 林学与风景园林学院, 广东广州 510642;

2. 广东省林业有害生物防治检疫管理办公室, 广东广州 510173

【目的】 黄野螟 *Heortia vitessoides* Moore 是珍贵树种土沉香 (*Aquilaria sinensis*) 的重要食叶害虫, 通过大面积林间调查土沉香受害情况, 筛选可能存在的抗虫植株, 通过比较抗虫植株及正常感虫植株的差异, 为黄野螟的科学预防和抗虫品种的选育奠定基础。**【方法】** 在黄野螟危害盛期, 对野外大面积土沉香林定期进行调查, 在严重受害的土沉香林中, 选择受害较轻或者未受害的植株作为抗性植株的候选材料, 以受害严重的植株作为对照, 观察不同受害水平土沉香的外观形态和叶片物理结构, 同时采集具有不同抗性植株的叶片饲养黄野螟幼虫, 观察初孵幼虫对不同抗性植株叶片的选择和拒食情况, 测定取食不同抗性土沉香叶片后, 黄野螟幼虫存活率、生长发育、化蛹和羽化的差异。**【结果】** 在严重受害的土沉香林分中发现了 2 株未受害的土沉香植株, 表现出较好的抗虫性 (抗 1 和抗 2)。抗性植株 (抗 1 和抗 2) 与受害植株 (作为对照) 在叶片长度和叶厚间差异较显著 ($P<0.05$), 而叶片长宽比无显著差异。在叶片物理结构上, 抗 1、抗 2 土沉香叶片的角质层、下表皮厚度均显著高于正常感虫叶片。感虫土沉香叶片的海绵组织与栅栏组织的比值显著小于抗 2。抗 1、抗 2 土沉香对幼虫具有较高的取食抑制活性。强迫取食抗性土沉香的幼虫存活率、成虫羽化率、蛹重、成虫寿命均显著低于取食正常土沉香叶片幼虫的相应指标, 而取食抗性土沉香的幼虫、蛹发育历期均显著长于取食正常土沉香叶片的害虫。**【结论】** 叶片嫩绿的土沉香植株较易受黄野螟的为害, 而叶片较厚且叶色墨绿的土沉香植株对黄野螟具有较强的抗性。抗性土沉香植株对幼虫取食活性具有很好抑制作用、对黄野螟幼虫的发育有阻碍作用, 本研究对于进一步选育抗性土沉香树种, 探索土沉香黄野螟防治的新途径具有积极意义。

关键词: 黄野螟, 土沉香, 抗虫植株, 抗性评价

基金项目: 广东省林业科技创新项目 (2011KJCX028、2014KJCX020-01) 和广东省林业有害生物防治检疫管理办公室资助。

**第一作者 (13533728762@163.com)

***通讯作者 (wenxiujun@scau.edu.cn)

miR-8-3p 在橘小实蝇精子发育中的功能研究

彭 威 Kariq Kaleem Summar Sohail 张宏宇*

华中农业大学植物科学技术学院，农业微生物学国家重点实验室，城市与园艺昆虫研究所，武汉 430070

橘小实蝇 (*Bactrocera dorsalis*) 是广泛分布于东亚和太平洋地区的最重要的园艺害虫之一。在其防治策略中，雄性不育技术 (SIT) 具有高特异、环境友好的巨大优势，然而传统的 SIT 依赖于辐照和化学不育剂，容易损伤不育雄虫的交配竞争力，从而限制了其防治效果。近年来，基于遗传改造的 SIT 在橄榄实蝇的防治中表现优异，显示了在实蝇防治应用中的巨大潜力。另一方面，microRNAs (miRNAs) 作为一种负向调控目标基因表达的关键性的转录后调控因子，参与调控了各种生命过程，其中就包括对精子发生的调控。因此，基于精子发生关键 miRNA 的遗传改造技术对于 SIT 具有重要的开发价值。然而到目前为止，橘小实蝇中精子发生调控相关 miRNA 的研究还很缺乏。本研究首先对性成熟期 (FM)、初羽化 (IM)、生殖前期 (MA) 橘小实蝇的精巢组织 small RNA 进行了深度测序，并整合构建了总 small RNA 转录组数据库，预测了 172 个已知和 78 个未知的 miRNA，并分析了它们在精子发生过程中的表达动态。通过生物信息学分析，进一步预测了 13 个转录差异最大的 miRNA 的 124 个靶标基因，并从中随机选择了 6 个 miRNA 和其预测调控的基因进行 qRT-PCR 验证分析，发现有 4 个 miRNA 与其靶标基因的转录模式相反。进一步的，对这 4 个 miRNA 中的 miR-8-3p 调控精子发生的功能进行了深入研究。首先，我们预测出 miR-8-3p 的靶标基因，*B. dorsalis mitoferrin (bmfrn)*，推测 miR-8-3p 通过负调控 *bmfrn* 来调节精子发生。接下来，我们通过 HeLa 细胞的双 luciferase 报告系统验证了 miR-8-3p 通过结合 *bmfrn* 的 3' UTR 区抑制后者的表达。而且，miR-8-3p 的类似物 (agomiR) 或 *bmfrn* 的 dsRNA 注射处理都能显著抑制 *mitoferrin* 的转录，减少精子数量，降低精子活性，最终抑制了橘小实蝇雄虫的生育能力。

关键词：橘小实蝇，miR-8-3p，精巢，精子发育

基金项目：现代农业（柑橘）产业技术体系建设专项（CARS-27）；华中农业大学自主创新基金（2014PY005）；国家自然科学基金（31572008）。

*通讯作者（027-87280276）

桔小实蝇气味结合蛋白表达模式与 *OBP99a* 基因功能研究

张 静 罗得业 吴 芃 李好哲 张宏宇 郑薇薇*

华中农业大学植物科学技术学院, 农业微生物学国家重点实验室, 城市与园艺昆虫研究所, 武汉 430070

昆虫的嗅觉系统在其取食产卵的过程中发挥了十分重要的作用。嗅觉相关蛋白是昆虫嗅觉系统中发挥作用的主要蛋白, 包括气味结合蛋白(Odorant binding protein, OBPs)和气味受体(Odorant receptor, ORs)等, 这些 *OBPs* 在 mRNA 水平上对不同宿主的反应是未知的, 并且 *OBPs* 在昆虫行为中的功能研究非常少。桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* (Hendel) 是世界重要的检疫性果蔬害虫, 因为其寄主范围广、繁殖力强等特点给果蔬业带来了严重的经济损失。本研究从实验室前期建立的桔小实蝇雌成虫转录组文库中鉴定了 6 个在成虫期三个生理阶段(初羽化、性成熟、交配后)差异表达的 *OBP* 基因, 将 6 个 *OBP* 基因与其它三个双翅目近缘物种(果蝇, 冈比亚按蚊, 地中海实蝇) *OBP* 构建遗传进化树确定亲缘关系。随后, 通过实时荧光定量 PCR 技术检测了 6 个 *OBP* 基因的时空表达模式, 结果表明, *OBP19c*、*OBP44a*、*OBP99a* 和 *OBP99d* 四个基因主要在蛹期到成虫阶段表达; 6 个 *OBPs* 均主要表达在非触角器官, 包括头, 翅和腹部。同时用桔小实蝇的两种偏好寄主香蕉、脐橙和两种非偏好寄主苦瓜、番茄分别刺激性成熟时期的桔小实蝇雌虫, 并通过实时 qRT-PCR 技术检测不同果蔬刺激之后桔小实蝇 *OBPs* 的表达模式。结果显示, 用偏好寄主刺激桔小实蝇雌虫后 *OBP99a*、*OBP99d* 和 *OBP44a* 的表达量显著上调, 而非偏好寄主刺激后这三个基因的表达量与对照组相比没有差异。结合 *OBP99a* 主要在性成熟雌虫的翅和头部高表达, 以及偏好果蔬刺激后雌虫 *OBP99a* 的表达明显上调的情况, 选择 *OBP99a* 作为目标基因进行功能研究。对桔小实蝇雌、雄虫分别注射 *OBP99a* 基因 dsRNA 进行 RNA 干扰, 检测对桔小实蝇交配及寄主定位的影响。结果发现, 分别干扰桔小实蝇雌、雄虫 *OBP99a* 之后, 对交配率影响相反, 干扰桔小实蝇雄虫 *OBP99a* 之后, 交配率较对照组显著下降, 而干扰雌虫, 交配率较对照组显著增加; 并且干扰桔小实蝇雌虫 *OBP99a* 基因之后, 它在偏好性寄主香蕉当中的产卵量与对照组相比有明显降低, 而在非偏好性寄主番茄当中的产卵量与对照组相比则有明显增加。以上结果表明, *OBPs* 可能参与桔小实蝇不同的生理过程, 如交配和寄主定位。我们的研究有助于阐明嗅觉的分子机制, 而且可为桔小实蝇的绿色可持续防治提供更多的分子靶标。

关键词: 桔小实蝇, 气味结合蛋白, 寄主定位

基金项目: 国家自然科学基金(No.31471774); 华中农业大学自主创新基金(No.2662015PY069); 现代农业(柑橘)产业技术体系建设专项(CARS-27)。

*通讯作者 (wwzheng@mail.hzau.edu.cn), phone: 027-87280276

水椰八角铁甲卵黄原蛋白表达谱测定与功能分析

李静逸* 李金磊 侯有明**

福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建省昆虫生态重点实验室, 福州 350002

【目的】 探索不同日龄下水椰八角铁甲 *Octodonta nipae* (Maulik) 雌性成虫卵巢的形态学变化, 分析卵黄原蛋白 (vitellogenin, Vg) 基因和蛋白的表达以及 Vg 的相关功能。**【方法】** 实时定量 PCR (RT-qPCR) 测定雌虫体内 Vg 基因相对表达量的动态变化; 酶联免疫吸附 (ELISA) 测定雌虫卵巢当中的 Vg 蛋白的动态变化; 解剖观察并测量雌虫卵巢横截面积、卵巢管长度和宽度; 注射 ds-Vg 和 ds-EGFP 至 10 d 龄的雌虫中, 48 h 后解剖虫体, 观察并测量卵巢管的长度、宽度和卵巢的横截面积。**【结果】** 羽化后的雌虫卵巢逐渐发育增大, 卵巢横截面积、卵巢管的长度和宽度均呈上升趋势, 其中羽化 15 d 时卵巢横截面积和卵巢管宽度显著大于 0、5 和 10 d, 但同 20 d 时无显著性差异, 卵巢管长度在羽化后第 20 d 达到峰值; 成虫羽化 0、5 和 10 d 时的卵巢中的 Vg 蛋白含量较低, 在 15 d 时升高并同第 20 d 的数据无显著性差异; 雌虫中 Vg 的相对表达量呈现出上升趋势, 在第 20 d 时达到最大值; 注射了 ds-Vg 的雌虫的卵巢管的宽度和横截面积均明显小于注射了 ds-EGFP 的对照组, 但卵巢管长度无显著性差异。**【结论】** 水椰八角铁甲雌虫在羽化后 Vg 基因的相对表达量呈现上升的趋势, 这种变化影响着卵巢当中 Vg 蛋白的变化, 从而影响卵巢的发育。该研究有望从更深层次上解释入侵生物水椰八角铁甲的生殖调控和繁殖策略, 从而为研究新的防治方法奠定理论基础。

关键词: 水椰八角铁甲, 卵黄原蛋白, 卵巢发育, 定量 PCR, ELISA, RNAi

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31471829); 国家重点研发计划 (2017YFC1200605)。

**第一作者 (lijingyi1403@163.com)

**通讯作者 (ymhou@fafu.edu.cn)

酪氨酸代谢通路相关基因在红棕象甲不同体色表型中的表达模式

王桂花* 田震宇 侯有明** 石章红 王兴红 管兴宇 王东冬

福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室，福州 350002；福建省昆虫生态重点实验室，福州 350002

