

大气中二氧化碳浓度升高促进蚊科的物种形成*

唐楚飞^{1,2**} Katie E. Davis³ Cyrille Delmer⁴ Matthew A. Wills⁴ 杨 定^{2**}

(1. 江苏省农业科学院, 休闲农业研究所, 江苏南京 210014; 2. 中国农业大学植物保护学院昆虫系, 北京 100193; 3. 英国约克大学生物学院, 英国约克 YO10 5DD; 4. 英国巴斯大学米纳尔进化研究中心, 英国巴斯 BA27AY)

环境变化可影响物种的多样性、丰富度和分布。蚊科 Culicidae 作为多种致命疾病的媒介, 具有重要的医学意义。该类群昆虫物种极多, 对环境敏感, 在全球范围内广泛分布, 雌虫利用空气中二氧化碳浓度变化等定位猎物取食动物血液, 雄虫取食植物汁液。前人对蚊进行了大量的分类学研究和系统发育分析, 但一般都只能包含其中的一少部分类群。在此, 我们就环境变化, 特别是气候变化对蚊的进化产生的影响进行了探索。研究使用 MRP 超级树方法综合前人研究成果构建了蚊的大型系统发育树, 使用化石、分子数据对其进行了时间标定, 使用 BAMM 计算了蚊的分化、灭绝速率, 并以库蚊亚科和按蚊亚科、传病类群与非传病类群两分类进行了子群处理, 使用标准偏离分析测验 (DCCA) 和系统比较测验 (PGLS) 测试蚊整体与各子群与温度、大气二氧化碳浓度之间的关系, 使用熵转移测验测试蚊科物种形成速率、哺乳动物物种形成速率、温度变化趋势、大气中二氧化碳浓度变化趋势两两之间传递几率。研究结果证明气候变化与蚊子物种形成率之间具强相关关系, 首次建立了大气二氧化碳浓度与节肢动物物种形成速率的联系; 二氧化碳浓度变化对库蚊物种形成速率的影响强于对按蚊的影响, 但对传病、非传病类群之间的影响没有显著差异; 无论是整体还是子群, 二氧化碳浓度变化与其物种形成速率的相关性都明显高于温度与其的相关性。研究结果也显示, 虽然气候变化影响了蚊的进化, 但它并不是唯一的影响因素, 哺乳动物的进化也是蚊进化的影响因素之一。人类活动引起的大气二氧化碳浓度的上升可能影响蚊的物种形成与分布, 进而对人类健康产生影响。

关键词: 二氧化碳, 蚊, 超级树, 物种形成

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31772497)

**通讯作者, E-mail: tcf0816@126.com; dyangcau@126.com

聚脉长足虻亚科的多样性与系统分类（双翅目：长足虻科）^{*}

唐楚飞^{1,2**} 廖怀建¹ 杨 定²

（1. 江苏省农业科学院，休闲农业研究所，江苏南京 210014；

2. 中国农业大学植物保护学院昆虫系，北京 100193）

聚脉长足虻亚科 *Medeterinae* 隶属于双翅目舞虻总科长足虻科，目前世界已知 20 属 560 种；其中 10 属在亚洲分布。该亚科昆虫为重要的天敌昆虫，其中聚脉长足虻属 *Medetera* Fischer von Waldheim 目前世界已知 103 种，主要分布在古北区。该属昆虫幼虫能够在森林蛀干害虫产生的坑道里活动，幼虫、成虫均猎杀、取食小蠹、象甲、蚜、螨等重要害虫，可以有效地保护杉木、松木等林木。潜长足虻属 *Thrypticus* Gerst äcker 目前世界已知 95 种，能够单子叶杂草植物，尤喜取食来源于非洲的入侵植物凤眼莲。该二属昆虫在欧洲已被较为成熟地应用于有害生物综合治理。我国目前该亚科物种调查研究匮乏，仅已知 6 属 34 种，聚脉长足虻属仅 22 物种记录，潜长足虻属仅 3 种记录，且尚没有使用该两属昆虫进行生物防治的案例，分类学与生物学研究亟待进展。研究观察了国内外馆藏标本，使用马氏网、扫网等对内蒙古、陕西、宁夏、四川、西藏、湖北等地进行物种多样性补充采集调查，记述了聚脉长足虻属 19 新种，潜长足虻属 3 新种，并对其生活史、取食过程和对象、栖境的地形气候及植被等条件进行了重点观察研究，讨论了该两属在中国的分布格局。此外，本研究选取了广义长足虻科来自 37 个属的 71 个成虫形态特征进行广义长足虻科的现生类群系统发育分析，包括聚脉长足虻亚科的聚脉长足虻属、直脉长足虻属 *Paramedetera* Zhu et al., 合聚脉长足虻属 *Systemus* Loew 和潜长足虻属，探究聚脉长足虻亚科的系统发育地位。研究结果表明聚脉长足虻亚科是长足虻科较为基部的单系性类群。本研究极大地丰富了对该亚科昆虫的了解，并为其人工繁育和生物防治资源开发打下了良好的基础。

关键词：聚脉长足虻亚科，分类研究，系统发育，生物防治

^{*}基金项目：2019 年度江苏省农业科学院基本科研业务专项资金项目（重点人才配套经费）

^{**}通讯作者，E-mail: tcf0816@126.com

中国蚜小蜂科相似属的形态比较及分子系统发育分析*

司 宇 郑卉娜 李鹏雷 周军辉 黄 建 王竹红**

(福建农林大学植物保护学院, 福建福州, 350002)

蚜小蜂科 Aphelinidae 隶属膜翅目 Hymenoptera, 小蜂总科 Chalcidoidea, 该科的大多数种类是园林及农业上介壳虫、粉虱、蚜虫等害虫的寄生蜂, 在害虫的生物防治中发挥重要作用。本文对中国蚜小蜂科中 4 对相似属(四节蚜小蜂属 *Pteroptrix* 和短索蚜小蜂属 *Archenomus*、原蚜小蜂属 *Protaphelinus* 和蚜小蜂属 *Aphelinus*、拟黄蚜小蜂属 *Paraphytis* 和黄蚜小蜂属 *Aphytis*、原食蚧蚜小蜂属 *Prococcophagus* 和食蚧蚜小蜂属 *Coccophagus*) 进行了形态比较及分子系统发育分析。主要研究结果: (1) *Pteroptrix* 属和 *Archenomus* 属的触角节数不同, 分别为 7 节和 8 节; 分析基于 28S rDNA、COI 和 ITS2 rDNA 基因序列构建的 ML 树, *Archenomus* 属和 *Pteroptrix* 属独立成簇, 且亲缘关系较近。结合形态和分子分析, 建议恢复 *Archenomus* 属的属级分类地位, 而不是作为 *Pteroptrix* 属的异名; (2) 在基于 28S rDNA 和 COI 基因序列构建的 ML 树中, *Protaphelinus* 属和 *Aphelinus* 属有交叉; 而基于 ITS2 rDNA 基因序列构建的 ML 树可以区分这 2 个属, 与形态分类一致。因此, 确定 *Aphelinus* 属和 *Protaphelinus* 属各自的属阶元地位; (3) *Paraphytis* 属和 *Aphytis* 属形态相似, 主要区别为身体和前翅有无色斑和条纹。基于 28S rDNA 基因序列构建的 ML 树可以区分这两个属, 与形态分类一致。因此, 可以确定 *Paraphytis* 属和 *Aphytis* 属各自的属阶元地位; (4) 对比基于 28S rDNA、COI 和 ITS2 rDNA 基因序列构建的 ML 树, 分析发现 *Prococcophagus* 属和 *Coccophagus* 属的亲缘关系较远, 且易区分。结合形态分类和分子分析, 建议恢复 *Prococcophagus* 属的属级分类地位。

关键词: 蚜小蜂科, 相似属, 形态特征, 系统发育

*基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFD0201000; 2017YFE0104900)

**通讯作者, E-mail:wzhuhong@126.com

世界塔叶蝉族（半翅目：小叶蝉亚科）昆虫区系研究

苑晓伟 陈晓晓 袁周伟 宋月华*

（贵州师范大学喀斯特研究院/国家喀斯特石漠化防治工程技术研究中心，贵州贵阳 550001）

为了解世界塔叶蝉的物种多样性、区系成分和分布状况，并探究该类昆虫的起源与演化路径，依据世界塔叶蝉的地理分布数据，研究其区系组成特点，并运用 Arc GIS 10.2 软件进行栅格分析。结果表明：截至目前全世界共记录塔叶蝉 33 属 160 种，以零叶蝉属为优势类群，全世界 42 种，占世界塔叶蝉的 26.25%。在世界动物区划中，塔叶蝉主要分布于东洋界（属级占 42%，种级占 50.625%）和非洲界（属级占 41%，种级占 36.875%），少数属种渗透分布至古北界和澳洲界，新北界和新热带界均为广布种。塔叶蝉的特有属、种极为丰富，特有属 27 个，占塔叶蝉总属数的 81.82%，世界特有种 145 个，占塔叶蝉总种数的 90.625%。塔叶蝉的起源至少应追溯到中生代联合古陆解体之后，东洋界的中国南部和南亚诸岛是塔叶蝉的现代分布和分化中心。

关键词：叶蝉科，物种多样性，昆虫区系，分布中心，GIS

*通讯作者，E-mail: songyuehua@163.com

叶蝉科昆虫超微结构研究进展

谭 超 苑晓伟 高娅蓉 宋月华*

(贵州师范大学喀斯特研究院/国家喀斯特石漠化防治工程技术研究中心, 贵州贵阳 550001)

叶蝉科昆虫隶属于半翅目 Hemiptera、头喙亚目 Auchenorrhyncha, 是头喙亚目中种类最多的种群, 一共有 1 500 个属, 20 000 多个种。叶蝉是植食性昆虫, 具有典型的刺吸式口器, 可以直接吸食寄主植物汁液, 影响植物生长。很多叶蝉还能传播植物病毒病。本文从叶蝉科昆虫雌、雄两性的触角感器、口器、生殖系统及消化系统等方面, 综述了叶蝉科昆虫超微结构的研究进展, 总结了叶蝉各器官的形态、构造及其与功能的关系, 从而为叶蝉科昆虫不同类群间的亲缘关系及系统发育提供参考依据。最后指出研究叶蝉科昆虫超微结构的重要性以及不足之处。

关键词: 叶蝉科, 超微结构, 扫描电镜

*通讯作者, E-mail: songyuehua@163.com

世界斑叶蝉族昆虫种属组成及生物地理分布

袁周伟 熊康宁 苑晓伟 谭 超 宋月华*

(贵州师范大学喀斯特研究院/国家喀斯特石漠化防治工程技术研究中心, 贵州贵阳 55000)

【目的】为了解世界斑叶蝉族昆虫的区系分布状况, 探讨其区系组成及可能的起源与演化路径。**【方法】**运用 Excel 软件对“3I”系统中斑叶蝉族的地理分布数据进行分析。**【结果】**截至目前全世界共记录斑叶蝉 196 属 1 874 种。东洋区有 129 属 819 种 (97 个特有属, 743 个特有种), 非洲区有 49 属 276 种 (32 个特有属, 248 个特有种), 古北区有 25 属 308 种 (7 个特有属, 225 个特有种)。**【结论】**特有属由多到少为: 东洋区>非洲区>新北区>古北区>澳洲区>新热带区; 特有种由多到少为: 东洋区>新北区>非洲区>古北区>新热带区>澳洲区。此外, 斑叶蝉可能起源于联合大陆时期的劳亚大陆并向四周扩散。

关键词: 斑叶蝉族, 组成, 区系分布, 世界

*通讯作者, E-mail: songyuehua@163.com

中国水螨一新纪录总科及一新纪录种记述（蜱螨亚纲：水螨亚股）*

李晓艳 吴丽丽 王海燕 张 敏 费麒玮 张 旭**

（淮北师范大学生命科学学院，安徽淮北 235000）

水螨为我国研究比较薄弱的蜱螨类群，目前世界区系将水螨亚股分为 7 总科，我国已经报道了其中的 6 总科，即：水螨总科 Hydrachnoidea Leach, 1815；盾水螨总科 Hydryphantoidea Piersig, 1986；皱喙螨总科 Eylaoidea Leach, 1815；腺水螨总科 Lebertrioidea Thor, 1900；湿螨总科 Hygrobatoidae Koch, 1842；雄尾螨总科 Arrenuroidea Thor, 1900。本文记述了近期采自安徽省黄山市的一新纪录种：壁孔溪螨 *Hydrovolzia cancellata* Walter, 1906，该种隶属于溪螨科 Hydrovolziidae、溪螨总科 Hydrovolzioidea，此为我国水螨总科阶元的新纪录。至此，水螨亚股内的 7 总科已全部在国内发现。壁孔溪螨的主要形态特征如下：躯体扁平，长椭圆形。背面具有两块大型背板，呈“T”形，前背板宽大于长，后背板长大于宽。A1、A2、O1 和 O2 位于前背板上；D1-D4 位于后背板上，均不具腺体。L1-L4 位于后背板的侧方；E4、V1-V4 位于躯体腹面；均具有腺体，但与刚毛分离。基节板四群型，生殖域位于 CxIII 之间，无殖吸盘。肛孔板近圆形，位于生殖域后方，肛孔板后方具有一长椭圆形的腹板。背板，腹板，基节板，刚孔板等在表面均具有不规则孔纹。溪螨总科有别于水螨中的其它类群，主要栖息在小型瀑布的苔藓中，一般较难采集。*H. cancellata* 之前被报道分布在地中海的东部和中部地区，其幼螨寄生于双翅目（Diptera）舞虻科（Empididae）昆虫。但其与溪螨属中的其它物种，例如 *H. oscensis*、*H. placophora*、*H. persica* 以及 *H. persica anatolica* 多次在文献中出现了混淆。主要原因是因为溪螨属所包含物种较少，采集困难，形态相似，而之前对于该物种的描述过于浅显，也缺乏分子数据的说明。本研究不仅对 *H. cancellata* 进行了详细的描述和绘图，并补充了 DNA 条形码数据（COI），为以后溪螨种类的鉴定和后续研究提供了依据。

关键词：溪螨总科，新纪录总科，壁孔溪螨，DNA 条形码

*基金项目：国家自然科学基金（31301895）；安徽省高校自然科学研究重点项目（KJ2018A0402）

**通讯作者，E-mail: xuzhang03@126.com

昆虫生理生化与分子生物学

果蝇复眼中第五类肌球蛋白与精氨酸激酶相互作用的鉴定与分析

周树杰^{1,2} 李向东^{1,2*}

(1. 中国科学院动物研究所, 农业虫害鼠害国家重点实验室, 肌肉收缩与细胞运动研究组, 北京 100101;

2. 中国科学院大学, 北京 100049)

第五类肌球蛋白是一种依赖于微丝骨架的马达蛋白, 参与细胞内多种生理活动。在果蝇第五类肌球蛋白(DmM5)在复眼中参与色素颗粒和视蛋白囊泡的运输。为了全面了解 DmM5 在复眼中的生理功能, 我们采用亲和纯化结合质谱分析的方法, 鉴定了果蝇复眼中与 DmM5 相互作用的蛋白。我们首先利用原核细胞表达获得了 DmM5 尾部结构(包括近端尾部与远端尾部 GTD 区域)的 GST 融合蛋白, 利用该融合蛋白 pulldown 家蝇复眼裂解液, 然后通过质谱分析鉴定出多种与 DmM5 结合的蛋白, 并根据 UPR 指数对这些蛋白进行排序。为了进一步验证我们质谱鉴定的可靠性, 我们重组表达了 UPR 指数较高的精氨酸激酶, 通过 pulldown 实验验证了 DmM5 尾部与精氨酸激酶的相互作用, 并且发现精氨酸激酶结合于 DmM5 近端尾部(K917-V1394)。DmM5 近端尾部由一系列 coiled-coil 及间隔区域组成, 截短片段实验表明精氨酸激酶结合于 DmM5 近端尾部的 S1102-N1262 区域。序列比对显示该区域中部(T1181-R1198)及 C'端(A1223-L1252)相对保守, 推测这些部位可能与精氨酸激酶的相互作用相关。最后, 我们通过 actin 共沉淀方法证明全长分子的 DmM5 可以结合精氨酸激酶, 并且不受钙离子浓度的影响, 暗示复眼中 DmM5 与精氨酸激酶始终结合状态。精氨酸激酶是无脊椎动物能量代谢中一个关键酶, 催化磷酸精氨酸和 ADP 转化为精氨酸和 ATP, 维持细胞内 ATP 浓度的稳定。我们推测在 DmM5 转运囊泡的过程中, 与 DmM5 结合的精氨酸激酶催化产生 ATP 为 DmM5 的运动提供能量, 保证囊泡运输的高效性。

关键词: 果蝇, 第五类肌球蛋白, 精氨酸激酶, 钙离子

*通讯作者, E-mail: lixd@ioz.ac.cn.