【目的】昆虫丰富的体色往往为其生存提供诸多优势，如温度调节，食物的获取，交配识别以及躲避天敌的捕食等。红棕象甲 *Rhynchophorus ferrugineus* (Olivier) 是一种分布于热带，亚热带地区棕榈科植物的检疫性入侵害虫，调查发现该虫的成虫腹面具有两种不同的体色（后胸：红色和黑色）。然而，对于该虫的着色机制尚不明确。研究表明酪氨酸代谢（tyrosine metabolic, TM）通路是表皮颜色合成的主要通路，本实验以红棕象甲老熟蛹（色素积累阶段）来分析其表皮的相关基因的表达情况，探究不同体色表型的着色模式。【方法】克隆并利用荧光定量检测酪氨酸代谢通路中 6 个相关基因（*TH*, tyrosine hydroxylase；*DDC*, 3, 4-dihydroxyphenylalanine；*aaNAT*, acetyltransferase；*ebony*, N-β-alanyldopamine；*yellow*, dopachrome conversion enzyme；*Lac2*, laccase 2）在红棕象甲两种体色表型老熟蛹中的相对表达量，分析两种体色的着色模式。【结果】*yellow* 和 *Lac2* 基因在两种体色中的相对表达量没有显著性差异，*aaNAT*, *ebony* 和 *TH* 基因在红色型的转录水平显著高于黑色型，相对表达量分别是黑色型的 2.02 倍，1.79 倍和 1.35 倍。而 *DDC* 基因则是在黑色型中显著高表达，其表达量是红色型的 2 倍。【结论】红棕象甲两种不同体色具有不同的着色模式。红色型着色过程中，酪氨酸代谢通路的另一分支，即天冬氨酸代谢分支（包含 *ADC*, *tan* 和 *ebony*, *aaNAT* 基因）起到重要的作用。而多巴和多巴胺分支上的代谢则对黑色型的色素沉淀起到主导作用。该结果将为进一步分析红棕象甲体色着色的分子机制提供基础。

关键词：红棕象甲，酪氨酸代谢通路，体色表型，表皮着色

基金项目：国家重点研发计划（2017YFC1200605）；国家自然科学基金项目（31470656）。

*第一作者（guihuawang1206@163.com）

**通讯作者（ymhou@fafu.edu.cn）

入侵害虫红棕象甲肽聚糖识别蛋白编码基因 *PGRP-S1* 的 分子克隆与表达分析

王兴红^{1, 2*} 蔡榕斌^{1, 2} 侯有明^{1, 2} 肖蓉^{1, 2} 纪田亮^{1, 2} 王桂花^{1, 2} 石章红^{1, 2**}

1.福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室,福州 350002; 2.福建省昆虫生态重点实验室,福州 350002

【目的】研究红棕象甲 *Rhynchophorus ferrugineus*(Olivier) 肽聚糖识别蛋白 (peptidoglycan recognition proteins, PGRPs) 的结构特征以及其在红棕象甲免疫反应中的关键作用, 以期为该害虫综合治理提供新的思路。**【方法】**通过 RT-PCR 和 RACE 技术克隆获得 *PGRP-S1* 基因的全长 cDNA 序列, 采用生物信息学手段对序列进行结构预测和同源性分析; 实时定量 PCR 检测其在不同组织中和细菌感染后的表达情况。**【结果】**该蛋白 cDNA 全长序列为 1054 bp, 其中开放阅读框为 573 bp, 共编码 190 个氨基酸, 将其命名为 *PGRP-S1*。序列比对及构建系统发育树的结果显示, *PGRP-S1* 是酰胺酶型 PGRPs 成员。荧光定量检测发现 *PGRP-S1* 在肠道和嗦囊中的表达量显著高于头部、脂肪体和表皮。注射细菌后, 其在脂肪体和肠道中分别于 12 h 和 6 h 的表达量显著增高。喂食细菌 6 h 后, 该基因在脂肪体和肠道中表达量显著增高。**【结论】**本研究得到了红棕象甲 *PGRP-S1* 基因的全长 cDNA 序列, 它在嗦囊和肠道等免疫组织中的表达量显著高于头部和表皮等非免疫组织, 且在红棕象甲肠道菌群稳态的调控中也扮演关键角色。

关键词: 红棕象甲, 昆虫免疫, 肽聚糖识别蛋白, 生物入侵, 肠道菌群

基金项目: 国家自然科学基金 (31470656) 和国家重点研发计划课题 (2017YFC1200605)。

*第一作者 (18285120070@163.com)

**通信作者 (shizh@fafu.edu.cn)

脂多糖对家蚕幼虫 Toll 样受体 Toll9 基因表达的影响

刘吉升* 廖文丽 卜晓玲 江婉仪

广州大学生命科学学院, 中国广州 510006

Toll 样受体是昆虫 Toll 信号传导途径的一个重要组成成员, 对激活昆虫机体对入侵病原微生物的先天免疫应答起着至关重要的作用。本研究旨在探究脂多糖对家蚕 *Bombyx mori* 幼虫中 Toll 样受体 Toll9 基因表达的影响。家蚕中共有 *BmToll9-1* 和 *BmToll9-2* 两个 Toll9 基因。将脂多糖和大肠杆菌 *Escherichia coli* 对 5 龄幼虫进行喂食, RT-PCR 结果表明, 脂多糖和大肠杆菌均能在喂食 3 h 后显著抑制中肠组织中 *BmToll9-1* 基因的表达; 进行脂多糖的注射时, *BmToll9-1* 基因的表达在 3 h 时的中肠组织中完全抑制。将脂多糖和大肠杆菌注射到 5 龄幼虫体腔内, 实时荧光定量 PCR 结果显示, 注射脂多糖能诱导 5 龄幼虫中肠中 *BmToll9-2* 基因表达, 在注射后 6 h 时诱导效果最好; 注射大肠杆菌也能诱导 *BmToll9-2* 基因表达, 在注射后 3 和 6 h 时诱导效果最好。家蚕幼虫 *BmToll9-1* 和 *BmToll9-2* 基因在脂多糖和大肠杆菌处理后的表达特点不同, 提示这两个 Toll9 受体可能参与不同免疫通路的识别过程。

关键词: 家蚕, Toll 样受体, *BmToll9-1*, *BmToll9-2*, 脂多糖, 大肠杆菌, 基因表达

*通讯作者 (jisheng.liu@gzhu.edu.cn)

马尾松毛虫化学感觉相关基因鉴定及表达特征分析

张苏芳 刘慧慧 孔祥波 王鸿斌 刘 福 张 真

中国林业科学研究院森林生态环境与保护研究所, 北京 100091

马尾松毛虫 *Dendrolimus punctatus* Walker 是我国南方最重要的针叶林食叶害虫。尽管在我国林业昆虫学家的不懈努力下, 该害虫的防治取得了卓越的成就, 但是目前该害虫的防治很大程度上还是依赖农药, 新防治方法的发现依旧迫在眉睫。化学感受相关基因是开发害虫防治新方法的潜在靶标, 而基因表达特征则是这些基因功能的重要线索。然而, 目前对马尾松毛虫化学感受基因的信息还比较少, 其组织特异性尤其不清楚。因此, 我们测序和分析了马尾松毛虫不同发育时期和不同器官的转录组。

我们共在马尾松毛虫中鉴定了 171 个化学感受基因, 包括 53 个气味结合蛋白, 26 个化学感受蛋白, 60 个气味受体, 12 个味觉受体, 18 个离子型受体, 和 2 个感受神经膜蛋白。基因表达特征分析表明, 触角中表达的化学感受基因最多, 高表达基因也最多; 卵, 幼虫, 头的表达模式比较类似, 它们的高表达基因数量中等; 脂肪体, 卵巢, 中肠和精巢的表达特征类似, 高表达基因的数量最少。值得注意的是, 我们在马尾松毛虫中只鉴定出 2 个信息素结合蛋白, 没有气味受体基因和其它昆虫的信息素受体聚类为一个分支。这和以前对云南松毛虫和思茅松毛虫的研究结果类似, 提示马尾松毛虫的信息素识别机制可能有别于其它鳞翅目昆虫。

综上所述, 该研究给出了马尾松毛虫化学感受基因的全面时空表达特征谱, 为未来相关基因功能研究和害虫防治方法的开发提供了基础。

关键词: 发育转录组, 嗅觉基因, 表达量, 信息素结合蛋白, 信息素受体

基金项目: 中央级科研院所基本科研业务费专项 (CAFRIFEEP201406, CAFYBB2017QB003); 自然科学基金 (31670657)。

家蝇 U93 原核表达、多克隆抗体制备及功能初探

王 兵^{1, 2*} 黄伟康¹ 马素贞¹ 姚 杨¹ 覃 海¹ 修江帆⁴ 王 涛⁵

彭 建^{1, 2} 朱贵明² 尚小丽² 吴建伟^{3*}

1.贵州医科大学生物与工程学院生物技术教研室, 贵阳 550025; 2.贵州医科大学医药生物技术工程研究中心资源昆虫研究室, 贵阳 550025; 3.贵州医科大学基础医学院寄生虫学教研室, 贵阳 550025; 4.贵州医科大学基础医学院生物学教研室, 贵阳 550025; 5.贵州医科大学基础医学院微生物学教研室, 贵阳 550025

【目的】原核表达家蝇 SVWC 超家族基因 U93, 探究其功能。**【方法】**1.从家蝇转录组库中克隆差异表达基因 U93; 采用原核表达法, 表达并处理包涵体蛋白, 通过 His•Bind 纯化试剂盒获得原核表达蛋白。2.将原核表达蛋白加佐剂免疫家兔后, 取血清制备多克隆抗体。3.微量液体稀释法检测 Phormicin A、B 对大肠埃希杆菌、金黄色葡萄球菌和白色念珠菌的抗菌作用, 测得 MIC 值并绘制抑菌曲线。采用 SWISS Model 对其进行建模并预测分析结构。**【结果】**克隆家蝇 SVWC 超家族成员 U93 基因并对其进行原核表达, 制备了多克隆抗体并检测了抑菌活性。**【结论】**微量液体稀释法表明, 家蝇 U93 原核表达蛋白对 3 种菌都有一定的抑制效果, 但 U93 的功能有待于在其他方面进一步探索。

关键词: 家蝇, 抗菌肽, U93, 原核表达, 抑菌活性

基金项目: 贵州医科大学博士启动基金 (Academy-PHD-J-2014-018); 贵阳市科技计划 (筑科合同【20151001】社 15 号); 贵州省卫计委科学计划 (gzwjkj2015-1-028); 贵阳市政府-贵州医科大学联合基金 (筑科合同【20161001】026); 贵州医科大学校级工程研究中心建设项目 (校工程中心 2016002)。
*通讯作者 (wbing@gmc.edu.cn; wjw@gmc.edu.cn)

家蝇抗菌肽 Sarcotoxin II 家族基因的克隆及原核表达条件优化

王兵^{1,2*} 田川¹ 张雪婷¹ 黄伟康¹ 石玉玲¹ 杨丽萍¹ 覃海¹ 姚杨¹
修江帆⁴ 彭建^{1,2} 朱贵明² 尚小丽² 王涛⁵ 吴建伟^{3*}

1.贵州医科大学生物与工程学院生物技术教研室, 贵阳 550025; 2.贵州医科大学医药生物技术工程研究中心资源昆虫研究室, 贵阳 550025; 3.贵州医科大学基础医学院寄生虫学教研室, 贵阳 550025; 4.贵州医科大学基础医学院生物学教研室, 贵阳 550025; 5.贵州医科大学基础医学院微生物学教研室, 贵阳 550025

【目的】克隆家蝇抗菌肽 sarcotoxin II 家族基因 S50、S52、S88、S90, 对其进行原核表达并优化表达条件。**【方法】**1.从家蝇转录组库中克隆差异表达基因 sarcotoxin II 家族基因 S50、S52、S88、S90; 2.采用原核表达法, 表达并处理包涵体蛋白, 通过 His•Bind® 纯化试剂盒获得原核表达蛋白; 3.通过改变不同的诱导时间、诱导温度、IPTG 浓度、表达菌宿主、培养基种类等, 尽量使其表达在上清中, 然后通过 His•Bind® 纯化试剂盒获得原核表达蛋白。**【结果】**克隆了家蝇 S50、S52、S88、S90 基因, 对其进行了原核表达。**【结论】**克隆了家蝇抗菌肽 sarcotoxin II 家族基因 S50、S52、S88、S90, 采用 SOC 培养基及 22℃ 低温诱导过夜, 可以使 S52 表达于上清中。

关键词: 家蝇, 抗菌肽, sarcotoxin, 原核表达, 条件优化

基金项目: 贵州医科大学博士启动基金 (Academy-PHD-J-2014-018); 贵阳市科技计划 (筑科合同【20151001】社 15 号); 贵州省卫计委科学计划 (gzwjkj2015-1-028); 贵阳市政府-贵州医科大学联合基金 (筑科合同【20161001】026); 贵州医科大学校级工程研究中心建设项目 (校工程中心 2016002)。

*通讯作者 (wbing@gmc.edu.cn; wjw@gmc.edu.cn)

二化螟取食诱导 OsAOS2 启动子

李翰鹏 赵 景 蔡万伦 华红霞

华中农业大学植物科学技术学院，武汉 430070

咀嚼式口器害虫二化螟危害水稻后，水稻会产生一系列诱导防御反应，茉莉酸是重要的防御反应信号分子，其中，OsAOS 是茉莉酸合成途径中关键酶。OsAOS2 被二化螟取食特异诱导表达，本研究克隆 OsAOS2 启动子，并将该启动子与报告基因 *GUS* 融合，通过 *GUS* 的活性研究启动子的表达特性。在此基础上，通过启动子 5'端缺失，试图鉴定与分离启动子中对咀嚼式口器害虫取食的应答顺式元件。主要结果如下：（1）二化螟取食后 6 小时，OsAOS2 表达量升高 400 倍；（2）克隆 OsAOS2 基因 ATG 上游 2009bp 序列，作为启动子候选片段 (P_{OsAOS2})；（3）该片段与 *GUS* 基因融合后，通过农杆菌介导的遗传转化，得到单拷贝纯合家系 4 个，转基因植株接虫 6 小时后，*GUS* 基因表达量提高了 3.4 倍，*GUS* 酶活提高了 1.8 倍；（4） P_{OsAOS2} 的 5'端缺失转基因植株接虫后，*GUS* 酶活测定结果表明：在-2009 至-1447、-1207 至-898、-618 至-371 区间可能存在着受二化螟取食诱导的负调控元件；-898 至-618、-371 至-170 区间可能存在着受二化螟取食诱导正调控元件。未来我们将利用缺失突变体、EMSA、定点突变对调控元件候选区域进一步缩小、分离与鉴定。该研究对解释水稻与害虫之间的互作机制具有重要意义。

关键词：丙二烯氧化物合酶，启动子，二化螟，诱导防御反应

赤拟谷盗两种精氨酸激酶的鉴定和比较分析

张楠 孟祥坤 钱坤 刘亚萍 季彩宏 王建军

扬州大学植物保护学院, 扬州 225009

精氨酸激酶 (Arginine kinase, AK) 在昆虫能量代谢过程中扮演重要角色且是一种潜在的杀虫剂靶标。生物信息学分析已经揭示了昆虫两种类型精氨酸激酶的存在, 但是两种精氨酸激酶的 mRNA 表达模式以及酶学特性的差异仍未知晓。我们扩增得到赤拟谷盗两种精氨酸激酶的全长 cDNA, 其中一种编码典型的 group 1 精氨酸激酶 (*TcAK 1*), 另一个编码 group 2 精氨酸激酶 (*TcAK 2*)。基因组结构分析显示 *TcAK1*, *TcAK2* 均包含一个外显子和两个内含子, 且位于基因的不同位置。利用 RT-PCR 分析这两种基因的转录水平显示 *TcAK1* 在所有发育阶段以及除了中肠的所有组织中占主导地位, 而在中肠中, *TcAK1* 的表达水平显著高于 *TcAK2*。对大肠杆菌中表达的重组酶的酶活性分析显示, 两种酶对 L-精氨酸的底物特异性均高于 D-精氨酸, 对底物亲和性及催化效率等酶动力学参数的分析显示 *TcAK2* 与 *TcAK1* 及其他典型精氨酸激酶有显著不同。*TcAK1* 是赤拟谷盗体内占主导地位的精氨酸激酶。对于 *TcAK1* 和 *TcAK2* 的功能差异需要更加深入的研究。

关键词: 赤拟谷盗, 精氨酸激酶, 异源表达, 动力学常数, 杀虫剂靶标

亚洲玉米螟对镉的行为响应及生理机制研究

罗 妹 郑丽霞 魏洪义*

江西农业大学农学院, 南昌 330045

【目的】镉(Cadmium, Cd)广泛存在于生产和生活环境中, 是一种对动物和人类健康危害严重的重金属。由于昆虫比大型动物更易于饲养, 繁殖速率更快, 是研究有毒化合物影响动物生殖系统及其行为响应的合适模型动物。亚洲玉米螟是蛾类昆虫信息素研究的模式生物, 其生殖行为模式化程度高。为明确重金属镉对亚洲玉米螟*Ostrinia furnacalis* (Guenée)生长发育和生殖行为的影响。通过测定亚洲玉米螟对Cd的积累、分布与排泄, 为研究亚洲玉米螟受镉胁迫后的生理机制提供参考。**【方法】**以亚致死中量 $5 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 的人工饲料实验室条件下饲养亚洲玉米螟初孵幼虫, 以无重金属添加饲料饲养的试虫为CK对照, 系统观察其生长发育和繁殖行为。对大龄幼虫头部、体壁、马氏管、脂肪体、消化道, 雌虫卵巢和性腺进行解剖取样。收集处理虫子的粪便, 蜕皮, 雌、雄蛹壳, 丝和雌、雄成虫翅。通过电感耦合等离子体质谱仪ICP-MS(D416)测定各个样品的 Cd^{2+} 含量。**【结果】**受镉胁迫后, 亚洲玉米螟幼虫历期延长, 化蛹率降低, 雄蛹重增加, 羽化率降低, 孵化率降低, 并均与对照组存在显著差异。镉处理组和对照组雌蛹重和产卵量没有显著性差异。Cd在亚洲玉米螟不同组织部位的积累规律为: 消化道($255.90 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 马氏管($8.03 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 头部($2.88 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 脂肪体($1.82 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 性腺($1.04 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 表皮($0.99 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 卵巢($0.62 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$)。Cd在亚洲玉米螟消化道积累量最高, 且显著高于其他所有组织部位的积累量。亚洲玉米螟不同排泄物中Cd含量大小为: 粪便($95.49 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 雌蛹壳($87.99 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 丝($82.98 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 雄蛹壳($65.73 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 蜕皮($25.87 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 雌虫翅($0.55 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$) > 雄虫翅($0.44 \text{ ug}\cdot\text{g}^{-1}$)。除雌雄翅之间没有显著性差异外, 其他各样品之间均具有显著性差异。通过T检验结果显示, 镉处理组所有样品的镉含量与对照组相比均出现极显著差异。**【结论】**镉对亚洲玉米螟的生长发育和繁殖具有一定抑制作用。镉能大量积累在亚洲玉米螟体内, 并主要积累在消化道和马氏管等组织, 可通过粪便, 蛹壳, 丝和蜕皮等方式排出。

关键词: 亚洲玉米螟, 重金属, 镉, 繁殖, 消化道

基金项目: 国家自然科学基金(31640064, 31760637)。

* 通讯作者, E-mail: hywei@jxau.edu.cn

柞蚕两种表皮蛋白 ApCP12 与 ApCP23 的表达特征及 RNAi 研究

王 勇* 马月月 王德义 刘 微 汝玉涛 姜义仁 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, 沈阳 110866

【目的】克隆柞蚕 *Antheraea pernyi* RR-1 亚族两种表皮蛋白 (cuticular proteins, CPs) 基因, 并对其组织表达分析, 探讨两个基因在柞蚕不同发育阶段的表达规律及 RNAi 处理对表达量的影响。本研究丰富了柞蚕表皮蛋白的种类, 并为昆虫免疫研究及鳞翅目害虫防治提供新思路。**【方法】**利用 PCR 及 3'RACE 技术从柞蚕幼虫表皮组织中克隆得到两个表皮蛋白基因, 并进行生物信息学分析及系统进化分析; RT-PCR 检测该基因在柞蚕胚胎发育期的表达规律及在幼虫各组织的表达分布, 实时荧光定量 PCR (qPCR) 分析该基因在柞蚕不同发育时期的表达量变化及 RNAi 研究。**【结果】**克隆获得两个柞蚕表皮蛋白基因并命名为 ApCP12、ApCP23, 生物信息学分析表明: ApCP12 基因长度为 690 bp, 开放阅读框长 336 bp, 编码 111 个氨基酸, 推测得到的蛋白质分子量为 12 kDa; ApCP23 长度为 1 243 bp, ORF 长度为 594 bp, 编码 197 个氨基酸, 相对分子质量为 23 kDa, 两者都具有 RR-1 亚族的保守基序, 与 RR-2 家族表皮蛋白相区别位于另一分支。组织特异性表明, ApCP12 基因在柞蚕幼虫各组织中的分布比 ApCP23 更为广泛。柞蚕不同发育时期分析: 在胚胎发育期, 表达量逐渐升高; 幼虫眠起 3 天内相对于眠期, ApCP12 的表达量最高增加了约 3 倍, 而 ApCP23 增加了 13 倍; 蛹黑化时期, ApCP12 的表达量高于 ApCP23; 羽化前期, 基因的表达量无明显变化, 直至羽化前一天, ApCP12、ApCP23 的表达量相对于注射蜕皮激素第一天分别增加了 3.5 倍和 3 倍; RNAi 处理后, ApCP12 的表达量下降了 5 倍, ApCP23 降低了 3 倍。**【结论】**RR-1 亚族的这两种柞蚕表皮蛋白参与了柞蚕不同发育阶段幼虫表皮、蛹皮、成虫表皮的构建, 并在其中发挥重要作用, 与柞蚕生长发育的整个生命周期关系密切。

关键词: 柞蚕, 表皮蛋白, 基因表达, RNA 干扰

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项 (CARS-18); 辽宁省农业领域青年科技创新人才培养计划项目(2014010); 辽宁省教育厅一般项目 (L2015488)。

*第一作者 (yongwang216@163.com)

**通讯作者 (qinli1963@163.com)

昆虫肠道细菌分离培养策略及进展

梅承^{1,2} 赵芸^{1,2} 杨红^{1,2}

1.华中师范大学生科院, 武汉 430079; 2.遗传调控与整合生物学湖北省重点实验室, 武汉 430079

昆虫是自然界种类最为丰富、数量最大的一类动物, 已知种类达一百多万种。昆虫对环境的适应性非常强, 几乎分布在地球的每一个角落。而昆虫肠道中栖息着多种多样的微生物, 在长期进化过程中与宿主形成了紧密的联系, 在宿主的食物消化和利用、发育、生殖及抵御病原体和有害物质的过程中可能发挥了重要作用。对昆虫肠道微生物生理作用与功能的认识依赖于纯培养。为了将绝大多数未培养的昆虫肠道微生物分离培养出来, 近年来人们建立和发展了很多新的分离培养技术与策略。这些新的技术与策略强调培养基和培养条件的设立首先需要针对昆虫肠道的生理生化条件, 比如, pH、氧分压和氢分压、氧化还原电位等; 其次, 需要考虑维持肠道微生物生长必需的营养要素。新的培养技术和策略包括: 1.使用寡营养培养基分离细菌。使用该方法可以将肠道环境中一些本身对营养要求不高, 生长较缓慢的一些细菌分离纯化出来。2.在不同氧分压条件下分离细菌。昆虫肠道各部位氧分压不尽相同, 根据肠道微生态环境的特点, 在好氧、严格厌氧和不同氧分压条件下培养肠道细菌, 可以大大增加分离多种肠道细菌的几率。3.将肠道不同生态位的细菌分开来培养。4.根据肠道细菌的营养需求设计富集培养基进行培养。比如, 以塑料或滤纸为唯一碳源筛选能够降解塑料或纤维素的细菌。5.高通量单细胞分离培养技术。采用微液滴或微流控等技术将肠道微生物分离开来, 实现高通量单个细菌的分离培养。利用这些新的培养技术和策略, 近年来人们已经从白蚁、蟑螂、黄粉虫等昆虫肠道中分离出很多新的细菌物种, 为深入研究这些肠道细菌的生理作用与功能、解析微生物与宿主昆虫的相互作用机制奠定了基础。

关键词: 昆虫, 肠道细菌, 分离培养, 策略

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31370055、31670004)。

拟环纹豹蛛五个 AChEs 的鉴定及酶学性质的比较分析

孟祥坤^{1,2} 王建军² 刘泽文¹

1.南京农业大学植物保护学院, 南京 210095; 2. 扬州大学园艺与植物保护学院, 扬州 225009

在脊椎动物和无脊椎动物中, 乙酰胆碱酯酶 (AChE) 都是一种十分重要的神经递质水解酶, 对于维持生物正常的神经传导具有重要作用。农业害虫防治中, 昆虫 AChE 是有机磷类和氨基甲酸酯类杀虫剂的作用靶标。昆虫含有 1-2 个 AChE 编码基因, 而在重要的捕食性天敌拟环纹豹蛛 (*Pardosa pseudoannulata*) 中我们发现 5 个 AChEs 编码基因。通过序列比对、构建进化树等生物信息学方法对 5 个 AChEs 氨基酸序列进行分析, 同时利用昆虫 Sf9 细胞对 5 个 AChEs 进行体外表达并对它们的酶学性质测定分析。结果显示, 拟环纹豹蛛 5 个 PpAChEs 都具有 AChE 家族典型的结构特征, 如半胱氨酸残基、“FGESAG”结构、胆碱结合位点和酰基口袋等保守的芳香氨基酸, 但在一些保守区域仍存在个别氨基酸差异, 如催化三联体“SEH”、“FGESAG”结构等。进化树显示 PpAChE1 与昆虫 AChE1 具有最高同源性, 而 PpAChE2-5 则与蛛形纲生物 AChEs 具有较高同源性。通过对 5 个 PpAChEs 的体外重组表达, 测定 5 个重组酶水解 3 种底物 (乙酰胆碱、丙酰胆碱、丁酰胆碱) 的米氏常数 (K_M) 和最大反应速率 (V_{max})。结果显示 5 个重组酶具有不同的最适 pH 条件, 对 3 种底物的特异性和催化效率 (V_{max}/K_M) 也各不相同, 但 5 个重组酶均对底物乙酰胆碱表现出底物偏好性或最高催化效率。抑制实验中发现, 相比于丁酰胆碱酯酶特异抑制剂 ISO-OMPA, 5 个重组酶都对乙酰胆碱酯酶特异抑制剂 BW284C51 更加敏感。此外还发现, 5 个重组酶对 2 种氨基甲酸酯类杀虫剂和 2 种有机磷类杀虫剂的敏感性也各不相同。综合序列分析和酶学性质, 我们在拟环纹豹蛛中鉴定出 5 个有功能的, 具有不同生物化学性质的 AChEs。通过对天敌蜘蛛和昆虫 AChE 的比较分析, 不仅丰富了无脊椎动物中 AChE 的多样性, 同时能够帮助理解杀虫剂在昆虫与天敌之间的选择性机制。