红棕象甲体外和体内免疫之间的生理权衡分析*

蒲宇辰 姬亚男 侯有明** 刘惠惠 鲁盛平 许丽娜 唐凡希

(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】本研究以重大入侵害虫红棕象甲 *Rhynchophorus ferrugineus* 为对象, 分析体外和体内免疫之间权衡及其影响因素, 并从生理层面揭示免疫功能变化的调控机理, 为制定以免疫系统为靶标的害虫防治措施奠定理论基础。**【方法】**测定了不同虫龄、性别、交配状态、免疫处理的红棕象甲体外分泌物的抑菌活性, 以及体内血淋巴的酚氧化酶活性和抗菌活性, 明确体外免疫和体内免疫防御能力的影响因素, 分析交配和外源物感染等因素对于两种免疫防御策略投资上的选择效应等。**【结果】**七龄幼虫的体外分泌物对大肠杆菌的抑菌圈直径 (25.8 mm) 显著高于三龄幼虫 (17.5 mm), 同时血淋巴酚氧化酶活性也显著增高, 分别为 9.74 和 3.34 OD/h, 而血淋巴对大肠杆菌的 OD₆₀₀ 增量显著下降了 52.58%。幼虫的七龄发育历期显著高于三龄。与未交配成虫相比, 在 12 日龄成虫中, 由于交配雄虫需要在吸引异性上花更大的精力, 因此交配能够显著降低雄虫体外分泌物的抑菌活性, 未交配与交配雄性的体外分泌物对大肠杆菌的抑菌圈直径分别为 16.0 和 13.5 mm, 而雌虫不受影响。相反, 在 52 日龄成虫中, 由于交配后的雌虫需要花更多的能量用于繁殖后代, 因此交配能够显著降低雌虫体外分泌物的抑菌活性, 未交配与交配雌性的体外分泌物对大肠杆菌的抑菌圈直径分别为 11.8 和 8.9 mm, 而雄虫却不受影响。在未交配个体中, 血淋巴酚氧化酶活性随着日龄的增加而上升, 与 12 日龄相比, 52 日龄的雌性和雄性分别升高 14.45% 和 14.72%。未交配的雌虫 (67.4 d) 和雄虫 (96.0 d) 的寿命皆显著低于交配的雌虫 (89.8 d) 和雄虫 (128.6 d)。虽然 12 日龄雌虫的卵孵化率 (87.72%) 高于 52 日龄雌虫 (70.59%), 但是 12 日龄雌虫的产卵量 (18.8 粒) 和子代数 (16.6 头) 皆显著低于 52 日龄雌虫的产卵量 (209.5 粒) 和子代数 (148.6 头)。此外, 单一感染物因子对防御强弱的影响没有差异, 无论是生理盐水胁迫, 还是感染金龟子绿僵菌或加热杀死的金龟子绿僵菌, 成虫血淋巴对大肠杆菌的 OD₆₀₀ 增量分别为 0.193、0.199 和 0.201, 血淋巴酚氧化酶活性分别为 11.62、11.63 和 11.69 OD/h, 体外分泌物对大肠杆菌的抑菌圈直径分别为 16.4、16.5 和 16.6 mm。**【结论】**免疫强弱的变化是感染物、虫龄、性别、交配等多个因素交互作用的结果。这种免疫系统又与其它生活史组分存在着生理上的直接权衡, 从而影响了个体在免疫上的投资, 即免疫能力的上升, 必然以历期、寿命、繁殖等作为成本, 付出相应的代价, 而这种权衡关系又错综复杂。

关键词: 红棕象甲, 体外免疫防御, 免疫防御代价, 抗菌活性, 酚氧化酶活性, 生活史

*基金项目: 国家自然科学基金促进海峡两岸科技合作联合基金重点项目 (U1705232) 和面上项目 (31872033); 国家重点研发计划课题 (2017YFC1200605); 福建省科技重大专项 (2017NZ0003-1-6); 福建农林大学优秀博士学位论文资助基金项目 (324-1122yb038)

**通讯作者, E-mail: ymhou@fafu.edu.cn

豌豆蚜 PPO 通路的研究

马 力* 徐 露 陈 峰 吕志强**

(西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100)

昆虫依赖简单而有效的天然免疫系统抵御病原微生物和寄生生物的侵染, 其中黑化反应和抗菌肽的产生是昆虫的两种主要的免疫应答反应。与其他昆虫相比, 豌豆蚜 *Acyrtosiphon pisum* 缺失一些在其他昆虫中保守的免疫通路 (如 IMD 通路) 和免疫因子 (如抗菌肽) 的编码基因。因此, 研究黑化反应对于解析豌豆蚜免疫系统至关重要。

在豌豆蚜基因组中有2个酚氧化酶原 (prophenoloxidase, PPO) 基因 (*PPO1*和*PPO2*)。我们通过RNAi将豌豆蚜的PPO在转录水平上敲低后发现: 豌豆蚜血淋巴的黑化反应受到抑制; 血淋巴酚氧化酶 (phenoloxidase, PO) 活力下降; 细菌和真菌侵染导致豌豆蚜更高的死亡率; 豌豆蚜体内细菌和真菌孢子的增殖更快。

黑化反应的发生关键在于PPO被激活形成有活性的PO, 这个激活过程依赖于具有clip-domain的丝氨酸蛋白酶级联反应。在豌豆蚜基因组中有5个clip-domain的丝氨酸蛋白酶基因, 我们对其中两个 (*Ap SPLP*和*Ap VP*) 的免疫功能进行了研究。革兰氏阳性菌金黄色葡萄球菌*Staphylococcus aureus*和真菌球孢白僵菌*Beauveria bassiana*感染豌豆蚜后, *Ap SPLP*和*Ap VP*的表达显著上调。通过RNAi将*Ap SPLP*和*Ap VP*在转录水平敲低后发现: 豌豆蚜血淋巴的PO活力下降; *S. aureus*和*B. bassiana*侵染导致豌豆蚜更高的死亡率; 豌豆蚜体内*S. aureus*和*B. bassiana*增殖更快。

以上结果表明, 黑化反应在豌豆蚜抵御病原微生物的免疫反应中起重要作用, 丝氨酸蛋白酶*Ap SPLP*和*Ap VP*参与PPO激活通路。

关键词: 豌豆蚜, PPO, 丝氨酸蛋白酶, RNA干扰, 免疫反应

*第一作者: E-mail: mali890310@126.com

**通讯作者, E-mail: zhiqianglu@gmail.com

甜菜夜蛾和斜纹夜蛾 PBP 基因的表达特点及功能分析

刘乃勇 朱冠恒 修伟明 杨 芳 董双林*

(南京农业大学植保学院昆虫系, 江苏南京 210095)

【目的】性信息素结合蛋白(PBP)参与性信息素分子的结合和运输,因而在性信息素的感受中起重要作用。夜蛾科昆虫的雄性触角中普遍表达 3 个 PBP 基因,探讨它们的进化关系及功能分化,有助于深入了解蛾类昆虫性信息素的感受机制,并为设计和开发基于嗅觉调控的害虫防治新技术提供指导。**【方法】**以夜蛾科灰翅夜蛾属 2 种重要农业害虫甜菜夜蛾和斜纹夜蛾为对象,从基因克隆及序列分析、组织及性别表达特点、体外及活体功能分析等方面开展研究。**【结果】**1) 从 2 种夜蛾触角中分别克隆了 3 个 PBP 基因,分属于夜蛾科昆虫 PBP 的 3 个组;3 个 PBP 在基因结构(内含子数量及位置)上保守、序列上相似、染色体位置上紧密相邻,推测 3 个基因由同一个祖先通过基因复制事件产生,且产生于夜蛾科分化前。2) 3 个 PBP 均在成虫触角中特异或高表达,但 PBP1 为雄性显著高表达,分别是雌蛾的 5.96 倍(甜菜夜蛾)和 2.70 倍(斜纹夜蛾);PBP2 和 PBP3 在雌雄间无明显差异。另外,雄性触角中 PBP1 的表达量显著较高,PBP1:PBP2:PBP3 分别为 16.5:1.5:1.0(甜菜夜蛾)和 9.7:3.2:1.0(斜纹夜蛾);雌性触角中的表达水平在 3 个 PBP 间基本相当。3) 体外配体结合实验表明,3 个 PBP 均可结合性信息素组分,但以 PBP1 的结合能力显著较高、PBP2 和 PBP3 较低,但同一 PBP 的结合能力在不同组分间无明显差异。4) 利用 CRISPR/Cas9 技术获得斜纹夜蛾的 PBP 基因敲除品系后进行活体功能分析,所得结果与配体结合实验基本一致。3 个 PBP 基因的敲出品系分别导致雄虫对性信息素组分的触角电位反应下降 50%、40 和 20%,以 PBP1 和 PBP2 敲除品系进行的行为学实验得到类似结果。**【结论】**3 个 PBP 在性信息素感受中的重要性为 PBP1>PBP2>PBP3,3 个 PBP 在不同性信息素组分间均无明显的选择性。

关键词: 性信息素结合蛋白, 基因进化, 表达谱, 功能分化, 性信息素, CRISPR/Cas9

*通讯作者, E-mail: sldong@njau.edu.cn

褐飞虱蛋白磷酸酶基因 *NIPPI1α* 功能研究和防治潜在靶标的评价*

王渭霞** 赖凤香 万品俊 傅 强

(水稻生物学国家重点实验室, 中国水稻研究所, 浙江杭州 311400)

褐飞虱 *Nilaparvata lugens* Stål 是一种以稻属植物为食的单食性昆虫, 是我国以及亚洲国家水稻生产中最为严重的害虫之一。挖掘褐飞虱生长发育和致害相关的重要功能基因将有助于发现潜在的杀虫靶标, 设计有效的防治策略, 从而实现褐飞虱可持续治理。本文研究蛋白活性开关分子丝氨酸/苏氨酸蛋白磷酸酶家族基因, 克隆了褐飞虱该家族基因 *NIPPI1α*, 基因全长 1 263 bp, 由 4 个外显子组成。ORF 为 987 bp, 编码 329 个氨基酸。RT-qPCR 分析表明该基因在褐飞虱不同组织和不同发育阶段均高丰度表达。三龄虫注射 5 ng 到 100 ng/虫的 9 个不同剂量的 ds*NIPPI1α*, 结果显示 *NIPPI1α* 的沉默效率呈现剂量依赖, 当浓度低至 0.0025 ng 时, 表达量与对照相比显著下调 20%, 浓度大于 100 ng 时, 表达量下降可达 90%。在注射后第四天, 褐飞虱若虫死亡率与对照相比有了显著上升, 10 天后当注射剂量大于 5 ng 时死亡率达 90% 以上。当四龄末若虫注射 50 ng/虫 ds*NIPPI1α*, 平均每雌子代数小于 100 个, 与对照相比显著下降。其中约 62.5% 的雌虫卵巢发育受阻, 表现为雌虫不育。添加 100 到 600 ng/uL 3 种不同浓度的 ds*NIPPI1α* 到人工饲料中饲养褐飞虱 2 龄若虫, 结果表明当饲喂浓度为 600 ng/uL 时, 基因表达量下调 50%, 褐飞虱若虫在第 7 天时存活率为 0。而当浓度低于 100 ng/uL 时, 基因表达量与对照相比无差异。本研究结果表明 *NIPPI1α* 基因在褐飞虱生长发育中具有重要作用, 褐飞虱通过取食含有 ds*NIPPI1α* 的食物同样可以导致目标基因的沉默并引起存活率下降, 因此可能作为防治褐飞虱的潜在有效靶标分子。

关键词: 褐飞虱, 苏氨酸/丝氨酸蛋白磷酸酶, RNAi

*基金项目: 中国农业科学院科技创新工程“水稻病虫草害防控技术科研团队”

**第一作者, E-mail: wangweixia@caas.cn

欧洲黑蜂和新疆黑蜂越冬期抗氧化酶活性及相关基因表达分析

刘楠楠 张 发 徐 凯

(林省养蜂科学研究所, 吉林吉林 132108)

【目的】考察欧洲黑蜂和新疆黑蜂的越冬性能, 比较和分析两个蜂种在越冬条件下抗氧化酶活性和抗氧化能力相关基因表达的变化规律, 探究蜜蜂在越冬期抗氧化酶的功能及其基因表达特征, 进而为揭示蜜蜂耐寒分子机制和抗寒蜂种的选育提供基础的研究数据。**【方法】**以越冬期间的欧洲黑蜂和新疆黑蜂为研究对象, 测定蜂群损失率和饲料消耗量等越冬性能指标以及总抗氧化能力 (T-AOC)、超氧化物歧化酶 (T-SOD) 和过氧化氢酶 (CAT) 等抗氧化酶的酶活力值, 并采用实时荧光定量 PCR 方法检测 SOD、CAT、GRX1、TPX1 和 MSRA 等抗氧化酶功能基因的表达情况。**【结果】**欧洲黑蜂的蜂群损失率和饲料消耗量分别为 32.86% 和 23.41%, 新疆黑蜂的蜂群损失率和饲料消耗量分别为 32.91% 和 23.91%; 越冬期欧洲黑蜂和新疆黑蜂的抗氧化酶活性变化规律大体一致, T-SOD 酶活力呈现先下降再升高的趋势, 在越冬中期达到最低值; T-AOC 酶活力呈现逐步升高的趋势, 在越冬后期达到最高值; CAT 酶活力均呈现先升高再降低再急剧升高的趋势; 在抗氧化功能相关基因的 mRNA 表达方面, 欧洲黑蜂和新疆黑蜂的 SOD 基因和 CAT 基因的表达模式与酶活性的变化规律大致相同, 二者均在越冬中期达到最低值; GRX1 基因在越冬后期急剧升高, 达到峰值; TPX1 基因在越冬后期的表达量缓慢升高; MSRA 基因的表达呈现先降低后升高的趋势。**【结论】**欧洲黑蜂和新疆黑蜂的越冬性能表现基本相当, 在越冬期间的抗氧化酶活性变化规律和抗氧化功能基因表达模式方面总体一致, 说明在低温逆境条件下它们体内的抗氧化酶系统可能发挥了重要的协同调控作用; 此外, 由于二者同为黑色耐寒蜂种, 具有相同 mRNA 量表达规律的抗氧化酶基因, 可以为揭示蜜蜂体内抵御低温耐寒应答机制研究提供新线索。

关键词: 欧洲黑蜂, 新疆黑蜂, 越冬期, 抗氧化酶活性, 抗氧化酶基因

脂肪体 Vg 蛋白：调控西方蜜蜂工蜂寿命可塑性的 神经内分泌通路下游效应蛋白*

李兴安** 牛庆生 薛运波

(吉林省养蜂科学研究所育种研究室, 吉林吉林 132108)

卵生动物西方蜜蜂 *Apis mellifera* 适应温带陆地生态系统存活而进化出羽化个体抱团越冬现象。在每年的主要蜂群繁殖季节, 雌性工蜂随季节性气温变化和光周期进程分化出专职从事某一项具体劳动的优势工蜂品级(或级型), 这包括在“春繁”季节形成优势数量的哺育工蜂, 在“夏繁”季节形成优势数量的采集工蜂, 以及在“秋繁”季节形成优势数量的越冬工蜂。在工蜂从事蜂群的维持劳动过程中, 品级别工蜂表现为生理日龄寿命(或功能寿命)不同步于实际日龄寿命; 而且, 不同工蜂品级之间明显地表现为生理日龄寿命的极端差异: 哺育工蜂的生理日龄寿命约为 30~60 日; 采集工蜂的生理日龄寿命约为 14(或 15)~32(或 38) 日; 越冬工蜂的生理日龄寿命约为 130(或 150)~180(200) 日, 有时长达 230~280 日。动物衰老的“躯体可随意支配资源”(disposable soma)假说认为, 寿命的长短受制于躯体在生命存活期间能够支配多少可存储的资源(即, 蛋白质存储水平), 可存储的资源越多寿命就越长; 而且, 可存储的资源越是涉及行为可塑性表型, 躯体就越是没有能力支配资源, 寿命就越长; 动物衰老的“资源转移”(resource transfer)假说进一步认为, 存储的资源作为一种寿命资源尚且受制于行为可塑性表型的分化转移; 而且, 分化转移的次数越是频繁, 寿命就越短。在本研究中, 我们通过 Q-PCR、免疫印迹和 DNA 测序方法比较了哺育工蜂、采集工蜂和越冬工蜂类胰岛素敏感组织脂肪体的卵黄蛋白原(Vitellogenin, Vg)基因及其表达产物。这些研究表明, Vg 蛋白作为脂肪体的主要存储蛋白质成分, 参与调控西方蜜蜂工蜂的寿命可塑性。

关键词: 西方蜜蜂, 寿命可塑性, 卵黄蛋白原, 脂肪体

*基金项目: 国家自然科学基金(31050006), 吉林省科技发展计划项目(20190701080GH, 20130101094)

**通讯作者, E-mail: Lxingan@sina.com

九香虫水煎液对乳腺癌细胞凋亡及细胞周期的影响*

田莹¹ 檀军^{1,2} 赵帅¹ 郭建军^{1**}

(1. 贵州大学昆虫研究所, 贵州山地农业病虫害重点实验室, 贵州贵阳 550025;

2. 遵义医科大学, 组织学与胚胎学教研室, 贵州遵义 563000)

【目的】九香虫 *Aspongopus chinensis* Dallas 是一种传统中药, 具有抗肿瘤的作用。前期研究表明, 九香虫水煎液具有抑制乳腺癌细胞增殖和迁移的作用, 但是九香虫水煎液是否能诱导乳腺癌细胞凋亡及其对细胞周期的影响, 尚未见报道。本研究探究九香虫水煎液对乳腺癌细胞凋亡及其对乳腺癌细胞周期的影响。**【方法】**采用 ANNEXIN V-FITC/PI 染色并通过流式细胞仪分别检测 20、40、60 $\mu\text{g/mL}$ 九香虫水煎液作用于人乳腺癌细胞株系 MDA-MB-453 及 HCC-1937 的凋亡率; 利用 DNA 含量检测试剂盒通过流式细胞仪检测这两种细胞周期的变化情况。**【结果】**20、40、60 $\mu\text{g/mL}$ 九香虫水煎液作用于 MDA-MB-453 细胞凋亡率分别为 25.4%、44.6%、60.6%; 20、40、60 $\mu\text{g/mL}$ 九香虫水煎液作用于 HCC-1937 细胞凋亡率分别为 20.1%、30.4%、94.4%, 且凋亡率都呈浓度相关性, 实验组细胞早期凋亡率均显著高于对照组 ($P<0.05$); 九香虫水煎液作用于 MDA-MB-453 细胞后, 实验组细胞较对照组细胞 G0/G1 期无明显差异, S 期比例显著减少, G2/M 期比例显著增加; 九香虫水煎液作用于 HCC-1937 细胞后, 实验组细胞较对照组细胞 G0/G1 期比例显著减少, S 期比例增加, G2/M 期比例显著增加。**【结论】**九香虫水煎液可诱导乳腺癌细胞 MDA-MB-453 及 HCC-1937 凋亡, 且细胞凋亡率均呈剂量相关性; 九香虫水煎液可使 MDA-MB-453 细胞周期阻滞于 G2/M 期, 使 HCC-1937 细胞阻滞于 S 期和 G2/M 期。

关键词: 九香虫, 水煎液, 乳腺癌, 凋亡, 细胞周期

*基金项目: 国家自然科学基金 (81803968, 81360612)

**通讯作者, E-mail: jjguo@gzu.edu.cn

九香虫血淋巴对乳腺癌细胞增殖和凋亡的影响*

于姮梅 檀 军 赵 帅 田 莹 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, 贵州贵阳 550025)

【目的】探究九香虫血淋巴对小鼠乳腺癌细胞 4T1 及人乳腺癌细胞 HCC1937 的增殖和凋亡的影响, 明确其作用效果。**【方法】**采用 MTT 法检测不同浓度 (0.07、0.14、0.21、0.28、0.35、0.42、0.49、0.56 mg/mL) 的九香虫血淋巴不同作用时间 (12、24、36、48 h) 对 4T1 及 HCC1937 的增殖抑制作用, 并分别计算其 IC₅₀ 值; 通过 Hoechst 33258 荧光染色检测九香虫血淋巴对两种乳腺癌细胞的凋亡诱导作用。**【结果】**1、MTT 实验结果显示: 九香虫血淋巴作用于小鼠乳腺癌细胞 4T1 时, 与对照组相比, 在血淋巴浓度 0.07 mg/mL, 12 h 时呈现极显著差异 ($P<0.01$); 在血淋巴浓度 0.49 mg/mL, 36 h 时对细胞的抑制率达到 100%; 12、24、36、48 h 的 IC₅₀ 值分别为 0.472、0.143、0.062、0.060 mg/mL。血淋巴作用于人乳腺癌细胞 HCC1937 时, 在血淋巴浓度 0.49 mg/mL, 作用 36 h 时, 对细胞的抑制率达到 100%; 12、24、36、48 h 的 IC₅₀ 值分别为 0.623、0.346、0.201、0.208 mg/mL。2、Hoechst 33258 荧光染色结果显示: 与对照组细胞相比, 血淋巴组细胞内明显观察到染色质浓缩、荧光强度增强现象。**【结论】**由上可知: 1、九香虫血淋巴对两种乳腺癌细胞的增殖具有显著的抑制作用, 且抑制率随浓度的增大、时间的延长而增高, 呈时间、剂量依赖关系; 2、九香虫血淋巴可诱导乳腺癌细胞的凋亡。综上, 九香虫血淋巴可抑制小鼠乳腺癌细胞 4T1 及人乳腺癌细胞 HCC1937 的增殖, 并诱导其凋亡。

关键词: 九香虫, 血淋巴, 乳腺癌细胞, 增殖, 凋亡

*基金项目: 国家自然科学基金 (81803968, 81360612)

**通讯作者, E-mail: jjguo@gzu.edu.cn

蜡蚧轮枝菌 JMC-01 对烟粉虱若虫的侵染过程及生理生化影响*

谢 婷 景亮亮 张晓霞 贾彦霞**

(宁夏大学农学院, 宁夏银川 750021)

【目的】为了探究蜡蚧轮枝菌 JMC-01 对烟粉虱若虫生理生化的影响及作用机理。**【方法】**该试验采用培养皿法和扫描电镜法测定了蜡蚧轮枝菌 JMC-01 侵染烟粉虱若虫后体内保护酶、解毒酶、体重、含水量、脂肪含量的变化及对烟粉虱若虫的侵染过程。**【结果】**结果表明, 烟粉虱若虫感染蜡蚧轮枝菌 JMC-01 后体内解毒酶和保护酶活性均呈现先升高后降低的趋势。其中, CarE、AchE、POD、CAT 活性在第 3 d 达到最大值, 分别为 10.5、0.32、20 和 6.3 U/mg prot; GST 和 SOD 活性在第 2 d 达到最大值, 分别为 64 和 43.5 U/mg prot。侵染后的烟粉虱的体重和含水量一直降低且不同于对照组。体重增加量在前 24 h 降低, 当 72 h 时是对照组的 0.78 倍。烟粉虱若虫被蜡蚧轮枝菌 JMC-01 侵染 24 h 以后, 虫体在复眼形成少量菌丝, 接种 48 h 后在复眼和足、翅基部均形成大量菌丝, 72 h 后虫体被菌丝包裹, 94 h 时虫体完全被菌丝曾覆盖并死亡。**【结论】**蜡蚧轮枝菌侵染烟粉虱若虫后体内一些生理生化指标发生明显变化, 而且虫体表面有着显著的侵染特征, 这一过程的研究对蜡蚧轮枝菌侵染烟粉虱的机理提供参考依据。

关键词: 蜡蚧轮枝菌 JMC-01, 烟粉虱, 生理生化, 扫描电镜

*基金项目: 宁夏“十三五”重点研发计划重大项目 (2018BBF02021-02; 2016BZ09-03), 宁夏自然科学基金项目 (2018AAC03038)

**通讯作者, E-mail: helenjia_2006@126.com

胆固醇同源物诱导组蛋白去乙酰化酶 Rpd3/HDAC1 去磷酸化参与自噬*

吴文梅^{1**} 罗漫¹ 李康² 戴易晨¹ 易辉玉¹ 钟仰进¹ 曹阳¹
Gianluca Tettamanti³ 田铃^{1***}

(1. 华南农业大学动物科学学院广东省农业动物基因组学与分子育种重点实验室/广东省蚕桑工程研究中心, 广东广州 510642; 2. 华南师范大学生命科学学院昆虫科学与技术研究所昆虫发育生物学与应用技术广东省重点实验室, 广东广州 510631; 3. 意大利因苏布里亚大学生物技术与生命科学系, 意大利 21100)

【目的】组蛋白去乙酰化酶 (HDACs) 在基因表达等生理事件中起到关键的作用。酵母中的组蛋白去乙酰化酶 Rpd3 与哺乳动物的保守同源物 HDAC1 均参与细胞自噬的发生, 但调节作用相反, 具体差异机制不详, 并且其他物种中同源蛋白的功能尚不清楚。**【方法】**以家蚕 5 龄预蛹期 cDNA 为模板, PCR 扩增 *BmRpd3* 基因序列并进行生物信息学分析; 通过 RNAi 干扰 *BmRpd3* 基因表达, 观察敲低 *BmRpd3* 表达后对家蚕细胞自噬的影响; 免疫组织化学染色和 Western blot 检测在家蚕不同发育阶段的 *BmRpd3* 蛋白表达和核定位变化; 信号通路抑制剂处理检测对家蚕 *BmRpd3* 亚细胞定位的影响; 定点突变氨基酸检测对家蚕 *BmRpd3* 的核定位以及自噬水平的影响; 以及胆固醇同源物处理检测哺乳动物的 HDAC1 亚细胞定位和自噬的变化现象。**【结果】***BmRpd3* 为家蚕自噬发生所必需, 其蛋白水平和核定位与血淋巴中甾醇激素 20-羟基蜕皮酮(20E)滴度峰值呈负相关。20E 信号通过抑制 mTORC1 活性诱导 *BmRpd3* 去磷酸化和出核, 并随之参与自噬。在 *BmRpd3* 上鉴定到三个磷酸化位点 (Ser392、Ser421 和 Ser423), 这些位点突变后 *BmRpd3* 的磷酸化水平逐渐降低, 并从细胞核向细胞质转移。**【结论】**胆固醇同源物去磷酸化修饰 *BmRpd3*/HDAC1, 诱导其从细胞核向细胞质易位, 促进家蚕和哺乳动物细胞自噬的发生。上述研究加深了我们对由胆固醇同源物参与调控细胞自噬发生的分子机制的理解, 也为神经退行性疾病和自噬相关研究提供了潜在靶点与位点。

关键词: 胆固醇同源物, 去磷酸化, 核定位, *BmRpd3*/HDAC1, 自噬

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31672368; 31472042)

**第一作者, E-mail: wuwenmei@stu.scau.edu.cn

***通讯作者, E-mail: tianling@scau.edu.cn

异色瓢虫气味结合蛋白基因 *HaxyOBP4* 的克隆及表达谱分析*

赵 锋 韩世鹏 韩 慧 何运转**

(河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000)

【目的】本研究旨在探索异色瓢虫 *Harmonia axyridis* 气味结合蛋白的结构和分布, 更好地了解气味结合蛋白在异色瓢虫嗅觉系统中的作用。**【方法】**利用生物信息学方法克隆异色瓢虫气味结合蛋白基因序列并对其蛋白结构进行分析; 通过实时荧光定量 PCR 分析气味结合蛋白基因在异色瓢虫各个发育阶段、成虫不同组织及成虫交配前后的表达水平。**【结果】**成功克隆得到异色瓢虫气味结合蛋白基因 *HaxyOBP4* (GenBank 登录号为 MG757925)。*HaxyOBP4* 开放阅读框全长 447 bp, 编码 148 个氨基酸, 预测分子量为 16.26 ku, N-末端有一段含 17 个氨基酸的信号肽序列, 具有 6 个保守的半胱氨酸, 表明 *HaxyOBP4* 属于 Classic OBP。 *HaxyOBP4* 在异色瓢虫各发育阶段均有表达, 在雄性成虫中表达量最高, 且在交配后的雌虫中的表达量显著升高; 组织表达谱分析表明 *HaxyOBP4* 在成虫触角中表达量最高。**【结论】**本研究克隆得到 *HaxyOBP4* 基因序列, 并明确了该基因在异色瓢虫各个发育阶段、成虫不同组织及成虫交配前后的表达水平, 为深入研究异色瓢虫气味结合蛋白结构和功能奠定了基础。

关键词: 异色瓢虫, 气味结合蛋白, 基因克隆, 表达谱分析, 实时荧光定量 PCR

*基金项目: 国家重点研发计划 (2017YFD0201004); 国家自然科学基金项目 (31272095) ;

河北省现代农业产业技术体系 (HBCT2018060204)

**通讯作者, E-mail: heyz63@sina.com

美国白蛾性别决定基因研究及调控品系的构建

李小卫^{1,2} 刘 群² 刘慧慧³ 毕洪论² 王耀辉² 陈希恩² 武宁宁²

许 军² 张 真³ 黄勇平^{2*} 陈 辉^{1*}

(1. 西北农林科技大学林学院, 陕西杨陵 712100; 2. 中国科学院上海植物生理生态研究所, 上海 200032;
3. 中国林科院森林生态环境与保护研究所, 北京 100091)

【目的】美国白蛾是一种重要的世界检疫害虫, 已经给我国造成了严重的经济损失和生态环境的破坏。一些省份因防治美国白蛾使用化学农药几乎使家蚕行业毁灭。由于其强大的生存能力, 目前对于美国白蛾的防治还没有很好的办法。因此, 亟需开发环境友好、种类特异性的新方法。**【方法】**在鳞翅目昆虫性别决定通路中, *Doublesex* (*dsx*) 基因是性别决定通路的执行基因, 且控制着性别分化和性二态性。通过分子克隆和 CRISPR/Cas9 基因组编辑方法, 我们在美国白蛾中鉴定并分析了 *dsx* 基因的功能及其潜在的害虫防治应用价值。

【结果】研究发现, 美国白蛾蛹中存在着 5 种不同类型的 *dsx* 剪接体, 且伴有性别偏好性的表达模式。通过 CRISPR/Cas9 敲除系统, 我们获得了三种外显子特异性敲除的突变体, 类似于家蚕中的双性、雌性和雄性特异性敲除突变体。在这些突变体中, 外生殖器出现了严重的性别特异性的畸形且伴有大量的性二性征的不完全反转表型, 并最终导致了其在交配、产卵出现了严重的问题, 引起了性别特异性不育现象。通过遗传杂交发现, 该表型是可遗传的, 在遗传调控方面展现出了良好的应用前景。**【结论】**我们利用 CRISPR/Cas9 敲除系统获得了 *dsx* 基因突变体, 发现该突变体会导致性别特异性不育表型且可遗传, 为美国白蛾防治提供了一种新方法。

关键词: 美国白蛾, *Doublesex*, CRISPR/Cas9, 性别特异性不育, 遗传调控

*通讯作者

鳞翅目昆虫精液蛋白基因 *Serine protease 2* 突变 导致雄性不育的研究

徐 霞^{1,2} 王耀辉^{2,3} 毕洪论^{1,2} 许 军² 刘祖莲² 牛长缨³ 何 琳¹

Anthony A. James⁴ 李 恺^{1*} 黄勇平^{2*}

(1. 华东师范大学生命科学学院, 上海 200241; 2. 中国科学院上海植物生理生态研究所, 上海 200032;
3. 华中农业大学植物科学与技术学院, 湖北武汉 430070; 4. 加州大学欧文分校微生物与分子遗传学和
分子生物学与生物化学系, 欧文 CA 92697-3900)

【目的】昆虫不育技术是一种环境友好型害虫防治方法。我们寻求一种仅仅影响雄性昆虫的育性而不影响其它生长发育指标的新方法, 进而为害虫生物学防治提供新策略。**【方法】**在鳞翅目模式昆虫家蚕 *Bombyx mori* 和鳞翅目农业害虫小菜蛾 *Plutella xylostella* 中, 利用基因组编辑技术 CRISPR/Cas9 敲除其雄性精液蛋白基因 *Serine protease 2*, 筛选获得突变体并统计突变体交配产卵后的后代数。**【结果】***Serine protease 2* 基因突变后, 导致雄性不育而雌性正常。雄性突变体精子形态发育正常, 但是不能顺利进入卵子, 即不能完成精卵融合形成受精卵, 最终导致雄性不育。此外, 与野生型相比, 雄性突变体的求偶、交配和产卵行为无显著性差异, 而且竞争力也无显著性差异。**【结论】**利用 CRISPR/Cas9 技术敲除家蚕和小菜蛾的雄性精液蛋白基因导致雄性不育, 而且通过雌性携带雄性不育因子可使雄性不育稳定遗传给后代。*Serine protease 2* 在进化上相对保守, 为推广至其它害虫的生物学防治奠定了基础。

关键词: 家蚕, 小菜蛾, 雄性不育, *Serine protease 2*, CRISPR/Cas9

*通讯作者

鸟苷三磷酸环化水解酶在赤拟谷盗黑色素形成及免疫中的作用

卢瑶瑶 李 斌*

(南京师范大学生命科学学院, 江苏南京 210023)

黑化反应是昆虫体内重要的免疫防御反应。鸟苷三磷酸环化水解酶(GTP Cyclohydrolase I, GTPCH I, 又叫 *punch*) 能够以 GTP 为底物催化形成四氢生物喋呤 (BH₄), BH₄ 随后与酪氨酸羟化酶共同作用将酪氨酸转变成多巴-昆虫黑色素形成过程重要中间产物, 从而参与到昆虫表皮的黑化反应。目前, 昆虫中 *punch* 能否通过影响黑色素形成进而参与到免疫反应尚不清楚。因此, 本研究在赤拟谷盗中鉴定了 *punch* 的同源基因, qRT-PCR 分析结果显示 *punch* 在早期成虫以及表皮中显著高表达。进一步利用 RNAi 敲减该基因在赤拟谷盗体内表达, 导致幼虫、蛹、成虫均不能正常着色。其结果暗示 *punch* 可能参与到昆虫表皮黑化中。并且 ELISA 检测结果显示多巴胺的含量显著下降, 表明 *punch* 通过影响多巴胺的合成参与到赤拟谷盗黑色素的形成。随后本研究通过菌刺激实验显示, *punch* 能够被革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌显著诱导, 并且敲减 *punch* 后, 经不同菌刺激, 干扰组赤拟谷盗的死亡率显著增加, 暗示 *punch* 在病原菌入侵的应激反应中起到重要的作用。以上研究结果初步阐释了赤拟谷盗 *punch* 基因通过影响多巴胺的合成进而参与到赤拟谷盗黑色素的形成和免疫反应中。

关键词: *punch*, RNA 干扰, 黑色素, 免疫, 赤拟谷盗

*通讯作者, E-mail: libin@njnu.edu.cn

三种蚜虫取食寄主植物差异表达的 miRNAs 鉴定

彭媛媛 尚 峰 丁碧月 杨 莉 牛金志 王进军*

(西南大学植物保护学院, 西南大学农业科学研究院, 重庆 400716)

【目的】蚜虫是重要的农林牧业害虫,其可刺吸取食植物汁液和传播植物病毒。了解蚜虫对植物的取食过程可为挖掘控蚜新靶标提供基础。MicroRNA 是一类长度约为 22 bp 的小分子非编码 RNA,其通过与靶基因特异性结合,从而抑制基因转录后表达,因此,miRNAs 参与调控昆虫的重要生物学进程。本研究旨在鉴定蚜虫取食寄主植物时差异表达的 miRNAs,挖掘 miRNAs 调控蚜虫取食行为的共调控网络。**【方法】**以为害农作物的 3 种重要蚜虫:豌豆蚜(寄主:苜蓿)、桃蚜(寄主:烟草)和褐色桔蚜(寄主:甜橙)为研究对象,将 4 龄蚜虫在人工饲料上饲养 5~7 d 后转移至相对应的寄主植物,分别收集 0、24 和 48 h 蚜虫,进行小 RNA 测序,筛选差异表达的 miRNAs。**【结果】**与取食前(0h)相比,豌豆蚜取食苜蓿 24 h 后 2 条 miRNAs (*let-7* 和 *miR-100*) 表达量下调,取食 48h 后 5 条 miRNAs (*let-7*、*miR-100*、*miR-278*、*miR-92a*、*miR-996*) 表达量下调,5 条 miRNAs (*miR-3031*、*miR-3047*、*miR-3051*、*miR-3052*、*miR-7*) 表达量上调;桃蚜取食烟草 24 h 后 3 条 miRNAs (*let-7*、*miR-100*、*miR-277*) 表达量上调,取食 48 h 后 1 条 miRNA (*miR-277*) 表达量上调;褐色桔蚜取食甜橙 24 h 后 1 条 miRNA (*miR-9c*) 表达量上调,取食 48 h 后 7 条 miRNAs (*miR-2210*、*miR-486*、*miR-122*、*miR-320*、*miR-6240*、*miR-143* 和 *miR-1a*) 表达量上调,1 条 miRNA (*miR-133*) 表达量下调。**【结论】**三种蚜虫在取食不同寄主时,miRNAs 表达模式具有多样性。此外,多条 miRNAs (如 *let-7* 和 *miR-100*) 在不同蚜虫取食行为中表达量均发生变化,暗示其参与调控蚜虫取食行为。

关键词: 豌豆蚜, 桃蚜, 褐色桔蚜, 取食调控, miRNA

*通讯作者, E-mail: wangjinjun@swu.edu.cn

***EVM0008075* 参与褐色桔蚜取食过程的功能鉴定**

杨 莉 丁碧月 尚 峰 田 源 牛金志 王进军*

(西南大学植物保护学院, 西南大学农业科学研究院, 重庆 400716)

褐色桔蚜 *Aphis citricidus* 是重要的农业经济害虫, 其主要为害芸香科, 除了通过口针刺吸危害之外, 褐色桔蚜还是柑橘衰退病病毒的主要传播媒介, 对柑橘产业的健康发展造成巨大损失。当昆虫取食植物时, 植物首先识别攻击者, 随后启动复杂的防御反应。而面对植物的防御反应, 昆虫在取食过程中也会进化出相应的策略, 因此了解蚜虫取食过程的调控机制可为蚜虫防控奠定基础。利用人工饲料饲养褐色桔蚜 5 d, 收集 0 h 样品, 随后褐色桔蚜转移至甜橙上饲养, 在取食 24 及 48 h 后, 收集褐色桔蚜样品进行转录组测序。结果筛选出 10 条基因在取食过程中表达量上调 ($p\text{-value} < 0.05$, $\log_2\text{FC} > 1$), 包括解毒代谢、氨基酸转运、消化相关和脂类代谢基因。随后, 利用点滴法干扰 10 条基因, 诱导了 30%~70%褐色桔蚜死亡率, 并且子代数量也有减少。对引起死亡率较高的 2 个未注释基因 (*EVM0008075*, *EVM0008962*) 及 1 个消化相关基因 *Cat-B* 的沉默效率进行检测, 沉默效率分别为 86%, 69% 和 92%。将 3 条基因的 dsRNA 两两混合进行联合干扰, 结果表明 ds*Cat-B* 与 ds8075 混合致死率高达 77.5%。而干扰 *EVM0008075* 后利用 EPG (刺探电位图谱) 检测褐色桔蚜取食行为, 表明沉默 *EVM0008075* 基因的表达, 褐色桔蚜第一次刺探到韧皮部的时间显著增加, 并且在韧皮部取食时间减少。以上结果表明褐色桔蚜新鉴定基因 (*EVM0008075*) 可能参与了褐色桔蚜的取食过程。