关键词: 拟环纹豹蛛, 乙酰胆碱酯酶, 酶学性质, 杀虫剂选择性

JH 核受体 Met 参与调控大猿叶虫注定滞育和注定非滞育雌成虫中 JHEs 的差异表达

朱 莉 尹天言 孙 丹 刘 文* 朱 芬 雷朝亮 王小平

华中农业大学植物科学技术学院, 武汉 430070

【目的】昆虫体内保幼激素 (Juvenile hormone, JH) 滴度的变化在蜕皮、变态、生殖和滞育等发育进程中具有重要作用。保幼激素酯酶 (JH esterases, JHEs) 介导的 JH 降解是调节 JH 滴度的重要途径之一。大量研究已经揭示了 JHE 降解 JH 的生化机制, 但关于 JHE 的表达调控机制还知之甚少。因此, 本研究以具成虫滞育特性的大猿叶虫 *Colaphellus bowringi* 为材料, 探究 JHE 的表达调控机制。**【方法】**本研究首先克隆分析了 3 个大猿叶虫 *JHEs* 序列, 并检测了其在注定滞育 (DD) 和注定非滞育 (NDD) 雌成虫中的差异表达情况, 进一步探究了外源施加保幼激素类似物 (JHA) 以及干扰 JH 核受体 *Met* 后对 *JHEs* 表达的影响。**【结果】**本研究克隆的大猿叶虫 *JHE1*、*JHE2* 和 *JHE3* 的 cDNA 序列分别为 1777 bp、1750 bp、1624 bp, 编码的蛋白质分子量分别约为 63.6kDa、63.0 kDa、60.8 kDa。进化树分析显示大猿叶虫 *JHEs* 氨基酸序列与其他昆虫以及甲壳类动物的 *JHEs* 均具有较高相似性。*JHE1*、*JHE2*、*JHE3* 均有 N 端信号肽和 RF、DQ 基序; *JHE2* 和 *JHE3* 中存在 E 基序, *JHE1* 中则以 D 基序代替; *JHE1* 和 *JHE3* 中存在 GxxHxxD/E 基序, *JHE2* 中则以 RxxHxxD 基序代替。表达模式分析显示, *JHE1*、*JHE2*、*JHE3* 在 NDD 雌成虫中的表达量显著高于 DD 雌成虫。向 DD 雌成虫外源施加 JHA 可以促进 *JHE1*、*JHE2* 的表达, 而干扰 NDD 雌成虫的 *Met* 后则抑制了 *JHE1*、*JHE2*、*JHE3* 的表达。**【结论】**本研究表明在大猿叶虫成虫中 *JHEs* 的表达与 JH 信号呈正相关, JH 可通过其核受体 *Met* 促进 *JHEs* 的表达。*JHEs* 在 DD 雌成虫中的低表达暗示了大猿叶虫生殖滞育进程中低 JH 水平并不是由 JHE 介导的 JH 降解所导致, 而是由 JH 合成受阻导致。但在马铃薯甲虫等昆虫中的研究发现, JH 的合成受阻和 JHE 介导的 JH 降解均可导致滞育个体的 JH 缺乏。因此本研究表明在生殖滞育进程中 JH 滴度的调节机制可能存在物种差异性。

关键词: 保幼激素, 保幼激素酯酶, 表达调控, 滞育

基金项目: 国家自然科学基金 (31501897, 31272045, 31572009)。

*通讯作者 (liuwen@mail.hzau.edu.cn)

山东聊城地区蝥蟥生物学特性及捕食特点

周 凯* 郭 威 张 媛 刘守柱**

聊城大学农学院 山东聊城 252059

蝥蟥 *Arma chinensis* (Fallou) 属半翅目 Hemiptera, 蝥蟥科 Pentatomidae, 益蝥蟥亚科 Asopinae, 蝥蟥属, 是一种分布较广的捕食性天敌昆虫。2016 年经林间调查, 越冬代始见于 5 月中下旬, 6 月下旬采集到一代成虫, 7 月上旬采集到二代卵块, 此后世代重叠, 难以分清。对采集到的卵块进行室内孵化和饲养, 发现在日均温 25 下, 完成一代的发育历期为 30 d 左右, 由此推测在本地一年发生 3-4 代。室内饲养观察, 蝥蟥成虫羽化后 1 周左右开始交尾, 交尾后 5 d 左右开始产卵, 多产卵于叶片叶脉和枝条处, 单雌产卵量在 300 粒以上。卵孵化后, 1 龄若虫聚集在卵块周围, 二龄后分散, 若虫期 25 d 左右。成虫爬行速度快, 不喜飞翔。饲养中发现蝥蟥偏向于捕食菜青虫、舞毒蛾幼虫、槐尺蠖幼虫等体壁较薄的昆虫, 而不喜欢捕食黄粉虫幼虫等体壁较厚的昆虫。蝥蟥捕食时喙前伸, 与身体平行刺入害虫体内, 刺吸部位多为腹部, 待猎物麻痹后开始吸食体液, 导致猎物体躯部分干瘪。低龄若虫捕食时常会被比自己体型大的猎物拖动。被吸食过的猎物, 身体后部干瘪皱缩, 但无体液流出。

关键词: 蝥蟥, 生物学, 捕食, 生物防治

基金项目: 山东省自然科学基金(ZR2014CL023), 聊城大学大学生创新创业训练计划(CXCY2016119)。

*第一作者 (1434276700@qq.com)

**通讯作者 (liushouzhu@lcu.edu.cn)

红棕象甲幼虫和成虫分泌物的体外抑菌活性分析

蒲宇辰* 侯有明** 梁馨予 石章红 付浪 王禹

福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建省昆虫生态重点实验室, 福建福州 350002

【目的】红棕象甲 *Rhynchophorus ferrugineus* 是一种入侵我国棕榈科植物的钻蛀性害虫, 且该虫防治困难, 严重影响寄主的经济价值和观赏价值, 目前已被列入林业检疫性有害生物名录。和化学防治相比, 病原生物防治由于具有环境友好等优点, 已被广泛应用于田间害虫防治。然而当病原菌侵染害虫时, 必然会激起寄主产生一系列的免疫反应, 其中首要的是体外防御, 这将大大削弱病原物防治的效果。本研究通过红棕象甲幼虫和成虫分泌物的体外抑菌测定, 分析评价其抑菌活性和寄主对病菌的体外免疫抑制效能, 对于进一步提高害虫生物防治的效果具有重要意义。**【方法】**红棕象甲幼虫和成虫经过一定刺激后, 收集体外分泌物, 离心后分液相、固相和原液进行保存, 同时解剖体内的分泌腺, 显微镜下观察腺体的形态特征。采用抑菌圈直径法, 以甲醇、无菌水和 50 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 的四环素作为对照, 分别测定幼虫和成虫分泌物液相、固相和原液对大肠杆菌和金黄色葡萄球菌的体外抑制效果。在此基础上, 按照两倍稀释法, 测定分泌物原液对这两种菌的最低抑菌浓度 (minimum inhibitory concentration, MIC)。**【结果】**红棕象甲幼虫于口腔和腹部皆收集到分泌物, 而成虫仅在腹部收集到少量分泌物。抑菌试验表明, 幼虫口腔分泌物对大肠杆菌的抑制能力显著高于金黄色葡萄球菌, 产生的抑菌圈直径分别为 (18.17 \pm 0.18) mm 和 (11.53 \pm 0.26) mm, MIC 分别为 62.5 $\mu\text{L}/\text{mL}$ 和 125 $\mu\text{L}/\text{mL}$; 幼虫腹部分泌物对大肠杆菌的抑制能力显著高于金黄色葡萄球菌, 产生的抑菌圈直径分别为 (17.47 \pm 0.55) mm 和 (13.27 \pm 0.23) mm, MIC 分别为 125 $\mu\text{L}/\text{mL}$ 和 250 $\mu\text{L}/\text{mL}$; 成虫腹部分泌物对大肠杆菌的抑制能力也显著高于金黄色葡萄球菌, 产生的抑菌圈直径分别为 (18.60 \pm 0.26) mm 和 (13.13 \pm 0.41) mm, MIC 分别为 62.5 $\mu\text{L}/\text{mL}$ 和 125 $\mu\text{L}/\text{mL}$ 。**【结论】**红棕象甲幼虫和成虫的分泌物具有一定的体外抑菌活性。其中, 发挥抑菌作用的物质主要是固相, 而液相物质不具有抑菌活性, 但原液抑菌能力强于固相物质。此外, 分泌物对大肠杆菌 (革兰氏阴性菌) 的抑菌能力强于金黄色葡萄球菌 (革兰氏阳性菌)。

关键词: 红棕象甲, 分泌物, 大肠杆菌, 金黄色葡萄球菌, 体外抑菌活性

基金项目: 国家自然科学基金 (31470656) 和国家重点研发计划课题 (2017YFC1200605)。

*第一作者 (fafupuyuchen@163.com)

**通讯作者 (ymhou@fafu.edu.cn)

椰扁甲啮小蜂寄生对水椰八角铁甲蛹 Apolipophorin-III 基因表达的影响

乔 婷* 孟 娥 汤宝珍 林云英 侯有明**

福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福州 350002; 福建省昆虫生态重点实验室, 福州 350002

【目的】昆虫 Apolipophorin-III(ApoLP-III)具有转运脂的作用, 有研究表明该蛋白为多功能蛋白, 在昆虫免疫信号识别中也可以发挥病原识别的功能。为了阐明 Apolipophorin-III在寄主水椰八角铁甲蛹应对椰扁甲啮小蜂寄生时所起的作用, 本研究对 ApoLP-III 基因进行了全长验证及时空定量分析。**【方法】**基于水椰八角铁甲转录组信息, 设计特异性引物验证了该基因的 cDNA 全长, 并利用 ORF finder、Blastp 和 SMARTer 等生物信息学工具对其进行组成及结构分析; 利用实时荧光定量 PCR 研究该基因在水椰八角铁甲蛹各组织的基因表达情况, 还检测了椰扁甲啮小蜂寄生后不同时间对水椰八角铁甲蛹 ApoLP-III 的基因表达水平的影响。**【结果】**ApoLP-III 序列全长 831bp, 编码 191 个氨基酸, 包括一个由 20 个氨基酸组成的信号肽和一个 ApoLP-III domain, 其序列与鞘翅目 *Derobrachus geminatus* 的相似度为 56%。定量 PCR 研究表明, ApoLP-III 在血细胞中的基因表达量最高; 且与同期未寄生蛹相比, 寄生后 4h、1d 和 3d 水椰八角铁甲蛹 ApoLP-III 的基因表达量显著升高。**【结论】**ApoLP-III 基因在水椰八角铁甲蛹不同组织中存在差异表达; 在椰扁甲啮小蜂寄生后, 水椰八角铁甲蛹 ApoLP-III 基因的表达量上调, 说明 ApoLP-III 基因在椰扁甲啮小蜂寄生水椰八角铁甲蛹过程中具有一定的作用, 为进一步探究寄主 ApoLP-III 对椰扁甲啮小蜂卵的作用奠定了基础。

关键词: 水椰八角铁甲, 椰扁甲啮小蜂, Apolipophorin-III, 寄生, 基因表达量

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31471829) 和国家重点研发计划 (2017YFC1200605)。

*第一作者 (qiaoting1209@126.com)