关键词: 褐色桔蚜, 干扰, EPG, 取食过程

*通讯作者, E-mail: wangjinjun@swu.edu.cn

保幼激素酸甲基转移酶在桔小实蝇中的基因功能研究*

周琪皓 王进军 豆 威**

(西南大学植物保护学院, 西南大学农业科学研究院, 重庆 400716)

保幼激素在昆虫的幼虫生长、蛹期变态、成虫生殖等生理发育过程中发挥重要作用。保幼激素酸甲基转移酶 (Juvenile hormone acid O-methyl-transferase, JHAMT) 是保幼激素合成过程中重要的调控酶。作为一种分布广、危害严重的果蔬害虫, 桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* (Hendel) 被广泛用于解析昆虫生长发育及其调控机制的研究工作。本研究以桔小实蝇为研究对象, 旨在明确 JHAMT 在调节其生长发育以及在保幼激素合成通路中行使的功能。利用 RT-PCR 技术克隆了桔小实蝇 *BdJHAMT* 的 cDNA 序列, 基于邻接法构建了该基因与其他昆虫相关序列的系统发育树, 明确了系统进化关系; 随后, 采用实时定量 PCR 技术分析了该基因在桔小实蝇中的时空表达模式。在此基础上, 利用高效液相色谱仪 (HPLC), 获得了 JHIII 在桔小实蝇各个发育阶段的滴度谱。此外, 通过体外合成 *BdJHAMT* 的双链 RNA, 利用 RNA 干扰技术探究了 *BdJHAMT* 沉默后桔小实蝇幼虫生长、化蛹进度以及成虫雌虫卵巢发育和产卵情况, 系统探究了该基因的生理功能。最后, 利用其编码蛋白制备的抗体开展了免疫组化, 通过激光共聚焦观测了该基因在桔小实蝇中的表达位点。研究结果不仅有助于对昆虫 JH 合成通路的认识, 促进理解桔小实蝇及其他昆虫生长发育的调控机制, 还有利于探究该基因作为新的杀虫靶标的潜力, 为实蝇类害虫防控提供新思路。

关键词: 桔小实蝇, 保幼激素, 保幼激素酸甲基转移酶, 生长发育

*基金项目: 国家重点研发计划(2017YFD0202002); 国家自然科学基金(31872031; 31672030)

**通讯作者

不同 CO₂ 浓度和 N 素水平下转 Bt 水稻外源基因表达 及其启动子区甲基化水平

刘艳敏 陈法军

(南京农业大学植物保护学院昆虫系, 昆虫信息生态研究组, 江苏南京 210095)

为了明确 CO₂ 浓度升高对不同 N 素水平下转 Bt 水稻的外源 Bt 毒素及基因表达的影响, 本研究以转 Bt 水稻华恢 1 号(HH1)为研究对象, 探究 CO₂ 浓度倍增(800 $\mu\text{l}\cdot\text{L}^{-1}$ vs. 400 $\mu\text{l}\cdot\text{L}^{-1}$) 及不同 N 素水平 (1/4 N、1 N、2 N) 处理对转 Bt 水稻生物量、可溶性蛋白含量、Bt 蛋白含量、外源 Bt 基因表达量及其启动子区甲基化水平的影响。结果表明, 随着 N 素水平的增加, 转 Bt 水稻的地上和地下生物量均显著增加; 与对照 CO₂ 浓度相比, 倍增 CO₂ 处理显著增加了 2N 水平下转 Bt 水稻地下和地上组织生物量 (24%, 40.21%)。转 Bt 水稻的可溶性蛋白和 Bt 蛋白含量均随 N 素水平的增加而升高; 与对照 CO₂ 浓度相比, 倍增 CO₂ 显著增加了 2N 水平下的 Bt 蛋白含量 (+32.56%)。N 素施用量的增加显著上调了外源 Bt 基因表达量; 与对照 CO₂ 相比, 倍增 CO₂ 浓度处理下 2N 水平显著上调了外源 Bt 基因表达量 (117.92%)。此外, 在不同 CO₂ 和 N 处理下外源 Bt 基因启动子区域表现出不同的甲基化状态。在 1N 和 2N 处理下, CO₂ 浓度倍增诱导胞嘧啶的超甲基化 (21.23%和 15.81%), 而在低 N (1/4N) 水平下引起胞嘧啶的低甲基化 (11.72%)。可见, 在未来气候变化条件下, 转基因作物外源基因的表达可以通过 N 肥的适当施用进行调控, 而通过氮肥优化管理将有助于降低转 Bt 作物甲基化程度, 提升其外源基因稳定性及转 Bt 作物的可持续利用。

关键词: CO₂ 浓度, 转 Bt 水稻, 外源 Bt 基因, 外源 Bt 蛋白, 启动子区, DNA 甲基化

基于 COI 基因三种叶螨遗传多样性分析

聂 跃^{1,2} 陈俊谕² 张方平² 牛黎明² 符悦冠^{2*}

(1. 海南大学植物保护学院, 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)

【目的】六点始叶螨、东方真叶螨和比哈小爪螨是危害橡胶树的重要害螨, 广泛分布于我国及世界上的橡胶种植区, 为揭示 3 种叶螨不同地理种群遗传多样性及遗传分化和种群系统发育关系。**【方法】**本研究采集了我国海南, 云南, 广东和越南河内等地区的六点始叶螨、东方真叶螨和比哈小爪螨的不同地理种群 420 头个体, 通过 mtDNA 的 PCR 扩增, 测序, 然后运用 MEGA7.0 和 DnaSP 等软件对来自不同地区的样本进行遗传多样性分析。**【结果】**六点始叶螨, 东方真叶螨, 比哈小爪螨一共扩增出 420 条 mtDNA 序列, 去除引物后 3 种叶螨的序列长度均为 658 bp, 碱基含量的关系均是 A%+T% (70%以上) > G%+C% (20%以上), 都有明显的 A/T 偏倚性。三种叶螨的单倍型均十分丰富, 其中单倍型最多的是东方真叶螨和六点始叶螨, 均为 15 种, 通过单倍型中介网络图表明六点始叶螨没有发现明显的分化, 但是东方真叶螨和比哈小爪螨均分化为 3 个聚类簇, 3 种叶螨的单倍型 NJ 系统发育树, 也验证了该结果。遗传分化指数: 东方真叶螨 (Fst 值 0.79193) > 六点始叶螨 (Fst 值 0.34698) > 比哈小爪螨 (Fst 值 0.12500)。从不同地区来分析 3 种叶螨遗传多样性结果一致: 云南 > 海南 > 广东。**【结论】**(1) 六点始叶螨、东方真叶螨和比哈小爪螨存在一定的遗传分化, 东方真叶螨在三种叶螨中遗传分化程度最高, 其次是六点始叶螨, 最低是比哈小爪螨。(2) 3 种叶螨不同地区间比较结果都显示云南是几个采集的地区中, 遗传分化最大的地区。

关键词: 橡胶, 六点始叶螨, 比哈小爪螨, 东方真叶螨, COI, 地理种群, 遗传分化

*通讯作者, E-mail: fygcata@163.com

两株棉铃虫卵巢细胞系的建立

佟 岩^{1, 2} 李 瑄¹ 于旭鹏¹ 秦启联^{1*} 张 寰^{1*}

(1. 中国科学院动物研究所, 北京 100101; 2. 安徽大学, 安徽合肥 230039)

【目的】昆虫细胞系是深入研究昆虫病理的重要工具, 尤其是相应物种同源的昆虫细胞系, 对深入研究该物种特异的病原具有重要意义。**【方法】**通过低氧诱导法建立棉铃虫 *Helicoverpa armigera* 卵巢来源的细胞系, 并对建成的细胞系进行形态学描述、COI 基因鉴定和病毒敏感性验证等方面进行描述。**【结果】**我们建立了 2 株棉铃虫卵巢来源的细胞系, 分别命名为 IOZCAS-Ha-7, IOZCAS-Ha-8。细胞培养于含有 10%胎牛血清的 Insect-X-press 培养液中, 目前已传代至 25 代。经线粒体 COI 基因部分序列扩增和比对, 确认来均自于棉铃虫; 且两株细胞系均对棉铃虫核型多角体病毒敏感。**【结论】**上述两株细胞系将可用于杀虫剂在细胞水平的高通量筛选和棉铃虫核型多角体病毒的研究。

关键词: 昆虫细胞系, 棉铃虫, 卵巢, 棉铃虫核型多角体病毒

*通讯作者, E-mail: zhanghuan@ioz.ac.cn

异色瓢虫气味结合蛋白 HaxyOBP3 的组织表达谱和配体结合特征分析

渠 成 李峰奇 王 然 罗 晨*

(北京市农林科学院植物保护环境保护研究所, 北京 100097)

【目的】探究异色瓢虫气味结合蛋白 HaxyOBP3 的组织分布及其重组蛋白与气味化合物的结合特性, 推测其嗅觉生理功能。**【方法】**基于异色瓢虫成虫转录组数据, 利用 PCR 技术克隆 HaxyOBP3 基因, 并进行生物信息学分析, 通过荧光定量 PCR 技术进行雌、雄虫组织 [触角、头 (去除触角)、胸、腹、足、翅] 差异表达分析; 利用双酶切构建融合表达载体 pET32a(+)-HaxyOBP3, 并在大肠杆菌中进行原核表达, 纯化重组蛋白; 利用荧光竞争结合实验测定重组蛋白与 20 种候选气味物质的结合能力。**【结果】**克隆得到了异色瓢虫 HaxyOBP3 基因, 该基因含有 402 bp 的开放阅读框, 编码 133 个氨基酸, 推测分子量为 14.51 kD, 预测等电点为 4.15; 组织表达谱结果表明, HaxyOBP3 在雌、雄成虫触角中的表达量显著高于头 (去除触角)、胸、腹、足、翅。纯化后的重组蛋白与植物花挥发物 β -紫罗兰酮有较强的结合能力。**【结论】**HaxyOBP3 基因在成虫触角中高表达, 并与 β -紫罗兰酮有较强结合能力, 推测其在异色瓢虫成虫识别植物花朵的过程中发挥一定作用。

关键词: 异色瓢虫, 气味结合蛋白, 组织表达谱, 荧光竞争结合

*通讯作者

温度及噻虫嗪胁迫对大豆蚜 *hsp70* 和 *hsc70* 基因 mRNA 表达的影响*

陈 娟 韩岚岚** 赵奎军** 朱 琳 高丽瞳 肖建飞

(东北农业大学农学院, 黑龙江哈尔滨 150030)

【目的】为从转录组水平上认识大豆蚜 *Aphis glycines* 在热应激和噻虫嗪胁迫下 *hsp70* 和 *hsc70* mRNA 表达分子机制, 本研究探究了大豆蚜应对热应激和农药胁迫时的反应机制, 为有效防治大豆蚜提供理论基础。**【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浓度噻虫嗪对大豆蚜 4 龄若虫 *hsp70* 和 *hsc70* 的表达影响。**【结果】**37°C 热激大豆蚜时, *hsp70* mRNA 的转录水平在一定时间内随着热激时间的延长而升高, 热激 60 min 时达到最高峰。随后, *hsp70* mRNA 转录水平下降。*hsc70* 表达量在 60 min 以内变化不显著, 在 120 min 时表达量显著升高。热激处理后, 恢复时间对大豆蚜 *hsp70* 的表达具有显著影响。热激处理后一段时间内 *hsp70* 表达量在持续升高, 恢复 1 h 后, 表达量达到最高, 随后表达量迅速下降, 6 h 后基本恢复到未热激对照组水平。热激处理 1 h, 恢复时间对大豆蚜 *hsc70* mRNA 的相对表达量变化不显著。大豆蚜 4 龄若蚜受噻虫嗪胁迫 24 h 时, *hsp70* 和 *hsc70* 的相对表达量随着噻虫嗪浓度的升高呈现先升高后下降的趋势; 在 48 和 72 h 时, *hsp70* 和 *hsc70* 的相对表达量随着噻虫嗪浓度的升高呈下降的趋势。**【结论】**噻虫嗪诱导大豆蚜 *hsp70* 和 *hsc70* 表达量的上调具有短期效应; 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, 噻虫嗪, 热激, mRNA 表达

*基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项资金 (CARS-04), 天敌昆虫防控技术及产品研发 2017YFD0201000

**通讯作者, E-mail: hanll_neau@aliyun.com; kjzhao@163.com

温度对大豆食心虫滞育幼虫体内储存蛋白基因表达量的影响*

高丽瞳 韩岚岚 赵奎军** 陈 娟 肖建飞 师正浩

(东北农业大学农学院, 黑龙江哈尔滨 150030)

【目的】大豆食心虫 *Leguminivora glycinivorella* Matsumura 是大豆上的重要害虫, 其幼虫是蛀荚为害的专性滞育害虫, 严重影响大豆的品质和产量。昆虫储存蛋白是昆虫在变态发育过程中起重要作用的蛋白, 已有研究表明有的储存蛋白与昆虫滞育有关, 储存蛋白能促使成虫进入滞育。明确大豆食心虫在未滞育—滞育—滞育解除过程中储存蛋白基因 *hexamerin* 表达量的变化, 可为我们准确的测报大豆食心虫的发生期, 进而做好防治, 减少农药的使用提供科学依据。**【方法】**本文研究了大豆食心虫幼虫滞育诱导期(9月)、滞育期[滞育初期(10月)—滞育中期(2月)—滞育解除(6月)]各阶段经4℃、13℃、18℃、23℃、25℃及室外自然条件处理后其体内储存蛋白基因的表达情况。**【结果】**经不同温度诱导后, 未进入滞育的大豆食心虫体内储存蛋白基因的表达量高于进入滞育的虫体, 18℃、23℃、25℃下均有显著性差异($P < 0.05$)。滞育诱导期及滞育期大豆食心虫在不同温度诱导下体内储存蛋白基因的表达量均随着诱导温度的不断升高而不断降低, 4℃时其体内储存蛋白基因表达量最高。整个滞育期大豆食心虫体内储存蛋白基因表达量在9—11月不断降低, 11—2月不断升高, 2—4月不断降低, 4—6月不断升高。**【结论】**1. 经过18℃、23℃、25℃诱导后进入滞育期的的大豆食心虫和未进入滞育期的的大豆食心虫体内储存蛋白基因表达量有显著性差异($P < 0.05$)。2. 在不同温度诱导下不同滞育阶段大豆食心虫体内储存蛋白基因表达量变化趋势相同, 均随着温度的升高而不断降低。

关键词: 大豆食心虫, 滞育, 温度, 储存蛋白

*基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-04); 天敌昆虫防控技术及产品研发(2017YFD0201000)

**通讯作者, E-mail: kjzhao@163.com

小菜蛾双链核酸内切酶的序列特征和功能分析*

蒋颖霞^{1,2,3,4} 陈金芝^{1,2,3,4} 李妙雯^{1,2,3,4} 于慧慧^{1,2,3,4} 杨 广^{1,2,3,4**}

(1. 闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建农林大学应用生态研究所, 福建福州 350002;

2. 教育部害虫生态防控国际合作联合实验室, 福建农林大学, 福建福州 350002;

3. 农业部闽台作物有害生物综合治理重点实验室, 福建农林大学, 福建福州 350002;

4. 害虫绿色防控福建省高等学校重点实验室, 福建农林大学, 福建福州 350002)

双链核酸内切酶(dsRNase)是 Mg^{2+} 依赖性碱性核酸酶, 能够降解 ssRNA, ssDNA, dsRNA, dsDNA 等。本实验在小菜蛾中扩增出 4 条候选基因。这 4 条基因的 ORF 全长分别为 1 212 (PxdsRNase1)、1 359 (PxdsRNase2)、1 350 (PxdsRNase3)、939 bp (PxdsRNase4)。通过生物信息学分析发现, 前 3 条序列含有信号肽和 Endonuclease NS 域, 第 4 条序列最短, 只含有 Endonuclease NS 域。将 4 条 dsRNase 的 Endonuclease NS 域进行比对, 发现都含有 6 个活性位点、3 个底物结合位点和 1 个镁离子结合位点, 与其他昆虫 dsRNase 的结构域相似, 初步证明获得的基因为小菜蛾 dsRNase (PxdsRNase)。在降解 dsRNA 的实验过程中, 发现中肠和血淋巴的总蛋白都具有降解核酸的活性, 而且血淋巴总蛋白比中肠总蛋白降解 dsRNA 的能力强。为进一步明确其特性, 我们运用 RT-qPCR 技术对 PxdsRNase 的时空表达进行解析, 结果表明 PxdsRNase 都在 4 龄幼虫表达量最高; 在 4 龄幼虫的不同组织中, 其中 PxdsRNase1 和 PxdsRNase4 在所有组织中均有表达, 其中 PxdsRNase1 在血淋巴中高表达, PxdsRNase4 在头部和表皮中表达量最高, PxdsRNase2、PxdsRNase3 只在中肠中表达。因此, 我们采用 RNAi 技术, 以小菜蛾几丁质基因(Pxcht)的干扰效率作为衡量 PxdsRNase 干扰效果的标准, 结果发现, 将 PxdsRNase1 和 PxdsRNase3 和 Pxcht 的 dsRNA 共同注射到小菜蛾四龄幼虫的干扰效率会高于 dsEGFP 和 dsPxcht 的干扰效率, 而其他 2 个 PxdsRNase 则不会影响 Pxcht 的干扰效率。本研究发现了小菜蛾 4 个核酸内切酶, 并且发现 dsRNA 在中肠和血淋巴中都能被降解, 并证实干扰 PxdsRNase1 和 PxdsRNase3 能够增强小菜蛾的 RNAi 效率, 为提高小菜蛾 RNAi 奠定基础。

关键词: 小菜蛾, 双链核酸内切酶, 核酸降解, RNAi

*基金项目: 国家自然科学基金(31772237); 福建省重大专项研究任务(2015NZ01010012)

**通讯作者, E-mail: yxg@iae.fjau.edu.cn

椰扁甲啮小蜂寄生介导的 miR-305-5p 对水椰八角铁甲脂肪体基底膜的调控*

刘 敏 张华剑 张霞芳 刘 彬 麻程军 侯有明 汤宝珍**

(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】MicroRNA(miRNA)是一类在转录后水平调节各种生物过程的非编码小 RNA, 前期结果表明, 椰扁甲啮小蜂 *Tetrastichus brontispae* 寄生引起寄主水椰八角铁甲 *Octodonta nipae* miRNA 表达丰度的显著变化。其中具有显著差异表达的 miR-305-5p 潜在的靶基因是层粘连蛋白 laminin $\gamma 1$ (OnLany1)。层粘连蛋白是基底膜的主要成分, 具有作为细胞支持基质, 组织屏障和细胞表面感受器配体的多种功能。因此, 在本研究中, 通过研究 miR-305-5p 在椰扁甲啮小蜂寄生后对水椰八角铁甲脂肪体的调节, 明确椰扁甲啮小蜂寄生介导的 miRNA 对寄主的调控作用。**【方法】**基于已有的 OnLany1 的转录组信息, 明确其结构特征。利用 RNAi 技术和双荧光素酶明确 OnLany1 功能并验证 miRNA 与 OnLany1 的靶向调控关系。荧光定量检测椰扁甲啮小蜂寄生后对水椰八角铁甲 miR-305-5p 和 OnLany1 表达量的影响。

【结果】OnLany1 编码 1 980 个氨基酸, 具有典型的 laminin 特征。注射 dsOnLany1 后, 水椰八角铁甲蛹的体表出现数量不等的黑斑。干扰 miRNA 合成过程中至关重要的 dicer1 后, OnLany1 的表达量上升; 双荧光素酶结果显示 miR-305-5p 和 OnLany1 的表达量具有靶向调节关系。OnLany1 的转录水平在椰扁甲啮小蜂寄生后 24 h 开始显著下降, 直到 96 h; miR-305-5p 的表达量寄生后不同时间上调。**【结论】**以上结果表明, 椰扁甲啮小蜂寄生介导的 miR-305-5p, 可通过调控 OnLany1, 进而调节寄主的脂肪体, 从而有利于寄生蜂后代的生长发育。

关键词: 水椰八角铁甲, 椰扁甲啮小蜂, 层粘连蛋白, miRNA, 脂肪体

*基金项目: 国家自然科学基金 (31672086)

**通讯作者, E-mail: tangbaozhen@fafu.edu.cn

重金属镉对粘虫生长发育的影响及生化机制研究*

魏子涵** 王小奇*** 杨雪清***

(沈阳农业大学植物保护学院, 辽宁省经济与应用昆虫重点实验室, 辽宁沈阳 110866)

【目的】重金属镉(Cd)由于对植物和植食昆虫具有毒性,在农业生态系统中备受关注。以往的研究表明,Cd可通过自下而上(寄主植物的品质)和自上向下(天敌)作用影响植食昆虫的种群数量。然而,取食Cd对昆虫的生活史、解毒酶和抗氧化酶活性的直接影响鲜有报道。已有研究证实,东北地区一些玉米田土壤受Cd污染,导致玉米中可能富集了Cd。东方粘虫 *Mythimna separate* (Walker) 是一种间歇性爆发成灾的迁飞性害虫,主要危害禾本科作物。**【方法】**在本研究中,饲喂粘虫添加了低(0.15 mg/kg)、中(0.30 mg/kg)和高(0.60 mg/kg)浓度Cd的人工饲料。**【结果】**结果发现低浓度Cd抑制幼虫的体重,但中、高浓度Cd促进粘虫体重的增长;与幼虫不同的是,中、高浓度Cd处理组的蛹重显著低于低浓度Cd处理组和对照组。随着Cd浓度的增加,幼虫的存活率和繁殖力下降,化蛹率和蛹畸形率升高。低、中浓度Cd处理组的幼虫历期延长,而高浓度Cd处理组的幼虫历期缩短。酶活测定结果显示,Cd抑制三龄幼虫体内多酚氧化酶(PPO)活性,激活乙酰胆碱酯酶(AChE)、羧酸酯酶(CarE)和谷胱甘肽S-转移酶(GST)活性。**【结论】**上述研究表明,Cd对粘虫生活史的不良影响与解毒作用、AChE敏感性和抗氧化作用的增强之间存在着生理权衡,这可能是粘虫对Cd的一种适应策略。

关键词: 重金属污染, 农业生态系统, 防御反应, 适应策略

*基金项目: 辽宁省高等学校创新人才支持计划(LCR2018024); 中国科协“青年人才托举工程”(YESS20160085)

**第一作者, E-mail: 15940597792@163.com

***通讯作者, E-mail: sling233@hotmail.com

柑橘大实蝇幼虫发育过程中细菌和真菌群落的动态变化

姚志超 蔡朝辉 Muhammad Fahim Raza 白 帅

王译晨 张 萍 马琼可 马海泉 张宏宇*

(农业微生物国家重点实验室, 园艺植物生物学教育部重点实验室, 华中农业大学植物科学学院城市与园艺昆虫研究所, 湖北武汉 443200)

柑橘大实蝇 *Bactrocera minax* (Enderlein) (Diptera: Tephritidae) 是一种在我国柑橘产区严重危害橘果的寡食性双翅目害虫。其幼虫生活在高度腐烂的橘果中, 幼虫肠道中栖息着多种多样的微生物群落。然而, 这一重要害虫的幼虫的肠道微生物群落仍缺乏系统的调查和研究。在此, 我们系统全面的调查了秭归(寄主: 脐橙)和丹江口(寄主: 蜜柑)2个区域的柑橘大实蝇幼虫三个龄期的肠道微生物群落。我们发现两个区域的幼虫肠道主要是门水平的细菌群落均是变形菌门和厚壁菌门, 肠杆菌科则是整个幼虫发育期的优势菌群; 子囊菌门和担子菌门则是主要的真菌群落。随着幼虫的发育, 肠道细菌群落的物种丰富度相关的Chao1和ACE指数未发生显著性变化, 物种多样性指数Shannon和Simpson显著下降; 然而肠道真菌群落的物种丰富度和多样性指数都随着幼虫龄期的增加而减少。虽然两个区域的幼虫肠道微生物群结构组成存在着差异, 但是主要的微生物菌群随着幼虫发育的变化趋势是一致的, 肠道细菌群落Acetobacteraceae, Leuconostocaceae 和 Lactobacillaceae的相对丰度以及肠道真菌群落Pichiaceae, Sebacinaceae 和 Amanitaceae的相对丰度都随着幼虫的发育逐渐增加且稳定的存在于幼虫肠道中。此外我们发现两个区域的幼虫肠道细菌群落的碳水化物代谢功能随着龄期而增加。这些结果表明上述菌群可能与柑橘大实蝇幼虫生长发育相关, 进一步提高了我们对柑橘大实蝇与其肠道微生物的共生关系的理解。

关键词: 柑橘大实蝇, 微生物组, 发育, 动态变化

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

红棕象甲肠道菌群介导调控宿主营养代谢促进幼虫的生长发育

Prosper Habineza^{1,2} Abrar Muhammad^{1,2} 肖 蓉^{1,2}

纪田亮^{1,2} 侯有明^{1,2} 石章红^{1,2*}

(1. 闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建福州 350002;

2. 福建省昆虫生态学重点实验室, 福建农林大学植物保护学院, 福建福州 350002)

红棕象甲 (Red palm weevil, *Rynchophorus ferrugineus* Olivier) 是一种危害全球棕榈植物的毁灭性蛀干害虫。最近的研究表明, 红棕象甲的肠道内定殖着大量的细菌, 而且肠道菌群结构的改变可以显著地影响该害虫的营养代谢。然而, 关于肠道菌群对红棕象甲表型影响的具体机理目前仍不清楚。研究发现, 与对照组相比, 肠道无菌的红棕象甲从卵到预蛹的发育时间明显延长, 体重也明显降低。此外, 检测发现无菌饲养的红棕象甲幼虫的血淋巴中蛋白质、葡萄糖和甘油三酯的含量显著地降低。有趣的是, 将肠道菌群重新植入无菌幼虫的肠道可以显著地提高 3 种营养指数的水平, 其中重新植入乳酸乳球菌 *Lactococcus lactis* 的无菌红棕象甲幼虫的血淋巴中蛋白质的含量恢复到正常水平, 而植入阴沟肠杆菌 *Enterobacter cloacae* 可以显著地增加红棕象甲幼虫的血淋巴中甘油三酯和葡萄糖的含量。因此, 我们的证据表明, 肠道菌群可以通过调节红棕象甲幼虫营养代谢影响该害虫的发育, 而且不同的肠道细菌对宿主生理水平有不同的影响。为进一步探明肠道菌群调节红棕象甲营养代谢的相关分子机理, 我们克隆获得了 *RfIGFALS* 基因的核心片段并评价了肠道菌群对该基因表达丰度的影响以及该基因的沉默对该害虫体内营养物质浓度的影响。RT-qPCR 检测发现, *RfIGFALS* 在红棕象甲幼虫的不同组织中均有表达, 其中在肠道、血淋巴和脂肪体组织中的表达量显著高于头部和表皮。利用 RNAi 沉默 *RfIGFALS* 后, 与对照组相比, 发现其在肠道和脂肪体中该基因的表达量均显著地下调, 而且脂肪体中的葡萄糖和 TAG 含量显著地增加, 而血淋巴中葡萄糖和 TAG 的含量无变化。我们还发现, *RfIGFALS* 在无菌饲养的红棕象甲幼虫肠道中的表达显著低于正常饲养幼虫。以上结果表明, 红棕象甲幼虫肠道菌群可诱导 *RfIGFALS* 的表达并参与调节该害虫的营养代谢。总体而言, 肠道无菌的红棕象甲幼虫试验模型的建立将加速阐明红棕象甲与其肠道菌群相互作用背后的分子机制。

关键词: 红棕象甲, 肠道菌群, 入侵害虫, 营养代谢, 互利共生

*通讯作者, E-mail: shizh@fafu.edu.cn

异色瓢虫成虫滞育和生殖前内生殖器官、取食量及 营养积累比较研究*

高 俏 韦炳鑫 刘 文 王佳璐** 周兴苗 王小平

(华中农业大学植物科学技术学院, 湖北武汉 430070)

通过操控天敌昆虫的滞育结合低温储存可成功实现天敌昆虫的长期储存而不影响其适合度。在昆虫滞育的过程中, 充分的滞育准备对其成功进入滞育和维持滞育至关重要。因此, 了解天敌昆虫滞育准备期的关键准备事件对于开发基于滞育调控的人工扩繁和储存技术均具有重要的意义。异色瓢在其原产地是一种重要的生防昆虫, 具有兼性滞育特性。然而其滞育准备阶段的发育轨迹、准备时期和生理变化等滞育特征目前尚不明确。本文比较了分别饲养于 20°C, 长日照 (14 L: 10 D) 和短日照 (10 L: 14 D) 条件下滞育和生殖前异色瓢虫成虫内生殖器官发育、取食量及营养积累等方面的差异。结果显示, 异色瓢虫滞育和生殖个体在内生殖系统形态上具有明显的差异, 相较于生殖前个体滞育前个体内生殖器官发育在成虫期早期即显著受到抑制。滞育和生殖前异色瓢虫的取食量在羽化后前 10 d 均持续增加且无显著差异, 滞育前雌雄虫的取食量分别在羽化后第 15 和第 14 d 出现锐减, 随后持续维持较低的取食量, 这暗示着滞育的开始。异色瓢虫滞育准备阶段雌虫主要积累碳水化合物和脂类, 雄虫主要积累碳水化合物。本研究结果明确了异色瓢虫滞育准备阶段的发育和生理等滞育特征, 为异色瓢虫大规模生产和储存提供了基础资料。

关键词: 异色瓢虫, 滞育, 光周期, 内生殖器官, 取食量, 营养积累

*基金项目: 国家自然科学基金基金项目 (31701842)

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

Wolbachia* 调控松毛虫赤眼蜂产雌孤雌的两步机制

张 琛 刘泉泉 董 辉**

(沈阳农业大学植物保护学院, 辽宁沈阳 110866)

胞内共生菌 *Wolbachia* 广泛分布于节肢动物和线虫体内, 可以诱导宿主生殖表型发生改变, 主要包括细胞质不亲和、雌性化、杀雄作用和产雌孤雌生殖等。其中, *Wolbachia* 可调控赤眼蜂发生产雌孤雌生殖现象。然而, *Wolbachia* 调控宿主产雌孤雌生殖的主要作用机制尚未明确。本试验以感染 *Wolbachia* 的产雌孤雌松毛虫赤眼蜂为研究对象, 提出 7 种关于 *Wolbachia* 诱导宿主产雌孤雌生殖机制的相关假设, 并对其进行了验证。研究结果表明: 雌蜂经四环素处理后仅出现少量二倍体雄蜂, 且其频率不受抗生素浓度影响; 二倍体雄蜂体内 *Wolbachia* 滴度显著高于单倍体雄蜂。雌蜂的倍体单一, 均为二倍体。结果说明 *Wolbachia* 通过严格的两步机制调控松毛虫赤眼蜂进行产雌孤雌生殖, 并且这些调控均依赖于其滴度的变化, 即先在低滴度下调控卵子的二倍化, 然后在高滴度下诱导二倍体卵的雌性化。产雌孤雌品系的松毛虫赤眼蜂并未继承 *Wolbachia* 的性别调控机制, 也未对其产生依赖。本研究将为 *Wolbachia* 调控产雌孤雌松毛虫赤眼蜂的分子机理研究提供重要参考。

关键词: 倍体检测, 性别决定, 胞内共生菌, 雌性化, 染色体行为

*基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFD0201805)

**通讯作者, E-mail: biocontrol@163.com

高温诱导的感染 *Wolbachia* 短管赤眼蜂子代 雌雄间体第二性征的渐变现象*

宁素芳 周金成 刘泉泉 赵 倩 董 辉**

(沈阳农业大学植物保护学院, 辽宁沈阳 110866)

雌雄间体是昆虫性别分化的中间产物, 确定雌雄间体形态及其产生的原因将有助于理解昆虫的性别分化机制。胞内共生菌 *Wolbachia* 可诱导短管赤眼蜂 *Trichogramma pretiosum* 发生孤雌产雌生殖现象。然而, 高温可导致赤眼蜂体内 *Wolbachia* 滴度降低, 削弱其对宿主生殖表型的调控能力, 进而使宿主雌蜂产出少量雌雄间体。为明确母代温度对短管赤眼蜂子代雌雄间体第二性征的影响, 本文以感染 *Wolbachia* 且营孤雌产雌生殖的短管赤眼蜂 *T. pretiosum* 为试虫, 调查了不同母代高温 (27°C, 29°C, 31°C 和 33°C) 处理后子代 (F₁ 代和 F₂ 代) 雌雄间体的发生概率, 并对不同雄性化程度的 235 头雌雄间体的外部形态特征进行描述与鉴定。结果发现: ①子代雌雄间体出现频率随母代温度的上升而增加。F₁ 代雌雄间体出现概率 (0.66% ± 0.13%) 显著高于 F₂ 代 (0.24% ± 0.019%)。②本研究鉴定出短管赤眼蜂的 11 种雌雄间体类型, 且大部分雌雄间体的外生殖器为雌性, 只有 3 种间体类型的外生殖器为雄性。其中 D 类型 (触角一雌一雄, 雄触角具长刚毛, 雌触角无刚毛; 雌性外生殖器) 和 H 类型 (两个触角为雄性, 均具长刚毛; 雌性外生殖器) 出现频率最高。③雌雄间体雄性化程度随母代温度的升高而增强。研究结果说明 *Wolbachia* 是导致雌雄间体出现的直接因素, 温度是决定雌雄间体外部形态的间接因素。雌雄间体的出现取决于高温影响下的短管赤眼蜂的母代效应, 且这种母代效应随世代数的增加而减弱。研究结果将为揭示胞内共生菌 *Wolbachia* 与其宿主的相互作用以及宿主赤眼蜂的性别分化机制提供重要参考。

关键词: 短管赤眼蜂, 温度, *Wolbachia*, 滴度, 雌雄间体

*基金项目: 国家重点研发计划项目 (2016YFD0300704)

**通讯作者, E-mail: biocontrol@163.com

miR-7 和 miR-278 对桔小实蝇羽化的影响

张 强^{1,2} 豆 威^{1,2} 何 颖^{1,2} 宋中豪^{1,2} Guy Smagghe^{1,2,3*} 王进军^{1,2*}

(1. 西南大学植物保护学院, 重庆 400715; 2. 西南大学农业科学研究院, 重庆 400715;

3. 根特大学作物学院, 比利时根特 9000)

【目的】蛹期是完全变态昆虫的一个“暗箱”期, 涉及形态、生理生化和细胞等一系列复杂的变化过程。前期对桔小实蝇不同发育节点 miRNAs 表达谱研究发现, miR-7 和 miR-278 在蛹末期高量表达, 暗示其可能参与调控橘小实蝇的羽化进程。探究 miRNAs 对桔小实蝇羽化的影响, 有望为新型防控靶标的研发提供新思路。**【方法】**将桔小实蝇蛹壳剥离至腹部, 通过微量注射仪, 分别在 5 日龄 (P5) 和 6 日龄 (P6) 蛹背部注射相应 miRNAs 的 mimics 和 antiago (50 pmol), 于 24 h 后分别检测对应 miRNAs 的表达量, 同时统计表型至羽化。

【结果】注射 mimics 后, miR-7 和 miR-278 分别上调 34.42 和 25.63 倍, 而注射 antiago 后, miR-7 和 miR-278 分别下调 92.53%和 98.88%; 注射 mimics-7/278 和 antiago-7/278 后, 均出现以下 4 种表型: 未发育死亡 (眼颜色未转变为金属光泽), 发育后死亡 (眼颜色转变为金属光泽), 未成功羽化 (腹部在蛹壳内, 仅头能活动或头和前足能活动; 腹部脱离蛹壳, 但翅或足被束缚在蛹壳内), 成功羽化 (单翅或双翅畸形)。**【结论】**miR-7 和 miR-278 参与了桔小实蝇蛹期的发育, 影响其羽化, 但具体机制尚未明确。

关键词: 桔小实蝇, 羽化, miRNA

*通讯作者

台湾乳白蚁头部感觉附肢对其取食及存活的影响

付丙鲜

(浙江农林大学农业与食品科学学院, 浙江临安 311300)