**通讯作者 (ymhou@fafu.edu.cn)

椰扁甲啮小蜂毒液蛋白 *Tbserpin6* 抑制水椰八角铁甲蛹 原酚氧化酶反应的机理

张华剑 汤宝珍 侯有明*

福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建省昆虫生态重点实验室, 福建福州 350002

【目的】本研究通过验证椰扁甲啮小蜂 *Tetrastichus brontispae* 毒液蛋白 *Tbserpin6* 对寄主水椰八角铁甲 *Octodonta nipae* 酚氧化酶级联反应的调控机理来探究寄生蜂对寄主免疫反应适应的机制, 进而为提高椰扁甲啮小蜂防治水椰八角铁甲的效率提供理论基础。**【方法】**根据实验室已有的转录组信息克隆获得了椰扁甲啮小蜂毒液 *Tbserpin6* 与水椰八角铁甲 *Onserpin6* 和 *OnPPAF1* 的基因信息并分别进行结构和功能分析; RNA 干扰技术验证水椰八角铁甲 *Onserpin6* 和 *OnPPAF1* 在黑化反应中的关键作用; 体外重组表达验证 *Tbserpin6*、*Onserpin6* 和 *OnPPAF1* 在水椰八角铁甲酚氧化酶激活反应中的作用; Western blot 验证 *Tbserpin6* 和 *Onserpin6* 与 *OnPPAF1* 的互作。**【结果】**克隆获得 *Tbserpin6*、*Onserpin6* 和 *OnPPAF1* 的全长序列分别为 969 bp、1248 bp 和 1164 bp, 分别编码 323、416 和 388 个氨基酸。*OnPPAF1* 为 Trypsin-like 丝氨酸蛋白酶, 具有典型的 N-端“clip”结构域以及 C-端丝氨酸蛋白酶结构域, 属 CLIPB 族成员, 具有酰胺酶活性, 能激活酚氧化酶酶原。*Tbserpin6* 与 *Onserpin6* 同属于丝氨酸蛋白酶抑制剂家族成员, 且它们的 P1-P1' 位点都是精氨酸和异亮氨酸, 具有较高的相似度; 注射 ds*OnPPAF1* 至水椰八角铁甲蛹体内后 24 h, 其血淋巴的酚氧化酶活性及黑化反应受到明显抑制, 结果表明 *OnPPAF1* 在水椰八角铁甲的黑化反应中起着重要作用; *Tbserpin6* 和 *Onserpin6* 均能与 *OnPPAF1* 互作形成共价复合物。**【结论】**重组蛋白 *Tbserpin6* 和 *Onserpin6* 均能够抑制重组蛋白 *OnPPAF1* 的酰胺酶活性, 还能抑制水椰八角铁甲蛹血淋巴酚氧化酶活性与黑化反应。椰扁甲啮小蜂调控寄主酚氧化酶级联反应的机理之一是该蜂毒液中的 *Tbserpin6* 结构与 *Onserpin6* 相似, 也能与 *OnPPAF1* 结合形成共价复合物, 进而调控寄主水椰八角铁甲酚氧化酶级联反应。

关键词: 水椰八角铁甲, 椰扁甲啮小蜂, 丝氨酸蛋白酶, 丝氨酸蛋白酶抑制剂, 酚氧化酶原激活蛋白酶

基金项目: 国家自然科学基金 (31272108, 31301727, 31471829); 国家重点研发计划课题 (2017YFC1200605)。

*通讯作者 (ymhou@fafu.edu.cn)

椰扁甲啮小蜂对两种寄主的适应性研究

林亚平^{1, 2*} 张华剑^{1, 2} 张小梅^{1, 2} 汤宝珍^{1, 2} 侯有明^{1, 2**}

1. 福建农林大学闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福州 350002; 2. 福建省昆虫生态重点实验室, 福州 350002

【目的】研究椰扁甲啮小蜂 *Tetrastichus brontispae* Ferrière (Hymenoptera: Eulophidae) 在椰心叶甲 *Brontispa longissima* (Gestro) 和水椰八角铁甲 *Octodonta nipae* (Maulik) 这两种寄主中的适应性, 为人工繁殖该寄生蜂来防控这两种棕榈科植物入侵害虫提供重要的理论指导。**【方法】**本实验通过非选择实验观察椰扁甲啮小蜂分别寄生椰心叶甲和水椰八角铁甲第一代的情况, 比较在这两种寄主中寄生率、出蜂率、出蜂数、一生的产卵量、子代卵到成虫时间、子代性比和成蜂的寿命, 以分析椰扁甲啮小蜂在这两种寄主中的适应性。同时开展了选择性实验观察椰扁甲啮小蜂对这两种寄主是否具有选择寄生偏好性。**【结果】**无论是选择性实验还是非选择性实验, 所有的生物学参数均无存在显著性差异。**【结论】**椰扁甲啮小蜂对椰心叶甲和水椰八角铁甲没有偏好选择寄生的现象, 对这两种寄主的适应性也无明显差别。

关键词: 椰扁甲啮小蜂, 椰心叶甲, 水椰八角铁甲, 寄主选择, 适应性, 生物防治

基金项目: 国家自然科学基金(31471829 和 31672086)和国家重点研发计划课题(2017YFC1200600)。

*第一作者 (m18860106323@163.com)

**通讯作者 (ymhou@fafu.edu.cn)

白蛾周氏啮小蜂定位寄主利用的信息化合物成分研究

相伟芳 张新玥 潘丽娜 朱耿平 刘 强 李 敏

天津师范大学生命科学学院，天津市动植物抗性重点实验室，天津 300387

美国白蛾 *Hyphantria cunea* 是危害猖獗的世界性检疫害虫，1979 年经朝鲜传入我国以来，对我国的林业和农业造成重大危害。白蛾周氏啮小蜂 *Chouioia cunea* 在抑制美国白蛾的发生中为主要天敌因子，对控制美国白蛾的危害起到重要作用。目前白蛾周氏啮小蜂已经被应用于美国白蛾的生物防治中，并取得显著成效。然而目前对于白蛾周氏啮小蜂寄主识别机制方面仍有待研究。通过对其寄主识别机制的解析，可以提高白蛾周氏啮小蜂的寄生率，为更好地利用白蛾周氏啮小蜂防治美国白蛾提供基础支持。本文对白蛾周氏啮小蜂定位寄主所利用的信息化合物进行分析，主要对利他素和互利素进行了研究。

1、利他素：经触角电位（EAG）和 Y 型嗅觉仪行为实验发现，美国白蛾蛹和虫粪挥发物对雌性周氏啮小蜂具引诱性，利用固相微萃法收集了美国白蛾的虫粪、老熟幼虫及蛹期所释放的信息化合物，通过 GC-MS 分析测定，将分析得到的 7 种物质进行生物学活性测定，触角电位（EAG）和 Y 型嗅觉仪行为实验结果显示 1-十二烯对已交配雌性周氏啮小蜂具有引诱性。

2、互利素：Y 型嗅觉仪实验结果显示，与未经美国白蛾幼虫取食的叶片相比，经美国白蛾幼取食后的白蜡、臭椿和泡桐的叶片对已交配雌性周氏啮小蜂具显著引诱性。用顶空采集法收集被美国白蛾幼虫咬食过的白蜡、泡桐和臭椿的叶子所释放的挥发物。用 GC-MS 分析挥发物的成分，继而进行活性分析。通过鉴定对寄生性天敌有引诱作用的信息化合物的化学成分，可为明确天敌寻找和定位寄主的机制奠定基础，为进一步研制诱剂提供支持。

关键词：美国白蛾，周氏啮小蜂，信息化合物，定位

白蛾周氏啮小蜂嗅觉相关基因的鉴定及气味结合蛋白的功能分析

张新玥 相伟芳 潘丽娜 朱耿平 刘 强 李 敏

天津师范大学生命科学学院, 天津市动植物抗性重点实验室, 天津 300387

周氏啮小蜂 *Chouioia cunea* 为世界性检疫害虫美国白蛾 *Hypanthia cunea* 蛹期重要的内寄生性天敌, 在林木害虫生物防治方面有着广阔的应用前景。对于寄生性天敌而言, 嗅觉系统在寄主识别以及其它生理行为中起着重要作用。其中气味结合蛋白在这个复杂的过程中充当了运送和卸载信息化化合物的载体, 对于昆虫与外界进行信息交流具有重要意义。目前对白蛾周氏啮小蜂的嗅觉识别机制方面的研究比较缺乏, 对其气味结合蛋白功能的鉴定分析有助于我们进一步理解研究昆虫嗅觉机制, 为更好的利用白蛾周氏啮小蜂提供支持。在本研究中, 对 *C. cunea* 触角转录组进行测序, 共得到了 25 个 OBP, 80 个 OR, 10 个 IR, 11 个 CSP, 1 个 SNMP 和 17 个 GR 基因, 对部分基因进行了 RT-PCR 及 RT-qPCR, 分析各个基因在不同组织的表达情况; 结果显示, 6 个 OBPs, 9 个 ORs 和 6 个 GRs 在雌雄触角中特异性表达, 暗示了这些蛋白在寄生蜂搜寻寄主的过程中可能具有重要功能。此外, 还克隆表达纯化了一个气味结合蛋白 CcOBP2, 利用荧光竞争结合实验对目的蛋白进行气味结合特性分析, 结果发现 CcOBP2 蛋白的结合范围广泛, 且与蛹挥发物中的多种物质发生结合。

关键词: 周氏啮小蜂, 嗅觉机制, 化学感受蛋白, 气味结合蛋白

寄生蜂毒液蛋白组分与功能的研究进展

张 顺* 刘佩旋 郑雅楠**

沈阳农业大学 林学院, 沈阳 110866

寄生蜂是林业害虫的重要天敌, 能够有效的控制害虫的发生和危害。寄生蜂主要通过向寄主害虫体内注射毒液, 抑制寄主免疫, 进而杀死寄主起到生物防治的作用。在这一过程中, 毒液中的毒液蛋白起着至关重要的作用, 毒液蛋白有助于寄生蜂在觅食和防御中麻痹或杀死其他昆虫, 为寄生蜂的生存和繁衍提供了有力的条件。而对寄生蜂毒液蛋白进行系统的研究, 明确寄生蜂毒液中各种蛋白的组成成分和功能, 将有利于我们在生物防治过程中更好的利用寄生蜂防治害虫。目前, 对寄生蜂毒液蛋白的研究相对薄弱, 主要集中在其组分的研究上。寄生蜂毒液中的主要成分是蛋白质和多肽, 根据蛋白质功能类别的不同又可分为: 酶、蛋白酶抑制剂、免疫相关蛋白、识别/结合蛋白、麻痹蛋白、伴侣蛋白及其他, 这些不同的毒液蛋白组分能够协同作用于寄主细胞, 不仅可以抑制寄主细胞免疫、体液免疫、生长发育和生殖发育, 还起到麻痹寄主的作用。除此之外, 寄生蜂毒液蛋白能够维持自身及其子代在寄主体内正常的生长发育, 同时也是寄生蜂觅食和防御的有效工具。迄今为止, 已明确多种寄生蜂(包含内寄生蜂和外寄生蜂)毒液蛋白中的组分及部分功能, 对于寄生蜂毒液蛋白功能还需进行深入研究, 进一步了解寄生蜂毒液蛋白的作用机制, 能够更好的为研发新型生物防治药剂提供理论依据, 同时也可以将其毒液蛋白应用到更广泛的领域, 创造其应用价值。本文对寄生蜂毒液蛋白的组分和毒液蛋白对寄主免疫、生长发育的调控功能进行了综述与展望。

关键词: 寄生蜂, 毒液蛋白, 组分, 功能

基金项目: 沈阳市国家级科技思想库决策咨询课题 (Sxk-201471P)。

*第一作者 (zhangshun1994@sina.com)

**通讯作者 (rockyya@163.com)

土壤处理绿僵菌对黄野螟化蛹及羽化的影响

熊鸿鹏* 温秀军** 王 偲**

华南农业大学林学与风景园林学院，广东省森林植物种质创新与利用重点实验室，广州 510642

【目的】黄野螟 (*Heortia vitessoides* Moore) 是我国珍贵药用植物土沉香 (*Aquilaria sinensis*) 的重要食叶害虫，因其生长过程中取食大量土沉香叶片，严重制约了土沉香的规模化种植。目前，以化学农药为主的防治措施易造成农药残留问题。本实验根据黄野螟入土化蛹的特性，探索生物农药 (绿僵菌) 对黄野螟化蛹及羽化的影响。**【方法与结果】**首先研究不同浓度绿僵菌对黄野螟羽化的影响，计算得出 LC_{25} 、 LC_{50} 与 LC_{90} 值分别约为 1.9×10^6 、 4.2×10^6 和 1.9×10^7 孢子/克土壤。此外，通过选择实验研究黄野螟对混有不同浓度绿僵菌 (1×10^7 、 1×10^8 和 1×10^9 孢子/克土壤) 的菌土和对照土的选择行为。结果显示，在不同处理和对照土壤中化蛹的黄野螟数量没有显著差异，说明绿僵菌对化蛹黄野螟没有驱避性。**【结论】**实验室条件下绿僵菌可以降低黄野螟的化蛹及羽化数量，其结果为绿色有效的控制黄野螟种群提供了新的思路。

关键词：绿僵菌，黄野螟，蛹室，蛹生理，土壤化蛹，羽化

*第一作者 (x-hongpeng@stu.scau.edu.cn)

**通讯作者 (wenxiujun@scau.edu.cn; wangcai@scau.edu.cn)

土壤处理绿僵菌对灰茶尺蠖化蛹及羽化的影响

王慧芳* 梁仕萍 温秀军** 王 偲**

华南农业大学林学与风景园林学院, 广东省森林植物种质创新与利用重点实验室, 广东广州 510642

【目的】灰茶尺蠖 (*Etropis grlsescens* Warne) 是严重危害我国茶树的食叶害虫。近年来, 化学农药残留问题日益加剧, 茶树害虫的非化学防治逐渐受到重视。此前的研究表明灰茶尺蠖老熟幼虫大多离开寄主植物入土化蛹。因此, 笔者欲探究生物农药(绿僵菌)处理土壤对灰茶尺蠖的影响。【方法】在本实验中, 通过在实验室条件下设计选择性实验和非选择性实验来研究不同浓度 (1×10^6 , 5×10^6 , 1×10^7 , 5×10^7 , 1×10^8 , 5×10^8 和 1×10^9 孢子/克土壤) 的绿僵菌处理砂质壤土 (50%湿度) 对灰茶尺蠖化蛹及羽化的影响。其中选择性实验将容器均分四室, 分别填充混有不同浓度 (1×10^7 , 1×10^8 或 1×10^9 孢子/克土壤) 绿僵菌的菌土和对照土, 每组重复8次以研究灰茶尺蠖的化蛹偏好。非选择性实验设置对照土和不同浓度 1×10^6 , 5×10^6 , 1×10^7 , 5×10^7 , 1×10^8 , 5×10^8 或 1×10^9 孢子/克土壤) 的有菌土, 每组重复8次以研究不同浓度的绿僵菌对灰茶尺蠖化蛹及羽化的影响。【结果】选择性实验结果表明灰茶尺蠖在对照土中的化蛹量显著高于 1×10^8 (孢子/克土壤) 浓度的有菌土, 且对照土中蛹的成活量显著高于有菌土。非选择性实验结果计算得出灰茶尺蠖的 LC_{25} 、 LC_{50} 与 LC_{90} 值分别约为 1.27×10^6 、 2.96×10^6 和 1.48×10^7 孢子/克土壤。【结论】本研究为灰茶尺蠖的非化学防治提供了一定的思路。例如, 可通过用绿僵菌处理土壤以对灰茶尺蠖进行防治, 然而有效性尚需野外研究进行验证。

关键词: 绿僵菌, 土壤, 灰茶尺蠖, 化蛹行为, 羽化

*第一作者 (1025922780@qq.com)

**通讯作者 (wenxiujun@scau.edu.cn; wangcai@scau.edu.cn)

嗜线虫致病杆菌属 PirAB 蛋白的克隆表达及互作蛋白的筛选鉴定

杨 晴* 李天慧 陈可欣 宋 萍 王勤英 南宫自艳**

河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000

【目的】PirAB 二元毒素最初在 *Photorhabdus luminescens* TT01 菌株中发现, 对多种昆虫具有较高的杀虫活性。通过基因组数据筛查发现嗜线虫致病杆菌属中也存在该毒素基因。本研究从 *Xenorhabdus nematophila* HB310 中克隆并原核表达该毒素蛋白, 研究其对大蜡螟 *Galleria mellonella* 的杀虫活性, 并进一步筛选出 PirAB 蛋白在寄主体内的互作蛋白。**【方法】**首先根据 GenBank 已登录的 *X. nematophila* ATCC19061 基因组序列信息为参考, 分别克隆表达 PirA、PirB 和 PirAB 蛋白, 并以大蜡螟 5 龄幼虫为试虫进行杀虫活性测定; 然后采用 His-pull down 和 Ligand blotting 方法初步筛选出 PirAB 的互作蛋白; 并通过酵母双杂交技术验证其互作关系。**【结果】**从 *X. nematophila* HB310 基因组中克隆了 *pirA* 和 *pirB* 基因, 生物信息学分析显示 *pirA* 基因完整开放阅读框全长 408bp, 蛋白分子量为 14.9kDa; *pirB* 基因完整开放阅读框全长 1290bp, 蛋白质分子量为 48.2kDa, 该蛋白含有类似 Bt Endotoxin 内毒素结构域和 Jacalin_like 凝集素结构域。原核表达得到了重组蛋白 PirA、PirB 和 PirAB, 生物活性测定结果表明单独的 PirA 和 PirB 蛋白对大蜡螟没有血腔杀虫活性, 但是 PirA+PirB 蛋白和 PirAB 均表现出明显的血腔杀虫活性, LD₅₀ 分别为 2.718μg/头和 1.565μg/头。通过 His-Pull down 和 Ligand blotting 的方法在大蜡螟体内初步筛选出 PirAB 蛋白的互作蛋白——芳香基贮存蛋白(Arylphorin)。对该蛋白进行基因克隆和生物信息学分析, 结果显示该蛋白基因全长为 2109bp, 含有 3 个功能结构域 (Hemocyanin-N、Hemocyanin-M 和 Hemocyanin-C), 其中结构域 Hemocyanin-C 具有免疫和识别功能。采用酵母双杂交技术分别验证 PirA 和 PirB 蛋白与芳香基贮存蛋白结构域 Hemocyanin-C 的互作关系, 结果显示结构域 Hemocyanin-C 与 PirA 和 PirB 蛋白均可产生互作反应。**【结论】**本研究证实来自 *X. nematophila* HB310 基因组的 PirAB 蛋白同样属于二元毒素, 对大蜡螟具有很高的血腔注射活性。进而从大蜡螟虫体内初步筛选出一种 PirAB 蛋白的互作蛋白——芳香基贮存蛋白, 并验证了二者的相互作用关系。本研究结果对于从分子水平研究嗜线虫致病杆菌属 PirAB 蛋白的作用机制具有重要意义。

关键词: 嗜线虫致病杆菌, PirAB 蛋白, 大蜡螟, His-Pull down, Ligand blotting, 酵母双杂交

基金项目: 河北省自然科学基金项目 (C2016204107); 河北省现代农业产业技术体系棉花创新团队。

*第一作者 (yangqingzr@126.com)

**通讯作者 (ngzyheb@163.com)

嗜线虫致病杆菌几丁质结合蛋白对几丁质酶生物活性的影响

刘 佳* 郑纯纯 罗慧兰 宋 萍 南宫自艳 王勤英**

河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000

【目的】为了解从嗜线虫致病杆菌 (*Xenorhabdus nematophila*) HB310 品系中克隆并原核表达的重组几丁质结合蛋白 *Xn*-CBP 对重组几丁质酶 *Xn*-Chi60 和 *Xn*-Chi70 增效活性的影响。**【方法】**以 Bt Cry1Ac 蛋白为供试毒素, 以棉铃虫二龄幼虫为供试昆虫, 测定了几丁质结合蛋白对两种几丁质酶 *Xn*-Chi60 和 *Xn*-Chi70 杀虫增效活性的影响。以白菜黑斑病菌孢子 (*Alternaria brassicicola*)、棉花枯萎病菌孢子 (*Verticillium dahliae*) 和葡萄白腐病菌孢子 (*Coniothyrium diplodiella*) 为供试材料, 测定了几丁质结合蛋白 *Xn*-CBP 对几丁质酶 *Xn*-Chi60 和 *Xn*-Chi70 抑菌活性的影响。**【结果】**杀虫毒力测定结果表明, Cry1Ac 对棉铃 2 龄幼虫的毒力为 27.41 $\mu\text{g}/\text{mL}$, 加入 *Xn*-Chi70 后毒力升高了 1.42 倍, 加入 *Xn*-Chi60 或同时加入二者后毒力变化不大。而在 Cry1Ac 蛋白中加入上述几丁质酶与 *Xn*-CBP 的混合物后毒力分别升高了 2.19 倍、1.94 倍和 1.08 倍。由此可见, *Xn*-CBP 对几丁质酶 *Xn*-Chi60 和 *Xn*-Chi70 具有协同增效作用, 即 *Xn*-CBP 能提高几丁质酶 *Xn*-Chi60 和 *Xn*-Chi70 对 Cry1Ac 的增效活性。孢子萌发抑制实验结果表明, 几丁质酶处理后 3 种病菌孢子比对照中 3 种病菌孢子的 50% 孢子萌发时间明显增长了, 而加入几丁质结合蛋白 *Xn*-CBP 后的孢子比加入几丁质酶处理的孢子 50% 孢子萌发时间更长了。说明几丁质酶 *Xn*-Chi60 和 *Xn*-Chi70 对三种植物病原菌的孢子萌发均有一定的抑制作用, 而 *Xn*-CBP 能显著提高两种几丁质酶对孢子萌发的抑制作用。**【结论】**几丁质结合蛋白 *Xn*-CBP 对几丁质酶 *Xn*-Chi60 和 *Xn*-Chi70 有协同增效作用。

关键词: 嗜线虫致病杆菌, 几丁质结合蛋白, 几丁质酶, 杀虫活性, 抑菌活性, 协同增效作用

基金项目: 河北省自然科学基金资助项目 (C2014204117), 河北省棉花产业体系。

*第一作者 (15031210252@126.com)

**通讯作者 (wqinying@hebau.edu.cn)

武昌罗索线虫转录组测序和性别决定差异基因筛选及功能研究

陶斯莹 王国秀

华中师范大学生命科学学院 遗传调控与整合生物学湖北省重点实验室, 武昌 430079

昆虫病原索科线虫是一类宝贵的昆虫天敌资源, 在蔬菜、农林及卫生害虫生物防治方面具有很好的应用前景。该类线虫的性别决定较为特殊, 寄生期的营养竞争压力决定其雌、雄性别分化(属环境决定型), 然而目前鲜见动物这一特殊性别决定机理的研究与报道, 本课题组前期实验分析发现蚊类寄生武昌罗索线虫 (*Romanormis wuchangensis*) 与模式线虫 (*Caenorhabditis elegans*) 的性别决定通路相差较大。据此, 本研究通过取材雌雄武昌罗索线虫不同寄生期样本进行转录组测序, 依据秀丽线虫性别决定通路, 筛选性别差异基因, 探究武昌罗索线虫性别决定机制。使用荧光定量、RNA 干扰等技术对所选择基因进行功能研究, 探究基因在线虫不同发育期的表达量和干扰后对其性别分化的影响。通过对所选用寄生 3d、4d、5d 雌雄线虫转录组的测序并结合本课题组前期转录组数据分析结果, 筛选出 *fem-1*、*tra-1*、*fox-1*、*mab-7*、*tra-2*、*laf-1*、*gld-1*、*mab-3*、*mab-5* 等 9 个性别分化与决定表达差异基因, 并初步选取 4 个基因 *fem-1*、*tra-1*、*fox-1*、*mab-7* 进行功能分析。生物信息学分析显示这 4 个基因均与中华卵索线虫 (*Ovomermis sinensis*) 的亲缘关系最近。根据荧光定量结果显示: *fem-1* 基因在线虫寄生期第 5d、7d 表达量出现极显著差异 ($p < 0.001$), *fox-1* 在寄生 5d 出现极显著差异 ($P < 0.001$)、寄生 7d 出现显著差异 ($p < 0.005$), *tra-1* 基因在寄生后期出现极显著差异 ($P < 0.001$)。RNA 干扰结果显示: 干扰 *fem-1* 基因后脱出线虫的雌雄比与对照组相比明显增加且差异极显著 ($P < 0.001$), 表明干扰 *fem-1* 基因后线虫朝向雌性化发育; *fox-1* 基因干扰后线虫雌雄比减小且差异显著 ($P < 0.005$), 表明干扰 *fox-1* 基因后偏向雄性化发育; *mab-7* 基因干扰后线虫的雌雄比较对照组明显增加且差异显著 ($P < 0.005$), 说明干扰后该基因有偏向雌性发育。以上实验结果表明这些基因均与武昌罗索线虫的性别决定与分化有关, 推测这 4 个基因可能在武昌罗索线虫性别调控通路中起重要作用。本研究结果不仅对动物营养决定性别分化分子机制的研究具有重要科学意义, 而且对索科线虫性别控制技术的建立及其大量体外培养用于害虫生物防治具有潜在的实用价值。