台湾乳白蚁土木两栖, 分布广、适应性强、危害对象广泛, 造成经济损失重大, 是我国及世界范围内危害最为严重的白蚁种类。触角是昆虫最重要的感觉器官, 其上分布有各种感器, 在昆虫寻找寄主、配偶, 逃避敌害等行为中具有重要作用。下颚须、下唇须是昆虫主要的口器感觉附肢, 在其取食危害中起到重要作用。本研究利用电镜技术对台湾乳白蚁触角、下颚须、下唇须及其负载感器进行超微结构观察及分析, 同时通过选择性去除其头部感觉附肢, 来观察其死亡率和取食量变化, 探讨不同头部感觉附肢的神经支配及其对取食及存活的影响。明确台湾乳白蚁触角、下颚须、下唇须的感觉结构基础及进一步增进对不同感觉附肢在取食过程中所起作用的理解。

关键词: 白蚁, 头部, 感觉附肢, 透射电镜, 取食, 存活

桔小实蝇幼虫龄期鉴定与围蛹的发育分级

景田兴^{1,2*} 石 岩^{1,2,3*} 王 磊^{1,2} 豆 威^{1,2} 蒋红波^{1,2} 王进军^{1,2**}

(1. 西南大学植物保护学院, 重庆 400716; 2. 西南大学农业科学研究院, 重庆 400716;

3. 青岛农业大学植物医学学院, 山东青岛 266109)

【目的】桔小实蝇又名东方果实蝇, 其分布范围广泛、繁殖量大, 被我国列为检疫性有害生物。对该害虫的检疫工作及综合防控均需要对其基础生物学特征具有全面的了解。因此, 我们开展对桔小实蝇的幼虫龄期鉴定以及围蛹发育分级的研究, 以期为检疫工作和田间防控治理提供有效信息。**【方法】**1) 收集雌成虫在 1 h 内所产的卵, 当幼虫孵化后, 每 8 h 收集一次幼虫进行解剖, 观察幼虫蜕皮情况并测量体长、头咽骨长宽、口钩长宽 5 个形态指标完成对幼虫龄期的鉴定; 2) 收集在 20 min 内进入静止状态开始化蛹的幼虫, 之后的 48 h 内, 每 2 h 收集一次样品, 48 h 后每 6 h 收集一次样品, 解剖剥离蛹壳, 观察围蛹发育形态变化, 并对桔小实蝇围蛹进行分级。**【结果】**桔小实蝇幼虫经历两次蜕皮, 可分为 3 个龄期, 其中头咽骨长度为幼虫龄期鉴别和划分的最佳形态指标, 头咽骨宽度以及口钩的长和宽可作为辅助指标。幼虫的体长变异性大, 不同龄期间体长重叠严重, 因此不适合作为龄期划分指标; 根据桔小实蝇变态发育阶段外部形态变化, 其从未龄幼虫化蛹开始至羽化, 可分为弃食期幼虫、幼虫-蛹蜕变期、隐头蛹期、显头蛹期、隐成虫期以及羽化期 6 个阶段。**【结论】**对桔小实蝇幼虫龄期的准确划分以及对围蛹发育的形态学观察有利于对该害虫的海关检疫工作和田间防控, 尤其围蛹发育的分级工作可用于桔小实蝇羽化时间的预测预报, 对田间用药时间具有良好的指导作用。同时该部分工作也为研究桔小实蝇变态发育奠定形态学基础。

关键词: 桔小实蝇, 幼虫龄期, 围蛹发育, 变态发育

*共同第一作者

**通讯作者

DNA 去甲基化酶（TET）介导的 5mC 去甲基化 影响赤拟谷盗胚胎发育

张越美 李 斌*

（南京师范大学生命科学学院，江苏南京 210023）

DNA 去甲基化酶（TET:Ten-eleven translocation enzyme）能够催化 DNA 5-甲基胞嘧啶（5mC）的去甲基化，广泛参与真核生物生长发育调控。赤拟谷盗作为一种重要的模式生物，关于其基因组是否含有 5mC，一直以来存在争议，并且其基因组是否含有去甲基化酶 TET 及其生物学功能目前尚不清楚。因此，本研究首先鉴定了赤拟谷盗基因组含有一个 TET 同源蛋白，并将其命名为 TcTET。功能结构域分析表明该蛋白含有保守的 5mC 催化结构域 DSBH，暗示其可能参与 5mC 去甲基化。进一步，体外 HEK293T 细胞过表达 TcTET，导致该细胞基因组 5mC 含量降低，同时利用 RNAi 体内敲减 *Tctet*，导致赤拟谷盗基因组 5mC 含量上升，体内体外实验共同证明了 TcTET 参与赤拟谷盗基因组 5mC 的去甲基化。另外，时空表达模式分析表明 *Tctet* 在成虫的卵巢中特异性高表达，暗示其在成虫生殖中发挥重要作用。进而在晚期蛹 RNAi *Tctet* 导致雌虫产卵量发生显著降低，进一步对卵子发生过程观察发现 *Tctet* 缺失的雌虫的卵子发育停滞。本研究结果首次证实赤拟谷盗 TcTET 具备 5mC 去甲基化催化能力，进一步证实赤拟谷盗基因组 5mC 的存在，同时 RNAi *Tctet*，导致雌性赤拟谷盗生殖力缺陷，说明 DNA 甲基化在雌性生殖功能中发挥重要的作用。

关键词：赤拟谷盗，DNA 胞嘧啶去甲基化，TET，卵子发生

*通讯作者，E-mail: libin@njnu.edu.cn

松梢小卷蛾触角感器超微结构研究*

张爱环^{1,2**} 闫哲^{1,2} 苏程³ 杨瑞³

(1. 农业农村部华北都市农业重点实验室, 北京农学院, 北京 102206; 2. 北京农学院生物与资源环境学院, 北京 102206; 3. 北京农学院植物科学技术学院, 北京 102206)

【目的】昆虫的感受器主要分布于触角,是昆虫化学通讯的主要工具,对昆虫的生存和适应环境具有重要作用。通过观察松梢小卷蛾 *Rhyacionia pinicolana* (Doubleday) 触角感器,了解其感器的种类、结构及分布。**【方法】**以松梢小卷蛾为实验材料,应用扫描电镜进行观察。**【结果】**松梢小卷蛾触角由柄节、梗节和鞭节构成,雌雄两性触角均为丝状,着生于复眼内侧。柄节短小;梗节膨大;鞭节由 43~49 亚节组成。触角长度在个体间差异较大。各种感器主要分布于触角迎风面,背风面密被鳞片。松梢小卷蛾触角上着生 7 种感器:毛形感器、锥形感器、栓锥形感器、腔锥形感器、耳形感器、刺形感器和 Böhm 氏鬃毛。其中 6 种分布感器于鞭节上,且鞭亚节各部分的感器数量和分布不同,仅有 Böhm 氏鬃毛和锥型 II 感器分布于柄节。毛形感器是分布最广、数量最多的感器,鞭节的各个亚节均有分布,鞭节的基部和中部分布数量较多,端部较少。锥形感器分布稀疏,着生于光滑突起的臼状窝内,着生于鞭亚节的毛型感器间或柄节中部。栓锥形感器高矮不一,多分布于鞭亚节远端及鳞片间。腔锥形感器分布广且数量多,多散生于鞭亚节的末端毛型感器间或背风面鳞片间。耳形感器主要分布于鞭节中部和端部的各亚节末端,且耳形感器 II 仅在雌性发现。刺形感器分布广,数量较多,主要分布于鞭亚节的基部和端部的毛型感器间。Böhm 氏鬃毛只分布于柄节和梗节基部,在鞭节未见分布。**【结论】**松梢小卷蛾雌雄触角感器分布特点相同,类型略有差异。

关键词: 松梢小卷蛾, 触角感器, 超微结构, 扫描电镜

*基金项目: 国家自然科学基金 (31101665)

**通讯作者, E-mail: zhangaihuan@126.com

用 iTRAQ 技术分析茶足柄瘤蚜茧蜂的滞育关联蛋白*

刘 敏 刘爱萍** 韩海斌 高书晶 徐林波

(中国农业科学院草原研究所, 内蒙古呼和浩特 010000)

利用茶足柄瘤蚜茧蜂的滞育特性,可显著延长其产品的货架期,探究茶足柄瘤蚜茧蜂滞育相关蛋白的表达特点,对了解天敌昆虫滞育机理具有重要意义。滞育关联蛋白(Diapause Associated Protein, DAP)是昆虫在滞育期间,主要存在于脂肪体和(或)血淋巴中,而在非滞育昆虫中不存在或有极微量痕迹的蛋白质。DAP作为抗冻蛋白、贮存蛋白、载脂蛋白、热激蛋白、分子伴侣等,参与滞育过程中的生化反应,在抵抗环境胁迫过程中发挥重要作用。本文基于 iTRAQ (Isobaric Tags for Relative and Absolute Quantitation) 技术,对提取的茶足柄瘤蚜茧蜂滞育蛹与非滞育蛹全蛋白进行酶解、质检、标记、液质检测及定量分析,并结合生物信息学对茶足柄瘤蚜茧蜂滞育期和非滞育期的差异蛋白进行分析,共鉴定到 7 251 个蛋白,差异显著的蛋白总数为 135,显著上调的蛋白总数 38,显著下调的蛋白总数 97。对差异表达蛋白进行 GO 和 KEGG 功能富集分析发现,与过氧化物酶活性、有机物代谢、细胞氧化还原稳态等条目,核糖体、氧化磷酸化等途径相关的蛋白质在滞育阶段显著上调表达。对滞育关联蛋白进行功能分析,从分子方面研究昆虫滞育机理,以期对应用天敌昆虫防治害虫提供新思路。

关键词: 茶足柄瘤蚜茧蜂, 滞育关联蛋白, 蛋白质组学, iTRAQ 技术

*基金项目: 国家重点研发项目(2017YFD02010000); 国家重点研发项目政府间国际科技创
新合作重点专项(2017YFE0104900)

**通讯作者, E-mail: liuaiping806@sohu.com

桔小实蝇卵巢发育相关 miRNA 的筛选与鉴定*

杨瑞琳^{1,2} 张 强^{1,2} 豆 威^{1,2**} 王进军^{1,2}

(1. 西南大学植物保护学院, 重庆 400716; 2. 西南大学农业科学研究院, 重庆 400716)

MicroRNAs (miRNAs) 是一类广泛存在于真核生物中的小分子非编码 RNA, 通过抑制靶基因的翻译过程或降解靶基因的 mRNA, 在转录后水平上调控基因表达。miRNAs 在昆虫中广泛存在, 是调节昆虫变态与生殖的重要因子。桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* 是一种重要的危险性果蔬害虫, 其寄主和分布范围极为广泛。在本研究中, 分别收集了桔小实蝇雌成虫 3 日龄、6 日龄和 9 日龄卵巢, 利用 Hiseq 开展了 miRNA 测序。结果显示, 桔小实蝇 3 个发育阶段卵巢共筛选 423 个 miRNA, 包括 66 个已知 miRNA 和 347 个新 miRNA。其中, 243 个 miRNA 在桔小实蝇卵巢不同发育阶段差异表达 (>10TPM), 8 个 miRNA 则具有较高的表达水平 (>1000TPM), 并且与靶基因呈负调控关系: 3 个 miRNA 显著上调: miR-263a (调控 rbpnX1)、miR-9b (调控 csp4) 和 miR-11595 (调控 tp189、neX1、pc、filamin-A、ppcp-like、hpa、irp1、hmx3 和 mapf-like); 另外 5 个 miRNA 显著下调: miR-184 (调控 Bdo-newgene-34224)、miR-2a (调控 cpn2)、miR-2b (调控 cpn2)、miR-2a-2 (调控 cpn2、pbc、pvgr)、miR-2c (调控 cpn2、pbc、pvgr、pip)。通过 RT-qPCR 对 8 个差异表达的 miRNA 进行定量验证, 结果与 miRNAs 测序结果基本一致。本研究旨在筛选桔小实蝇雌虫生殖过程中发挥关键调控作用的 miRNA, 以期发掘新的小分子 RNA 杀虫靶标, 为实蝇类害虫防控提供新思路。

关键词: 桔小实蝇, miRNA, 卵巢发育

*基金项目: 国家自然科学基金 (31872031; 31672030)

**通讯作者, E-mail: douwei80@swu.edu.cn

不同龄期的益蝽的耐饥力试验*

唐艺婷 王孟卿** 徐 琢 李玉艳 刘晨曦 毛建军 陈红印 张礼生**

(中国农业科学院植物保护研究所/中美合作生物防治实验室, 北京 100193)

益蝽 *Picromerus lewisi* Scott 属于半翅目 Hemiptera, 蝽科 Pentatomidae, 益蝽亚科 Asopinae 的一种捕食性昆虫, 广泛分布于我国各省, 并东北亚, 如日本、朝鲜、俄罗斯等地。益蝽可以捕食多种鳞翅目和双翅目等农业害虫的幼虫和成虫, 是生物防治中一种优良的天敌昆虫, 对爆发性草地贪夜蛾幼虫、蛹和成虫有明显的捕食能力。昆虫耐饥力的强弱, 为昆虫的生物学特性之一。捕食性天敌昆虫在食物不足或猎物缺少条件下的生存能力是评价其生防潜能的一个重要指标, 其中关键的是昆虫耐饥饿的时间, 即耐饥力。在天敌昆虫释放过程中, 耐饥力是影响天敌种群成功建立的一个重要因子。本实验为了探究益蝽 3-5 龄若虫和成虫的耐饥力程度, 在实验室条件下 (T: $25 \pm 1^{\circ}\text{C}$, P: 16 L : 8 D, RH: $70\% \pm 5\%$), 通过使用容量为 300 mL 的透明杯, 覆以纱网, 利用脱脂棉给益蝽提供水分, 不提供任何食物, 分别对益蝽 3-5 龄若虫和雌、雄成虫进行耐饥力试验。每个龄期 20 个重复, 每隔 24 h 记录益蝽死亡情况。试验结果表明益蝽 3~5 龄以及雌雄成虫的耐饥饿天数分别为: 8.33 ± 1.19 、 19.3 ± 1.40 、 23.44 ± 1.54 、 19.89 ± 1.53 、 19.80 ± 1.35 d。3 龄益蝽的耐饥饿时间最短, 明显短于其他龄期的饥饿时间。益蝽 5 龄若虫耐饥饿能力最强, 最长耐饥饿时间为 36 d。但经过方差分析发现与益蝽 4 龄若虫和成虫的耐饥力并无显著性差异。以此为基础, 为益蝽的田间释放应用的适宜虫态提供数据参考。

关键词: 益蝽, 耐饥力, 生物防治

*基金项目: 重点研发计划 (2017YFD0201000); 国家自然科学基金 (31672326)

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

稻水象甲的孤雌生殖

王鹏程^{1,2} 张润志¹

(1. 中国科学院动物研究所, 北京 101408; 2. 中国科学院大学, 北京 100101)

孤雌生殖 (Parthenogenesis) 也称单性生殖, 即卵不经过受精作用也能发育成正常的新个体。截至 2017 年仅鞘翅目就已经描述了超过 600 个物种存在孤雌生殖现象。由于孤雌生殖没有雌雄的基因组合, 进化只能沿着单系突变积累进行, 整个种群具有稳定的遗传基础, 个体的有益突变不能加以组合, 因此被认为是进化上的“死胡同”, 甚至还可能因为不能适应环境的变化而灭亡。但近些的研究发现, 同一物种的孤雌生殖种群比两性生殖种群占据更广的生态位, 能够有效的利用环境资源。对于入侵的孤雌生殖物种不需要存在两性的个体就能够繁衍和扩张领地, 极大减少了生存成本, 例如孤雌生殖稻水象甲的种群分布面积远大于两性生殖种群; 原产地为非洲的一种家蚁 *Strumigenys rogeri* 成功入侵台湾主要原因就是孤雌生殖。所以了解物种孤雌生殖的分子机制对防治其扩散有重要意义。稻水象甲属鞘翅目象虫科, 是我国重要的农业检疫性害虫, 存在两性生殖 (2n) 与专性孤雌生殖 (3n) 种群。已有研究发现孤雌生殖稻水象甲卵子形成过程中存在一次单极分裂 (所有的染色体移向细胞的一端) 以维持后代染色体倍性, 并筛选了 8 个可能参与稻水象甲孤雌生殖过程的基因, 分别参与细胞周期, 细胞分裂凋亡, 信号转导和微管蛋白过程, 但稻水象甲孤雌生殖的分子机制仍然未知。目前已有部分物种孤雌生殖的分子机制的假说, 例如中心体假说: 蚜虫卵母细胞的星体是不依赖于中心体而自发组装的, 星体结构的形成促使和中心体前体在星体核心积累, 并导致真正中心体的形成, 该中心体在以后的有丝分裂过程中组装纺锤体并具有复制能力; *Wolbachia* 共生菌诱导假说: 内含 *Wolbachia* 的卵, 其第一次减数分裂的后期是不正常的, 导致未受精的卵具有双倍体核, 但至今尚未发现非孤雌生殖的世系由于 *Wolbachia* 的作用而转换成孤雌生殖的例子。稻水象甲由两性生殖向孤雌生殖的转变可能涉及到很多基因的变化, 目前对于稻水象甲孤雌生殖的形成原因和机制仍然没有被解析。

关键词: 稻水象甲, 孤雌生殖

褐飞虱 *Ubx* 调控中后胸附肢形态的功能研究

傅圣杰 张金利 徐海君*

(浙江大学昆虫科学研究所, 浙江杭州 310058)

【目的】探究 *Ultrabithorax* (*Ubx*) 对褐飞虱中后胸附肢形态的调控作用**【方法】**利用 RACE 方法获得了褐飞虱 *Ubx* 基因的两个转录剪接本。利用 RNA 干扰沉默褐飞虱五龄若虫的 *Ubx* 基因, 观察翅与后足的形态变化以及跳跃能力检测。**【结果】**沉默短翅褐飞虱的五龄若虫的 *Ubx* 基因, 显著增加了成虫前翅的翅面积, 并促使第三胸节的翅芽发育成膜质的翅状物, 沉默胰岛素信号途径的 *Akt* 基因可逆转上述表型。此外, 发现沉默 *Ubx* 基因抑制了位于后足胫节和基附节的刺的生长, 但增加了后足胫节的距上的刚毛的数量, 同时本处理的褐飞虱丧失了跳跃能力。**【结论】***Ubx* 调控了飞虱科的形态特征的分化。

关键词: 褐飞虱, *Ultrabithorax* (*Ubx*), 附肢形态, RNAi

*通讯作者, E-mail: haijunxu@zju.edu.cn

早老素基因导致家蚕化蛹异常及其分子机制研究

钱萧然 徐 尊 宋红生

(上海大学生命科学学院, 上海 200444)

早老素 (Presenilin, PS) 的研究起源于在阿尔茨海默病 (Alzheimer's disease, AD) 中的重要作用, 它不仅参与 AD 相关的淀粉样前体蛋白 (amyloid precursor protein, APP) 的剪切形成 β 淀粉样蛋白 (amyloid β protein, A β), 而且在 Notch、Wnt 等信号通路中发挥作用, 包括 AD 病、学习记忆、细胞凋亡等生理病理过程。家蚕作为重要的模式昆虫, 我们前期已克隆了家蚕早老素 (BmPS) 基因, 并检测了 BmPS 在组织中的动态分布。为了进一步解析 BmPS 基因的功能, 本研究利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术, 敲除或下调 BmPS 基因, 调查 BmPS 对家蚕生长发育的影响, 检测 BmPS 相关基因的表达, 以期阐明 BmPS 调控家蚕的生长发育及其分子机制。根据家蚕数据库 KAIKObase 中显示的 BmPS 基因结构, 在 BmPS 基因的开放阅读框中, 筛选出位于 2 号外显子和 4 号外显子上的两个 23 bp 的 sgRNA 靶点, 构建了 P^{Bac}-IE1-dsRed-U6-BmPS-sgRNA 质粒, 将质粒注射 Nistari 家蚕卵, 孵化后筛选到红色荧光的含 sgRNA 的转基因蚕, 与带有红色荧光的表达 Cas9 转基因家蚕杂交, 后代筛选出既有红色荧光又有绿色荧光的为双阳性转基因家蚕。利用 PCR 技术和 Western blot 方法, 分别在基因和蛋白水平检测了家蚕 BmPS 基因的表达量, 结果显示双阳性突变型转基因家蚕 BmPS 基因被敲除, BmPS 蛋白表达量明显下调, 表明我们已成功获得 BmPS 基因敲除的转基因家蚕。将 BmPS 基因敲除转基因家蚕与野生型家蚕同时饲养观察, 从胚胎到化蛹前, 转基因蚕和野生型蚕在生长发育、体重、生命力以及外部形态等方面都没有表现出差异。但 5 龄吐丝终了化蛹后开始表现出明显发育缺陷表型, 如家蚕化蛹蜕皮困难, 形态表现为“束腰型”, 后期不能正常羽化。成虫的复眼呈现不规则排列, 触角由正常的“梳子状”变为“珊瑚盘状”, 5 龄幼虫的翅原基变小, 出现明显缢缩。这些结果表明家蚕早老素下调会导致家蚕蛹期生长发育和组织形态的异常。同时, 利用 qRT-PCR 的方法, 检测了翅原基发育相关基因和周期蛋白家族基因的表达, 结果表明突变型家蚕的翅原基发育相关基因的表达量出现明显变化, 且周期蛋白家族基因显著上调。这为进一步研究家蚕早老素的分子机制奠定基础。

关键词: 家蚕, 早老素, 变态, 细胞凋亡

保幼激素降解酶基因在大猿叶虫滞育准备中的功能研究*

郭 霜 孙 丹 田 忠 刘 文** 朱 芬 王小平

(华中农业大学植物科学技术学院, 湖北武汉 430070)

保幼激素(juvenile hormone, JH)对昆虫生殖和滞育具有重要的调控作用。普遍认为 JH 缺乏是成虫进入生殖滞育的关键因素。昆虫体内的 JH 含量受到 JH 合成途径和降解途径共同调节。研究表明 JH 合成受阻是导致成虫体内 JH 缺乏进而引发生殖滞育的重要原因。然而 JH 降解途径介导的 JH 降解加剧是否是导致成虫体内 JH 缺乏,进而引起生殖滞育的机制尚不明确。保幼激素酯酶(juvenile hormone esterase, JHE)、保幼激素环氧水解酶(juvenile hormone epoxide hydrolase, JHEH)和保幼激素二醇激酶(juvenile hormone diol kinase, JHDK)是参与并完成降解 JH 途径的主要酶类。目前我们在大猿叶虫 *Colaphellus bowringi* 中已经鉴定到了 3 个 *JHE*, 2 个 *JHEH* 以及 1 个 *JHDK*, 前期研究表明 *JHEs* 并不是导致大猿叶虫滞育成虫中 JH 信号缺乏的主要因素,因此本研究开展了 *JHEHs* 和 *JHDK* 在大猿叶虫滞育准备中的功能研究。结果表明 *JHEHs* 和 *JHDK* 在滞育成虫中具有更高的表达水平,暗示了在 JH 信号缺乏的滞育成虫中, *JHEHs* 和 *JHDK* 介导 JH 降解途径可能发挥着重要的作用;进一步在滞育成虫中干扰 *JHEHs* 或 *JHDK* 后, JH 响应基因 *Kr-h1* 表达水平显著上调;脂质积累及抗逆基因表达降低;将 3 个基因混合干扰后也出现类似的表型。同时,干扰 *JHEHs* 后 *Vg* 表达水平上调,但均不能诱导滞育成虫的卵巢发育。另外,成虫期转换光周期实验表明 *JHEH2* 在滞育成虫中的高表达是由幼虫阶段的诱导信号所决定的,与成虫期的光周期无关。进一步研究发现 JH-Met-Kr-h1 信号途径的缺乏诱导了滞育成虫中 *JHEH2* 的高表达。综上所述,在大猿叶虫中, *JHEHs* 和 *JHDK* 介导的 JH 降解途径可以促进生殖滞育准备,但不决定滞育发生,结果为揭示昆虫生殖滞育发生的分子调控机制提供了理论依据。

关键词: 大猿叶虫, 生殖滞育, 保幼激素, *JHEH*, *JHDK*

*基金项目: 国家自然科学基金基金项目(31872292, 31572009, 31501897); 华中农业大学自主科技创新基金基金项目(2662017PY027)

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

沈阳地区迁飞性害虫及天敌的监测与种群动态分析*

张世攀 王雅琪 江珊珊 王自国 杨雪清**

(沈阳农业大学植物保护学院, 辽宁省经济与应用昆虫重点实验室, 辽宁沈阳 110866)

【目的】迁飞性害虫具有突发性、爆发性和毁灭性等特点, 威胁着我国粮食生产安全。近年来, 黏虫、二点委夜蛾、小地老虎等害虫在我国呈现出间歇性大发生的态势。监测这些重大迁飞性农业害虫在辽宁沈阳的种群动态及天敌的伴随关系, 为及时开展有效的防控措施, 保障东北粮仓粮食生产具有重要的现实指导意义。**【方法】**本研究利用高空探照灯诱捕了2017—2018年4月末至10月下旬沈阳地区的迁飞性昆虫, 并对其种群动态进行了分析。**【结果】**结果表明, 高空探照灯捕获了鳞翅目、鞘翅目、双翅目、直翅目、半翅目等5目35种害虫, 以及鞘翅目、脉翅目、膜翅目等3目5种天敌。在捕获的害虫种类中, 鳞翅目占73.58%, 其次为脉翅目, 占11.69%。在鳞翅目害虫中, 占比最高的为夜蛾科昆虫, 最低的为刺蛾科。夜蛾科中, 除具有远距离扩散能力的玉米螟(占7.21%)外, 迁飞害虫棉铃虫和黏虫分别占2.59%和1.82%, 八字地老虎占1.41%; 这四种害虫2017—2018年累计诱捕量存在显著差异, 2017年分别为993、1761、1138和928头, 2018年分别为822、444、410和273头。玉米螟、棉铃虫、粘虫和八字地老虎成虫分别首见于4月下旬、5月上旬、5月中旬和5月中旬, 最后一次迁出时间为9月下旬、10月中旬、10月中旬和10月下旬; 成虫发生高峰期分别为6月中旬和9月上旬、6月中旬和8月下旬、6月中旬、6月上旬。捕获的天敌昆虫中, 草蛉(大草蛉、叶色草蛉、中华草蛉)最多(占76.01%)姬蜂次之(占17.57%), 异色瓢虫最少(占6.41%)。**【结论】**监测结果显示, 天敌昆虫的发生滞后于害虫, 表明二者间存在明显的伴随关系。此外, 监测过程中还发现农业害虫与天敌的发生时期和种群动态在年际间不完全一致, 且与降雨、气温、风力等密切相关。本研究初步明确了沈阳地区迁飞性害虫主要种类、发生动态及天敌昆虫的伴随关系, 为今后应急防控和利用天敌昆虫资源进行害虫防治提供了科学参考。

关键词: 迁飞昆虫, 监测预警, 种群动态, 害虫-天敌伴随关系

*基金项目: 中国博士后科学基金面上项目(2017M621160); 中国科协“青年人才托举工程”(YESS20160085)

**通讯作者, E-mail: sling233@hotmail.com

诱虫植物香根草对甘蔗螟虫影响的初步研究*

罗志明** 尹 炯 李 俊

(云南省农业科学院甘蔗研究所, 云南开远 661699)

【目的】螟虫是甘蔗重要害虫, 以幼虫危害甘蔗, 导致甘蔗减产减糖。化学防治是螟虫防治最主要的手段, 但大量使用化学农药, 不但增加了种植成本, 同时还导致农药残留、害虫抗药性和害虫的再猖獗。香根草 (*Vetiveria zizanioides*) 属多年生草本植物, 可有效诱集玉米、水稻等螟虫并达到防治其为害的效果, 但关于其对甘蔗螟虫诱集效果及应用的研究未见报道。明确香根草对甘蔗螟虫的影响及应用效果, 对香根草在蔗区的推广应用具有重要意义。**【方法】**选择螟虫发生较重的蔗地, 采用田间试验方法, 以 5 m 一段为调查单元, 系统调查了距香根草不同距离的蔗苗螟害情况。通过 EXCEL 表和 DPS 软件进行数据整理与分析, 明确香根草对不同距离螟虫分布的影响和对螟虫的防治效果。**【结果】**距香根草不同距离的螟害枯心苗分布存在差异, 其中, 距香根草 0-5 m 内的枯心苗数占总枯心苗数的 5.74%, 分布最低, 距香根草 35~40 m 枯心苗数最多, 占总数的 23.45%。其余各段分布较为均匀, 枯心苗占 9%~12% 之间; 从不同距离蔗地螟虫的防效来分析, 距香根草 0~5 m 防效达 91.37%, 距香根草 5~35 m 防效均达 80%~90% 之间, 而距香根草 35~40 m 防效仅为 64.75%。结果通过新复极差分析, 距香根草 0~35 m 之间效果无差异, 与距香根草 35~40 m 间达显著差异。**【结论】**香根草对甘蔗螟虫有很好的诱杀效果, 0~35 m 内诱杀效果达 80% 以上, 可种植于蔗地埂边诱杀螟虫, 其有效诱杀距离在 35 m 内。本研究蔗地螟虫以大螟 *Sesamia inferens* Walker 为主, 含少量的二点螟 *Chilo infuscatellus* Snellen, 但甘蔗螟虫种类繁多, 除大螟、二点螟外, 还有条螟 *Proceras venosatus* (Walker)、黄螟 *Argyroplote schistaceana* Snellen、白螟 *Tryporyza intacta* Snellen 和台湾稻螟 *Chilo tritella* Dudgeon 等, 至于香根草对其它螟虫诱集的情况还需进一步研究。

关键词: 香根草, 甘蔗螟虫, 地间分布, 防治效果

*基金项目: 国家重点研发计划项目“特色经济作物化肥农药减施技术集成研究与示范”(2018YFD0201100); 云南省技术创新人才培养对象项目(2017HB085)

** E-mail: kylzm@163.com

柑橘大实蝇粘性诱杀球三种常用颜色诱杀效果的比较研究*

刘 慧^{1**} 龚碧涯^{1**} 欧阳革成² 向 敏¹ 肖伏莲^{1***} 李先信¹

刘 斌³ 罗 琳⁴ 王兴辉⁴ 杨水芝¹

(1. 湖南省园艺研究所, 武汉长沙 410125; 2. 广东省生物资源应用研究所, 广东广州 510260;

3. 洪江市农业农村局, 湖南洪江 418200; 4. 邵阳市农业科学研究院, 湖南邵阳 422000)

【目的】 柑橘大实蝇 *Bactrocera minax* Enderlein 是我国温带地区柑橘类水果的毁灭性害虫。利用粘性诱杀球诱杀柑橘大实蝇成虫是其有效防控的重要手段之一。本文对大实蝇粘性诱杀球 3 种常用颜色的诱杀效果进行了比较, 主要为了明确柑橘大实蝇粘性诱杀球适宜的颜色及阐明每种颜色诱杀球的引诱规律。**【方法】** 连续两年分别在柑橘大实蝇疫区不同的柑橘园开展诱杀试验, 粘性诱杀球 3 种常用颜色分别为绿色 (虚拟波长 510 nm)、黄色 (虚拟波长 580 nm) 和黄-绿色 (虚拟波长 540 nm, 球上半部绿色、下半部黄色), 从大实蝇羽化初期开始, 试验持续 40 d。**【结果】** 2017 年在湖南洪江柑橘园总共诱杀柑橘大实蝇成虫 4840 头, 其中黄 - 绿色诱杀球诱杀 2012 头, 绿色诱杀球诱杀 1 590 头, 黄色诱杀球诱杀 1238 头; 黄 - 绿色诱杀球诱杀的雌虫和雄虫分别占各自总数的 42.37%±1.93%和 41.87%±3.42%。2018 年在湖南邵阳柑橘园总共诱杀柑橘大实蝇成虫 2 448 头, 其中黄-绿色诱杀球诱杀 1143 头, 绿色诱杀球诱杀 697 头, 黄色诱杀球诱杀 608 头; 黄-绿色诱杀球诱杀的雌虫和雄虫分别占各自总数的 45.64±3.76%和 49.26±5.53%。两年的田间试验结果一致, 黄 - 绿色粘性诱杀球对柑橘大实蝇成虫的诱杀效果最好; 其次是绿色诱杀球, 且绿色诱杀球诱杀的成虫中雌虫比例相对较高; 黄色诱杀球仅在羽化初期诱杀成虫相对较多, 随着成虫日龄的增加其诱杀成虫数量一直最少。总体来说, 雌虫和雄虫对每种颜色诱杀球的趋性相似。**【结论】** 黄-绿色是柑橘大实蝇粘性诱杀球最适宜的颜色; 不同颜色诱杀球引诱规律的分析为昆虫视觉系统的研究提供了参考。

关键词: 柑橘大实蝇, 柑橘园, 诱杀, 诱杀球, 黄-绿色

*基金项目: 中央引导地方科技发展专项资金项目 (2017CT5011); 湖南省科技厅重点研发计划项目 (2018NK2012); 湖南省农业科技创新资金项目 (2018ZD09)

**第一作者, E-mail: liuhui206218@163.com, gongbiya@126.com

***通讯作者, E-mail: xfl6016@163.com

温室环境变化对蜜蜂群势、抗氧化酶系和解毒酶系的影响*

马卫华¹ 李新宇² 申晋山¹ 李立新¹ 姜玉锁² 李 捷^{1**}

(1. 山西农业科学院园艺研究所, 山西太原 030031; 2. 山西农业大学动物科技学院, 山西太谷 030801)

【目的】为探究蜜蜂在设施环境下的适应能力以及其响应,为设施内授粉蜜蜂的健康饲养管理提供基础数据。**【方法】**以温室草莓授粉蜂群为研究对象,我们采用称重法和照相法进行了 1、15、30、60 d 不同授粉时长的蜂群群势变化监测,同时采用分光光度法对蜜蜂体内抗氧化酶系和解毒酶系的活性检测。**【结果】**结果表明,随着授粉时间的延长,蜂群群势依次为 4 脾、2.625 脾、2.375 脾和 0.6 脾,群势显著下降 ($P<0.05$)。抗氧化酶系中,15、30、60 d 的 SOD 酶活性都显著高于 1 d ($P<0.05$)。解毒酶系中,除 AChE 外,其他四种酶活性随着时间的延长活性增强。其中 30、60 d 的 GST 酶活性显著高于 1 d ($P<0.05$)。**【结论】**这表明,温室环境明显影响授粉蜂群的生存和繁殖,会引起蜜蜂适应环境的体内应激反应。

关键词: 温室, 蜜蜂, 群势, 氧化应激, 解毒酶

*基金项目: 现代农业产业技术(蜜蜂)体系建设(CARS-44-KXJ23); 山西省农业科学院博士基金(YBSJJ1713); 山西省农科院农业科技创新研究课题(YCX2018203)

**通讯作者, E-mail: lijie303@yeah.net

河南漯河地区小麦播种期地下害虫的种类及其优势种*

陈琦¹ 蒋月丽² 范志业¹ 沈海龙¹ 刘迪¹

侯艳红¹ 陈莉¹ 李雷雷¹ 师兴凯¹ 李世民^{1**}

(1. 漯河市农业科学院, 国家农业科学植物保护鄆城观测实验站, 河南漯河 462300;

2. 河南省农业科学院植物保护研究所, 河南郑州 450002)

【目的】明确现有耕作制度下, 河南漯河地区小麦播种期地下害虫的种类及其优势种, 以期开展针对性地防治工作。**【方法】**2006—2018 年在秋作物收获后、小麦播种前, 采用“Z”字形 5 点取样法, 挖土调查不同茬口土壤中地下害虫发生情况。**【结果】**结果表明, 河南漯河地区小麦播种期地下害虫的主要种类为蛴螬、金针虫和蝼蛄, 总体来看, 其年度间发生差异较大; 发生种类上, 蛴螬和金针虫占当年全部地下害虫种类的 93.48%~100%。金针虫的种类包括沟金针虫 *Pleonomus canaliculatus* Faldermann、细胸金针虫 *Agriotes fuscicollis* Miwa 和褐纹金针虫 *Melanotus caudex* Lewis 3 种, 其中沟金针虫种群数量占到当年寄主作物田土壤中金针虫总量的 65.22%~100%, 尤其是 2011 年以前, 沟金针虫数量百分比达 90%以上。沟金针虫在各年份的密度均为最大 (0.47~2.91 头/m²), 其中 2014 年密度最高, 为 2.91 头/m², 其次是 2015 年 (2.16 头/m²)。蛴螬的种类包括铜绿丽金龟 *Anomala corpulenta* Motschulsky、暗黑鳃金龟 *Holotrichia parallela* Motschulsky、阔胫玛绢金龟 *Maladera verticallis* (Fairmaire)、华北大黑鳃金龟 *Holotrichia oblita* (Faldermann)、白星花金龟 *Liocola brevitaris* (Lewis) 和四纹丽金龟 *Popillia quadriguttata* Fab. 等 10 余种, 其中铜绿丽金龟和暗黑鳃金龟两者合计数量占到当年蛴螬总数的 74.07%~100%。蛴螬密度, 铜绿丽金龟由 2006 年的 2.06 头/m² 下降到 2018 年的 1.01 头/m², 暗黑鳃金龟由 2006 年的 0.06 头/m² 上升到 2018 年的 1.86 头/m²; 数量百分比, 铜绿丽金龟幼虫数从 2006 年占全部蛴螬数量的 94.12% 下降到 2018 年的 38.37%, 暗黑鳃金龟幼虫数从 2006 年占全部蛴螬数量的 2.61% 增加到 2018 年的 60.46%。**【结论】**蛴螬和金针虫是河南漯河地区小麦播种期地下害虫的优势种类; 金针虫的优势种为沟金针虫; 铜绿丽金龟和暗黑鳃金龟作为漯河地区蛴螬的主要种类, 在 13 年间其优势种由铜绿丽金龟转变为暗黑鳃金龟。