关键词: 武昌罗索线虫, 转录组, 性别决定与分化, 荧光定量, RNA 干扰

昆虫病原线虫胶囊剂型的研制及对小地老虎致病力的测定

李天慧* 李东越 宋 萍 王勤英 南宫自艳**

河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000

【目的】昆虫病原线虫是一种重要的生物防治因子,但是在实际应用中受到多方面因素的限制。目前,研制开发线虫商品化剂型及优化其应用技术显得尤为重要。本实验将针对这一科学问题展开研究,为更便捷地使用线虫防治地下害虫提供科学依据。**【方法】**本实验以昆虫病原线虫 *Steinernema carpocapsae* HB310 为研究对象,以海藻酸钠、黄原胶、氯化钙和甘油为主要成分研制昆虫病原线虫胶囊,测定长期保存后线虫存活率;以4龄小地老虎 *Agrotis ypsilon* 为试虫测定线虫致病力。并进一步优化胶囊配方,在原配方的基础上分别添加9%葡萄糖、亚油酸/油酸和玉米叶粉,采用平皿法测定小地老虎对不同配方线虫胶囊的取食选择性,筛选出对小地老虎具有直接取食引诱效果的线虫胶囊配方。**【结果】**首先以18%甘油溶液诱导 *S. carpocapsae* HB310 线虫进入休眠,然后再添加一定比例的海藻酸钠、黄原胶、甲醛和山梨酸钾制得线虫悬浮液(I液),将其滴加入含有氯化钙和甘油的II液中,制得直径为2-5mm的圆形颗粒状线虫胶囊,线虫在胶囊内呈休眠状态。线虫在16℃及密封条件下长期保存4个月后,检测结果显示线虫存活率为100%,线虫对4龄小地老虎校正死亡率为75%。线虫胶囊配方改进后,生测结果表明小地老虎对含有葡萄糖成分的线虫胶囊取食量最高,12h已完全取食胶囊颗粒;小地老虎直接取食线虫胶囊48h后, *S. carpocapsae* HB310 线虫对小地老虎致死率达到100%。**【结论】**本实验证实以海藻酸钠、氯化钙、黄原胶为主要成分的昆虫病原线虫胶囊可以用于长期保存线虫。含葡萄糖成分的线虫胶囊对小地老虎这类咀嚼式口器的地下害虫具有很好的取食引诱性,可以直接用于田间撒施、防治害虫。本研究是对昆虫病原线虫商品化剂型研制开发所进行的一次有益探索,也为线虫的田间应用提供了一种新的思路。

关键词: 昆虫病原线虫, 胶囊剂型, 小地老虎, 取食选择性, 致病力

基金项目: 河北省自然科学基金项目 (C2016204107)。

*第一作者 (1341085316@qq.com)

**通讯作者 (ngzyheb@163.com)

中华卵索线虫性别决定机制初探

文桂桂 王国秀

华中师范大学生命科学学院 遗传调控与整合生物学湖北省重点实验室, 武昌 430079

中华卵索线虫 (*Ovomermis sinensis*) 寄生于多种鳞翅目昆虫体内, 由于其在自然界分布有限, 严重阻碍了它对害虫的生物防治效果。为扩大中华卵索线虫的培养, 本文对其营养决定性别分化机制进行了初步探讨。人工感染棉铃虫实验结果显示: 脱出的寄生后期线虫雌雄比例与其寄生强度成反比 (寄生强度分别为 5 和 40 时, 脱出的线虫全为雌虫和雄虫), 与宿主龄期、宿主大小、宿主取食时间成正比 (如宿主 4 龄、体重/体长为 $160.30 \text{ mg} \pm 12.71 \text{ mg} / 241 \pm 5.24 \text{ mm}$ 、不限制取食, 则寄生线虫越趋发育为雌虫), 说明中华卵索线虫的雌雄性比与寄生期所能获取的营养多少有关。转录组测序分析筛选出中华卵索线虫 8 个性别分化相关基因: *laf-1*、*tra-3*、*tra-2*、*fem-1*、*tra-1*、*mab-3*、*mab-7* 和 *fox-1*。荧光定量结果显示: 与正常取食组相比, 限制取食组 (宿主每天限制取食 4 小时) 线虫寄生第 3 天 *mab-3*、*fem-1*、*tra-3* 显著上调 ($P < 0.05$), *mab-7* 显著下调 ($P < 0.05$); 寄生 5 天 *mab-3* 显著上调 ($P < 0.05$), *laf-1*、*mab-7* 显著下调 ($P < 0.05$); 寄生 7 天 *laf-1*、*mab-7* 显著下调 ($P < 0.05$); 脱出后线虫 *tra-1* 显著上调 ($P < 0.05$)、*fox-1* 显著下调 ($P < 0.05$)。综上所述, *laf-1*、*tra-3*、*fem-1*、*mab-3*、*mab-7* 在线虫寄生期的表达有差异, *tra-1*、*fox-1* 在脱出后线虫中有差异, *tra-2* 在线虫整个发育期均无差异。以上实验结果显示: *laf-1*、*tra-3*、*fem-1*、*mab-3*、*mab-7* 可能为中华卵索线虫的性别决定基因, 即 *laf-1*、*tra-3* 促进雌性发育, *fem-1*、*mab-3*、*mab-7* 促进雄性发育, 并且 *mab-7* 可能在 *mab-3* 的下游, 受 *mab-3* 的负调控; *tra-1*、*fox-1* 与雌雄生殖腺发育有关, 而不参与性别决定, *tra-2* 与性别决定无关。本研究不仅为昆虫病原索科线虫性别分化机理的进一步研究奠定基础, 而且为该种天敌线虫的大量培养及田间释放应用提供参数。

关键词: 中华卵索线虫, 性别决定, 转录组, 荧光定量。

布氏白僵菌对茶丽纹象甲成虫的致病力评价

王定锋 吴光远*

福建省农业科学院茶叶研究所, 福建福安 355015

【目的】为开发防治茶丽纹象甲 *Myllocerinus aurolineatus* 的真菌杀虫剂, 本研究评价了 12 个从鞘翅目昆虫上分离的布氏白僵菌 *Beauveria brongniartii*, 对茶丽纹象甲成虫的杀虫活性。**【方法】**采用直尺交叉法测定菌株生长速率, 打孔器打取菌块测定菌株产孢量和孢子萌发率以及采用浸虫法对茶丽纹象甲成虫进行室内生测, 最终筛选出一株对茶丽纹象甲成虫具有最强生防潜力的布氏白僵菌菌株 Bbr52。**【结果】**布氏白僵菌 Bbr52 菌株生长速率和产孢量较其它菌株好; 对茶丽纹象甲成虫具有最强的致病力, 用 5.0×10^7 孢子/mL 孢悬液处理 7d 后该菌株对茶丽纹象甲成虫的累计校正死亡率为 100%, 僵虫率为 69.44%, LT_{50} 为 4.59 d。**【结论】**布氏白僵菌 Bbr52 菌株对茶丽纹象甲成虫致病力强, 具有良好的应用前景。

关键词: 布氏白僵菌, 茶丽纹象甲, 生物学特性, 致病力, 菌株筛选

基金项目: 福建省自然科学基金项目 (2015J01099); 国家茶叶产业技术体系项目 (CARS-23); 福建省农业科学院茶叶研究所重点项目 (2014-cys-02)。

*通讯作者

糖胶树花挥发物成分分析

史先慧* 刘朝玉 茅裕婷 唐丽萍 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】糖胶树【*Alstonia scholaris*】属夹竹桃科(Apocynaceae)鸡骨常山属(*Alstonia*), 是常用的药用树种。糖胶树花气味独特, 为了明确糖胶树花挥发物的具体成分及其对人体的影响而进行分析。【方法】采用动态顶空吸附采集法提取糖胶树花挥发物, 联合气相色谱-质谱(GC-MS)联用仪分析挥发物成分, 通过气质联用仪计算机的NIST2008谱库, 得出谱库检索报告, 结合匹配度手动检索出各个物质对应的中文名称, 对各挥发物成分进行定性, 应用总离子流峰面积归一化法计算出各挥发物成分在总挥发物中的相对百分含量。【结果】共检测出13个组分, 主要出峰时间在6~17min之间, 各种物质相对含量为: 醇类化合物53.13%、萜烯类化合物20.54%、烯炔类化合物12.74%、醛类化合物3.53%、呋喃衍生物2.49%、酮类化合物1.36%以及烷烃类化合物0.44%。主要成分为: 桉叶油醇(28.24%)、(Z)-8-十二烯-1-醇(18.32%)、 β -水芹烯(17.95%)、1R- α -蒎烯(11.70%)、芳樟醇(6.21%)。【结论】糖胶树花挥发物主要成分可以用于抑菌杀菌、制作香料和生物活性杀虫剂等, 对人体不产生毒副作用。

关键词: 糖胶树花, 动态顶空吸附法, 挥发物, GC-MS

*第一作者 (1015864959@qq.com)

**通讯作者 (wenxiujun@scau.edu.cn)

三种植物无水乙醇提取物对红火蚁的杀虫活性比较

唐丽萍* 林 同**

华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642

【目的】探究黄花夹竹桃、马樱丹、变叶木 3 种植物的无水乙醇粗提物是否具有毒杀活性, 及比较 3 种植物粗提物对红火蚁杀虫活性的强弱。【方法】利用索氏提取器对黄花夹竹桃、马樱丹、变叶木 3 种植物的活性成分进行提取, 对红火蚁进行室内生物测定。3 种植物分别设置 100 mg/mL、50 mg/mL、25 mg/mL、12.5 mg/mL、6.25 mg/mL 五种浓度梯度对红火蚁进行喷洒处理, 同一处理同一浓度设置三组重复, 每组分别放置 20 头红火蚁, 并设置无水乙醇空白对照, 在放入红火蚁后 12、24、36、48、60 及 72 小时的时候观察, 按时清点并记录红火蚁的死亡数量, 利用公式 (校正致死率= $\frac{\text{处理致死率}-\text{对照致死率}}{1-\text{对照致死率}}$) $\times 100\%$) 计算其校正死亡率, 利用 spss 20.0 软件对实验数据进行分析。【结果】浓度为 100mgDW·mL⁻¹ 的黄花夹竹桃、马樱丹植物粗提物在 36h 时杀虫率均达到了 80% 以上, 变叶木的 100mgDW·mL⁻¹ 粗提物致死率约为 50%, 浓度为 50mgDW·mL⁻¹ 的黄花夹竹桃粗提物杀虫率在 36h 时均达低于 70%, 马樱丹、变叶木的粗提物致死率低于 40%。高浓度植物杀虫剂对红火蚁的致死率比低浓度高, 随着时间的增长, 红火蚁的致死率也在增长。毒力测定显示 3 种植物对红火蚁 36 h 毒力由高到低依次为黄花夹竹桃、马樱丹、变叶木, 致死中浓度 LC₅₀ 分别是 28.511, 43.798, 201.439 mgDW·mL⁻¹; 60 小时致死中浓度 LC₅₀ 分别是 21.05, 31.61, 165.394mgDW·mL⁻¹。【结论】3 种植物无水乙醇的粗提取物均对红火蚁产生杀虫毒性, 且随着提取物浓度的升高, 时间的延长, 毒性增强, 红火蚁死亡率升高; 同一种植物提取物各浓度作用下的红火蚁死亡率间均有显著差异 ($P<0.05$)。3 种植物无水乙醇粗提物中黄花夹竹桃的杀虫效果最好。

关键词: 红火蚁, 黄花夹竹桃, 马樱丹, 变叶木, 杀虫活性

基金项目: 国家自然科学基金资助 (31470653, 31170612)。

*第一作者 (Tanglipinggz@163.com)

**通讯作者 (lintong@scau.edu.cn)

烟粉虱CYP6CM1vQ对环氧虫啉中间体NTN32692降解特性研究

须志平^{1*} 吴嘉瑶¹ 张懿熙² 邵旭升¹ 徐晓勇¹ 程家高¹ 李 忠¹

1. 华东理工大学 上海市化学生物学(芳香杂环)重点实验室, 上海 200237;

2. 南京农业大学植物保护学院, 南京卫岗 210095

在已知的新烟碱类杀虫剂抗性发展过程中, 害虫体内相关解毒代谢酶活性升高是其对新烟碱类杀虫剂敏感性降低的主要原因, 特别是与细胞色素 P450s 的过量表达密切相关。在烟粉虱 (*Bemisia tabaci*) 体内, 吡虫啉的代谢主要由 CYP6CM1vQ 完成, 且可以分别代谢不同类型杀虫剂, 如啉虫脒、噻虫嗪、吡蚜酮、蚊蝇醚等。相比于传统新烟碱杀虫剂, 顺硝烯新烟碱杀虫剂环氧虫啉在碱性条件下稳定, 酸性条件下易水解为中间体 NTN32692。前期与靶标受体的结合试验表明, NTN32692 与 nAChR 的结合能力是环氧虫啉的 15~40; 此外, 生物活性测定试验还表明在对苜蓿蚜 (*Aphis craccivora*) 的毒力效果和致死速率变化中, NTN32692 杀虫活性明显高于环氧虫啉; 在相同处理时间内, 与环氧虫啉相比, NTN32692 作用于苜蓿蚜的时间更快, 杀虫活性更高。因此研究高活性化合物 NTN32692 在昆虫体内的代谢机制就显得尤为重要。

本文通过体外构建重组表达质粒, 利用 Bac-to-Bac 昆虫杆状病毒表达系统在昆虫 Sf9 细胞中对 CYP6CM1vQ 和 CPR 进行功能性表达。随后利用 UPLC、LC-MS/MS 等化学分析方法, 采用 NADPH 再生启动系统对 NTN32692 的代谢情况进行研究, 同时以吡虫啉作为检测重组蛋白酶活性的阳性对照。结果表明吡虫啉可以被 CYP6CM1vQ 羟基化, 代谢反应的米氏常数 $K_m=5.84\pm 1.82\mu\text{m}$, 证明重组蛋白均为阳性蛋白; 经过孵育后检测发现 NTN32692 也可以被 CYP6CM1vQ 代谢, NTN32692 咪唑环亚甲基位置可能被羟基化, 代谢反应的米氏常数 $K_m=15.09\pm 1.80\mu\text{m}$ 。

前期的交互抗性研究表明环氧虫啉对抗吡虫啉的褐飞虱 (*Nilaparvata lugens*) 和抗噻虫嗪的烟粉虱都具有很好的防治效果, 无明显交互抗性。本研究中, 在离体条件下 CYP6CM1vQ 可以代谢环氧虫啉重要中间体 NTN32692; 但与吡虫啉相比, 两者的 K_m 值相差较大, CYP6CM1vQ 对吡虫啉的亲合力要大于 NTN32692, 两者代谢发生程度上可能存在差异, 因此活体条件下彼此是否存在交互抗性还有待进一步研究。

关键词: 环氧虫啉, NTN32692, 代谢机制, 烟粉虱, CYP6CM1vQ

*通讯作者 (zhipingxu@ecust.edu.cn)

多个细胞色素 P450 基因介导吡虫啉和毒死蜱复配对褐飞虱的协同增效作用

徐 鹿* 徐德进 徐广春 许小龙 顾中言**

江苏省农业科学院植物保护研究所, 南京 210014

【目的】褐飞虱对吡虫啉和毒死蜱已形成高水平的抗药性, 吡虫啉和毒死蜱合理复配可提高对褐飞虱的毒力达到协同增效作用。细胞色素 *P450* 是褐飞虱体内重要的解毒酶类, 可以代谢吡虫啉和毒死蜱降低到达作用靶标的有效药物量, 本研究旨在明确细胞色素 *P450* 基因在吡虫啉和毒死蜱协同增效中的作用, 探讨吡虫啉和毒死蜱复配协同增效的分子机制。**【方法】**首先, 利用吡虫啉、毒死蜱及其增效混剂点滴处理褐飞虱三龄若虫, 6 小时后收集幸存若虫; 其次, 利用 qRT-PCR 检测吡虫啉、毒死蜱及其增效混剂处理的褐飞虱三龄若虫细胞色素 *P450* 基因的表达情况, 分析三者之间存在显著差异的细胞色素 *P450* 基因; 最后, 利用 RNAi 技术干扰差异表达的细胞色素 *P450* 基因, 分析吡虫啉和毒死蜱复配对褐飞虱的毒力。**【结果】***CYP307B1*、*CYP6AY1v2*、*CYP6CS1v2*、*CYP6ER1v2*、*CYP6FU1*、*CYP4C62v2*、*CYP4DD1*、*CYP4I7B1*、*CYP425A1*、*CYP425B1*、*CYP426A1*、*CYP439A1*、*CYP302A1* 和 *CYP353D1* 被吡虫啉和毒死蜱诱导, 而吡虫啉和毒死蜱复配抑制这些基因的表达量, 下降了 1.6-12.3 倍。注射这些基因的 dsRNA, 吡虫啉和毒死蜱混剂处理后, 表达量上升了 2.0-11.5 倍, 褐飞虱的死亡率下降了 53%-72%。**【结论】**细胞色素 *P450* 降低了吡虫啉和毒死蜱到达作用靶标的有效药物量, 细胞色素 *P450* 基因介导吡虫啉和毒死蜱复配对褐飞虱的协同增效作用, 为农药合理混配提供理论依据, 为新型农药的研制提供新的分子靶标, 应用前景广阔。

关键词: 褐飞虱, 细胞色素 *P450* 基因, 吡虫啉和毒死蜱复配, 协同增效

基金项目: 国家重点研发计划资金项目 (2017YFD0200305)。

**第一作者 (xulupesticide@163.com)

***通讯作者 (zhongyangu@yeah.net)

球孢白僵菌与印楝素混配对温室白粉虱药效评价

卫秋阳* 刘 怀**

西南大学植物保护学院，昆虫及害虫控制工程重庆市市级重点实验室，重庆 400716

【目的】温室白粉虱 (*Trialeurodes vaporariorum*) 属同翅目、粉虱科，是一种世界性的重要温室害虫，以成虫、若虫吸食植物汁液、传播各类病，群集危害多种蔬菜及观赏植物。而在重庆地区粉虱类害虫适生指数较高，虫害频发，尤以当地烟草种植业遭受温室白粉虱危害最为严重。近年来，由于“绿色植保”概念愈发深入人心，使得生物防治措施逐渐受到追捧，然而在实际应用中，生防手段往往面临起效慢、控制效果欠佳的缺点，通过合理的药剂混配被认为是克服这一问题的重要手段。【方法】，本研究选取球孢白僵菌 (*Beauveria bassiana*) 这一对粉虱类害虫具有高致病力的虫生真菌以及对若虫高毒性的生物源农药印楝素进行混配试验。首先对二者进行防效评价，并利用印楝素制成含毒培养基，明确二者能够相容混配后将二者分别以 LC_{50} 浓度按照 9: 1、4: 1、1: 1、1: 4 和 1: 9 比例进行混配，以共毒系数 (CTC) 为评价指标对其毒力进行评价。【结果】试验结果测得球孢白僵菌 LC_{50} 为 3.99×10^6 个/mL，印楝素 LC_{50} 为 5.76 mg/L；在相容性试验中，当印楝素浓度小于 500mg/L 时，均表现出较好相容性，尤以当浓度为 5mg/L 时，抑制率仅为 19.6%；混配实验中，共毒系数范围在 41.03~294.23 之间，尤其当印楝素与球孢白僵菌在 1: 4, 1: 1 情况下共毒系数分别为 294.23, 104.18 表现为增效作用。【结论】综上所述，印楝素与球孢白僵菌在 LC_{50} 浓度下以 1: 4 比例混配具有极显著的增效作用。

关键词：球孢白僵菌，印楝素，温室白粉虱，共毒系数

基金项目：重庆市社会事业与民生保障科技创新专项(cstc2015shms-ztzx80011)；中国烟草总公司重庆市公司烟草科学研究所资助项目 (20140701070018)。

*第一作者 (wqycsic@qq.com)

**通讯作者 (liuhuai@swu.edu.cn)

福建主茶区茶小绿叶蝉对常见农药的抗药性比较

李良德* 王定锋 吴光远**

福建省农业科学院茶叶研究所, 福建福安 355015

【目的】茶小绿叶蝉 *Empoasca flavescens* 是我国茶树上的头号害虫, 目前该虫在各茶区的抗药性现象已很严重, 本研究旨在测定福建省主茶区福安、安溪、武夷山的茶小绿叶蝉对茶园常用农药联苯菊酯、溴氰菊酯、高效氯氟氰菊酯、啉虫酰胺、溴虫腈的抗药性程度。【方法】以宁德王家山多年未喷施农药、未做管理的茶园为相对敏感品系, 采用采集带卵茶梢的方法, 采集各茶区茶梢、室内水培养梢繁育茶小绿叶蝉。采用浸梢法带毒处理一芽 2-3 叶茶梢, 并将茶梢晾干放于 50 mL 离心管内。通过改进的粉尘采样器采集室内繁育的 2-3 龄茶小绿叶蝉于带梢离心管中, 24 h 后测定各处理的 LC_{50} 值。

【结果】不同农药对茶小绿叶蝉敏感种群的致死中浓度 LC_{50} 分别为联苯菊酯 14.344 ppm、溴氰菊酯 38.64ppm、高效氯氟氰菊酯 55.285ppm、啉虫酰胺 10.78ppm、溴虫腈 17.383ppm。不同茶区对上述农药已产生了不同程度的抗药性, 其中福安茶区对上述农药的抗性倍数分别为 12.70、9.28、4.72、1.69、1.30 倍, 安溪为 16.81、11.20、7.69、3.27、3.44 倍, 武夷山 15.72、8.89、10.13、3.45、5.56 倍。【结论】福建各茶区小绿叶蝉对菊酯类农药抗性较明显, 茶园新农药啉虫酰胺、溴虫腈也产生了一定的抗性。

关键词: 茶小绿叶蝉, 福建, 主茶区, 常用农药, 抗药性

*第一作者 (liliangde_scau@163.com)

**通讯作者 (gywupt@163.com)

聚乙烯防蚊纱网杀蚊试验

蓝来娇^{1*} 赖娇娇 贾彩娟 温秀军^{1**}

1. 华南农业大学 林学与风景园林学院, 广东广州 510642; 2. 深圳市梧桐山风景区管理处, 广东深圳 518004

【目的】白纹伊蚊 *Aedes albopictus* 是登革热和流行性乙型脑炎的传播媒介, 喜吸食人类血液, 种群数量大、分布范围广、活动时间长, 不仅影响人类健康, 甚至危及人类生命。因此预防蚊虫叮咬的各种防蚊纺织品层出不穷, 但真正的实践效果有待检验。通过对台湾康豪奈米应用材料有限公司制备的含溴氰菊酯和氯菊酯等合成除虫菊的聚乙烯防蚊纱网进行防蚊试验, 旨在为需要购买防蚊纱网的消费者提供参考。**【方法】**将成蛹的雌性白纹伊蚊(每组 30 只)放于盛了水的小塑料杯内, 并把它们放进覆盖有用于试验的聚乙烯防蚊纱网的玻璃圆筒容器内, 然后在两侧盖上覆盖有聚乙烯防蚊纱网的铁网盖子, 使得白纹伊蚊四周接触到的均是聚乙烯防蚊纱网。每隔 6h 观察记录死亡只数, 所有白纹伊蚊死亡之后清洗纱网。清洗前为一次处理(试验 1), 第 1 次清洗为试验 2, 第 2 次清洗为试验 3, 第 3 次清洗为试验 4, 总计 4 组处理, 每处理 3 组重复。对照组则未以纱网处理, 但试验步骤与试验组相同。

【结果】(1) 雌性白纹伊蚊在接触聚乙烯防蚊纱网后最快需要 6h 才会死亡。(2) 雌性白纹伊蚊在接触清洗前的聚乙烯防蚊纱网和清洗了一次的聚乙烯防蚊纱网后, 都会在 72h 内全部死亡; 在接触清洗了两次和三次的聚乙烯防蚊纱网后, 都会在 96h 内全部死亡。(3) 雌性白纹伊蚊在不进食(水除外)其它一切正常的情况下, 会在 120h 内全部死亡。(4) 聚乙烯防蚊纱网的杀蚊效果随着清洗次数的增多逐渐降低。**【讨论】**国立中兴大学昆虫系的医学昆虫实验室对这种聚乙烯防蚊纱网的检验结果是: 聚乙烯防蚊纱网对健康的埃及伊蚊在接触 3min 后的 1h 内具 100% 击昏效果, 其 24h 致死效果亦达 100%。并且该纱网在经过 10 次洗涤试验后, 击昏效果与杀虫效果仍维持在 100%。但是本文通过试验发现该聚乙烯防蚊纱网虽有杀蚊效果, 但是效果并没有那么高, 这可能与使用的防蚊纱网储存了较长时间有关。

关键词: 白纹伊蚊, 溴氰菊酯, 氯菊酯, 聚乙烯, 防蚊纱网

基金项目: 国家自然科学基金项目(31270692)。

*第一作者(azurelan35@163.com)

**通讯作者(wenxiujun@scau.edu.cn)