关键词: 蛴螬, 金针虫, 小麦播种期, 优势种, 漯河地区

*基金项目: 国家小麦产业技术体系地下虫害防控 (CARS-03); 河南省现代农业产业技术体系漯河综合试验站 (Z2010-01-06)

**通讯作者, E-mail: ldachong66@sina.com

世界性茄科类重大害虫马铃薯块茎蛾发生为害特征

张梦迪 高玉林*

(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)

马铃薯块茎蛾又称烟草潜叶蛾 *Phthorimaea operculella* Zeller (Lepidoptera: Gelechiidae), 属鳞翅目麦蛾科, 是马铃薯、烟草等茄科类作物重大的世界性害虫。在马铃薯生长期和贮藏期, 马铃薯块茎蛾均可产生为害。马铃薯块茎蛾在生育期期间, 幼虫可蛀食叶片、茎秆、叶柄, 并可在马铃薯块茎上蛀食隧道, 其蛀食的块茎被认为是典型的损害特征。马铃薯收获后, 马铃薯块茎蛾可以继续留在田中的马铃薯块茎或者自播植物上生长, 包括其他茄科作物, 例如烟草、西红柿等作物。田间为害, 可使马铃薯减产 20%~30%; 在长达 4 个月马铃薯储藏期中, 若无冷藏, 为害率可达 100%, 造成严重的经济损失。随着马铃薯种植面积的增加和种薯的频繁调运, 马铃薯块茎蛾危害有逐年加重的趋势, 现已分布在亚洲、欧洲、北美洲、非洲等 100 多个国家, 已成为世界性重大农业害虫。关于马铃薯块茎蛾的防控措施, 目前主要还是集中在化学农药的施用, 但由于幼虫整个为害阶段几乎全部潜伏在叶肉或薯块内, 化学防治收效甚微。近年来, 生物防治、物理防治、寄主植物的抗性筛选以及与其他作物混种的种植结构相结合的综合防控技术研究取得较好进展, 特别是专门针对马铃薯块茎蛾成虫的性诱剂为主的绿色防控技术产品很快就能进入田间应用, 为马铃薯块茎蛾的综合防控提供了技术保障。

关键词: 马铃薯块茎蛾, 茄科害虫, 为害特征, 综合防治

*通讯作者, E-mail: gaoyulin@caas.cn

桔小实蝇趋光特性初步研究*

徐瑞瑞¹ 刘 召² 雷仲仁^{1**}

(1. 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;

2. 西南大学植物保护学院, 重庆 400715)

【目的】桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* Hendel 属双翅目、实蝇科, 是一种世界性检疫害虫, 寄主范围广, 可为害 250 余种果蔬, 对我国果蔬生产构成严重威胁。因其为害的寄主大多是与人类健康紧密联系的果蔬, 因此需寻求比现有防治方法更加安全有效的防治方法对其进行绿色防控。**【方法】**本研究利用昆虫趋光性, 在室内使用分辨率高、光谱测量范围广的单色仪以及自制的昆虫趋光行为反应盒测定桔小实蝇雌、雄成虫对 8 种单色光的趋光行为, 以此筛选出桔小实蝇趋性较强的单色光。**【结果】**不同单色光刺激桔小实蝇的行为反应结果表明, 桔小实蝇雌虫趋光行为反应曲线为双峰型, 对 400 nm 紫色光和 550 nm 蓝色光最为敏感, 趋性较强, 趋光率分别为 56.51 %和 51.25 % ; 雄虫趋光行为反应曲线主峰为 500 nm 的蓝色光, 趋光率为 61.43 %, 显著高于 600 nm 的红色光; 除 350 nm 单色光以外在其他 7 种单色光刺激下, 桔小实蝇雄虫的趋光性均强于雌虫。**【结论】**在 350~625 nm 单色光的刺激下, 桔小实蝇雌、雄成虫均能产生一定的趋光行为反应, 且有优势敏感波长, 为发展桔小实蝇物理防控技术提供科学依据。

关键词: 桔小实蝇, 趋光行为, 绿色防控, 波长

*基金项目: 国家重点研发计划 (2017YFD0200900); 国家现代农业产业技术体系专项资金 (CARS-23-D-08)

**通讯作者, E-mail: leizhr@sina.com

美洲斑潜蝇和三叶斑潜蝇越冬与耐寒性研究*

张起恺 邢振龙 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】气候因子与外来入侵者的扩散速率以及潜在入侵区域等有非常密切的关系, 其中温度是气候因子中影响生物入侵与分布的最重要的因素。本文旨在通过对两种外来入侵物种美洲斑潜蝇 *Liriomyza sativae* Blanchard 和三叶斑潜蝇 *Liriomyza trifolii* Blanchard 越冬能力和耐寒性的研究, 明确两种斑潜蝇在我国的空间分布差异是否与温度因子相关。**【方法】**冬季在全国不同纬度地区埋蛹, 翌年春季回收; 利用热电偶方法测定两种斑潜蝇蛹不同日龄的过冷却点; 将两种斑潜蝇暴露于不同温度下测定其耐寒能力。**【结果】**冬季全国埋蛹试验结果显示三叶斑潜蝇蛹能够越冬成功的纬度跨度比美洲斑潜蝇的大; 三叶斑潜蝇蛹不同日龄的过冷却点均显著低于美洲斑潜蝇 ($P<0.01$); 4℃环境中三叶斑潜蝇蛹存活率随暴露时间增加呈现先增后减的趋势, 而美洲斑潜蝇蛹存活率则逐步降低。-10℃环境中两种斑潜蝇蛹存活率随暴露时间增加而逐渐降低, 三叶斑潜蝇蛹在暴露第三天两种斑潜蝇蛹均全部死亡, 而美洲斑潜蝇蛹在第二天就已经全部死亡。-20℃环境中三叶斑潜蝇蛹部分可以存活 20 min, 而美洲斑潜蝇蛹只能存活 10 min; -40℃环境中三叶斑潜蝇蛹少数可以存活 10 min, 美洲斑潜蝇蛹暴露 10 min 后则无存活者。**【结论】**三叶斑潜蝇的越冬能力以及对低温的耐受能力均比美洲斑潜蝇强。这表明, 北方地区也是三叶斑潜蝇的适生区, 我们需要采取一些措施, 预防和减缓三叶斑潜蝇向北方地区扩散的速度。

关键词: 美洲斑潜蝇, 三叶斑潜蝇, 越冬, 过冷却点, 耐寒性

*基金项目: 国家重点研发计划 (2017YFD0200900); 国家现代农业产业技术体系专项资金 (CARS-23-D-08)

**通讯作者, E-mail: leizhr@sina.com

青斑蝶翅热量获取、存储与传递能力鉴定*

廖怀建^{1**} 刘川静² 孙洪武^{3**} 杜 婷⁴

(1. 江苏省农业科学院休闲农业研究所, 江苏南京 210014; 2. 江苏省农业科学院农产品质量安全与营养研究所, 江苏南京 210014; 3. 江苏省农业科学院, 江苏南京 210014; 4. 中国林业科学研究院资源昆虫研究所, 云南昆明 650224)

蝴蝶翅可以直接从太阳光中获取热量用于自主飞行, 青斑蝶翅面深色区域为热量获取区域。但是, 翅面深色区域具体哪些部分用于热量获取, 哪些部分用于热量暂时存储, 热量又是如何传递至翅基部飞行肌的? 这些问题答案, 目前还不清楚。因此, 探明蝴蝶翅热量获取与存储区域, 以及热量传递路径, 为深入研究昆虫太阳热量利用对策与机理提供依据。测定 5000 lx 光强下, 去除翅与为去除翅青斑蝶雌雄成虫胸部实时温度, 明确翅为蝴蝶热量获取器官; 实时测定只有一片前翅或者后翅青斑蝶胸部、翅面和空气温度, 明确前后翅热量获取能力差异和热量存储区域; 测定前后翅热量存储区域去除后, 青斑蝶胸部和空气实时温度, 明确翅热量存储区域与功能; 测定前后翅的翅脉去除后, 青斑蝶胸部和空气实时温度, 明确翅脉热量传递能力。结果发现, 翅被去除后, 青斑蝶胸部温度与空气温度变化趋势几乎一致, 但显著低于未去除翅的蝴蝶, 说明翅为蝴蝶热量获取器官。热量获取时, 青斑蝶胸部温度升高幅度先低于空气和翅面温度, 后超过空气温度, 最后与翅面温度持平, 达到平衡温度; 翅面温度升高幅度始终高于空气温度; 表明, 翅面从光源中吸收的热量, 在翅面积累一定量后再传递至虫体。前翅热量获取能力稍强于后翅, 但未达到显著水平; 翅面温度实时变化显示, 前翅中后部深色区域和后翅后端深色区域可以暂时存储获取的热量; 去除热存储区域后, 青斑蝶虫体达到平衡温度的时间缩短, 但关掉光源后, 相较于未去除热量存储区域的青斑蝶, 其虫体温度以更快的速度和更短的时间降低到与空气温度相同, 而未去除热量存储区域的青斑蝶则会维持平衡温度一段时间, 然后迅速下降; 这说明, 翅面存在热量暂时存储的功能, 在失去光源后, 依然可以维持将热量传递至虫体; 去除翅脉后, 青斑蝶胸部温度始终与空气温度保持一致, 表明翅脉是青斑蝶翅传递热量的主要路径。

关键词: 青斑蝶, 翅, 热量获取, 热量存储, 热量传递

*基金项目: 国家自然科学基金 (31702072); 2019 年度江苏省农业科学院基本科研业务专项资金项目-重点人才配套经费 (ZX (19) 3002)

**通讯作者, E-mail: huaixiyu_08@126.com; sunhw0617@sina.com

CO₂浓度升高和增施氮肥对植物次生代谢产物和咀嚼式昆虫适合性的影响

徐华苹¹ 解海翠^{1*} 吴圣勇²

(1. 河北科技师范学院农学与生物技术学院, 河北秦皇岛 066004; 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)

高二氧化碳和施氮显著改变了植物的营养质量, 继而影响了昆虫的生长发育。然而, 对于高二氧化碳和施氮共同作用对植物代谢和植物-昆虫互作的影响, 尤其是 C₄ 植物, 却知之甚少。因此, 本文研究了高二氧化碳和施氮对玉米-亚洲玉米螟 *Ostrinia furnacalis* 互作的影响。本实验结果显示, 高二氧化碳和施氮增加了玉米淀粉含量, 而施氮增加了玉米组织中的氮含量。高二氧化碳和施氮的综合效应对玉米组织中非结构性碳水化合物 (TNC): N 没有影响。施氮和亚洲玉米螟的取食均增加了玉米组织中茉莉酸含量。在高二氧化碳条件下, 玉米组织中总酚类含量和防御酶活性增强, 施氮促进亚洲玉米螟的取食。亚洲玉米螟取食高二氧化碳和施氮条件下的玉米组织后, 其体内保护酶活性增加, 而消化酶活性, 平均相对生长速率、体重和摄入食物的转化效率降低。因此, 高二氧化碳和增施氮肥增加了玉米淀粉和氮的积累, 并没有影响 TNC: N 的比例, 然而, 高二氧化碳和施氮增加了玉米抗虫次级代谢产物, 继而降低了亚洲玉米螟对寄主的适应性。本结果有助于我们深入解析未来气候变化背景下, 高二氧化碳和施氮对植物代谢和植物-昆虫互作的影响。

关键词: 气候变化, CO₂ 浓度升高, 氮肥施用, 植物-昆虫相互作用, 代谢产物

*通讯作者

不同寄主植物饲喂下草地贪夜蛾的种群特征

吴正伟¹ 师沛琼¹ 郭良珍¹ 黄炜锋¹ 曾永辉¹ 黄勤知² 马新华³

(1. 广东海洋大学农学院, 广东湛江 524088; 2. 湛江市植物保护总站, 广东湛江 524047;

3. 湛江海关技术中心, 广东湛江 524022)

【目的】对入侵我国的草地贪夜蛾, 目前均认为主要是玉米型, 采自玉米寄主的草地贪夜蛾是否能在甘蔗、水稻上完成其生活史, 比较甘蔗、水稻、玉米 3 种寄主植物对草地贪夜蛾种群特征的影响, 这对评估该虫对我国甘蔗、水稻是否构成威胁具有重要意义。**【方法】**以采自玉米的草地贪夜蛾自然种群进行 3 种不同寄主植物的饲喂, 构建两性生命表, 比较不同寄主植物对其种群发育与繁殖的影响。**【结果】**草地贪夜蛾取食甘蔗、水稻、玉米后, 平均世代周期依次为 31.46、33.92、29.53d, 种群内禀增长率依次为 0.19、0.14、0.16, 周限增长率为 1.21、1.16、1.17, 净增殖率为 367.01、135.44、101.25。取食甘蔗、水稻的草地贪夜蛾低龄幼虫存活率明显低于取食玉米的幼虫。3 种寄主植物饲喂后其产卵量无显著差异。**【结论】**采自玉米寄主的草地贪夜蛾在甘蔗、水稻上能够正常完成生活史, 种群可以顺利繁衍, 但在水稻上适合度低于甘蔗和玉米。

关键词: 草地贪夜蛾, 生命表, 甘蔗, 水稻, 玉米

温度和土壤含水量对眼斑芫菁生长发育的影响

刘 旭¹ 罗孝贵² 杨 刚³ 刘昌华¹ 陈 松¹ 陈庆东¹

(1. 四川省农业科学院植物保护研究所, 四川成都 610011; 2. 四川省甘孜州农业科学研究所, 四川甘孜 626700; 3. 四川省甘孜州农业农村局植保站, 四川甘孜 626700)

芫菁是一类重要的药用昆虫, 眼斑芫菁又名黄黑小斑蝥, 就我国药典中收录的一种重要的动物药。但是斑蝥的规模化人工饲养技术尚不成熟, 成为限制斑蝥素类药物开发与利用的瓶颈之一, 因此, 我们多年来一直致力于眼斑芫规模化饲养技术的研究。本文试图探究温度和土壤含水量两个基本条件对眼斑芫菁生长发育的影响, 设计了五组温度和五组土壤含水量连续饲养眼斑芫菁 6 代, 均未发现滞育越冬虫态, 每年可在室内繁殖 3 个完全世代。不同温度条理条件下, 30℃下孵化率显著高于其他处理, 达到 90.01%; 32℃下幼虫和蛹的发育历期最短 (14 和 35 d), 且羽化率最高 (76%), 但与 30℃下无显著差异。不同土壤含水量条件下, 12%的土壤含水量条件下各发育指标显著高于其他处理, 卵的发育历期最短 (32 d), 且孵化率最高 (90.11%), 幼虫和蛹的发育历期最短 (14 和 35d), 且羽化率最高 (76%)。综上所述, 在实验室内 30℃的温度条件和 12%的土壤含水量是眼斑芫菁卵、幼虫及蛹的发育最有利环境, 结果对眼斑芫菁的规模化饲养繁殖提供了技术指导, 也为芫菁的生物学研究及今后斑蝥资源的开发利用奠定了理论基础。

关键词: 眼斑芫菁, 温度, 土壤含水量, 最佳温湿度

坡面方胸小蠹形态特征及其发生为害调查

王章训^{1,2} 孙荣华^{1,2} 朱 焱³ 吴时英³ 季国辉³ 高 磊^{1,2*}

(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. 上海市浦东新区林业站, 上海 201210)

【目的】为了解掌握上海外环林带中病虫害种类和其生物学特性, 为推广无公害防治提供基础研究资料。**【方法】**本文记述了一种为害上海杨树的象甲科小蠹亚科的昆虫, 经形态学和分子生物学鉴定其种类, 并通过现场调查确定该虫在上海林带中的危害情况。**【结果】**确定其为上海的一种新记录害虫——坡面方胸小蠹 *Euwallacea interjectus*。在上海浦东新区的 1564.74 亩林地中调查发生情况, 有坡面方胸小蠹为害的林地面积达 254.26 亩, 危害率达 16.22%。**【结论】**坡面方胸小蠹的危害程度重、为害面积广的特性将影响植株正常生长和园林绿化的健康发展, 需要引起足够的重视。

关键词: 坡面方胸小蠹, 外环林带, 分子生物学, 形态学

*通讯作者

早熟禾拟茎草螟寄主范围及幼虫取食嗜好性测定

王 凤 路广亮 高 磊

(上海市园林科学规划研究院, 上海 200232)

【目的】明确外来入侵害虫早熟禾拟茎草螟对上海地区农林生态安全的潜在风险性。**【方法】**选择上海地区常见农林植物 28 种进行寄主范围测定: 用各种植物叶片对该虫进行饲喂, 每天观察记录幼虫取食活动、存活、发育时间、成虫羽化及是否能完成世代等。根据寄主范围测定结果, 选择可供早熟禾拟茎草螟完成世代的寄主两两组合, 幼虫饥饿 3 h 后供试, 12 h 后记录不同寄主叶片中的幼虫量开展了其幼虫对不同寄主种类的取食嗜好性研究。**【结果】**从生活史完成情况来看, 在供试的 28 种植物中, 取食矮生百慕大、日本结缕草、黑麦草、高羊茅、小麦、玉米、甜高粱、狼尾草、香附子、马唐、狗尾草、牛筋草的幼虫能完成 1 个完整的发育世代, 而取食其他植物的均不能完成完整世代。其幼虫对不同寄主的取食嗜好性顺序为矮生百慕大>高羊茅>玉米>黑麦草>小麦>香附子>马唐=牛筋草>狗尾草>日本结缕草>甜高粱=狼尾草。

关键词: 早熟禾拟茎草螟, 寄主范围, 相对选择系数, 取食嗜好性, 潜在风险

茶黄蓟马在不同食物条件下的转移活动*

韩冬银¹ 袁小昆² 李 磊¹ 陈俊谕¹ 牛黎明¹ 王建赟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, 农业农村部热带作物有害生物综合治理重点实验室,

海南海口 571737; 2. 海南大学, 海南海口 570228)

【目的】蓟马是芒果生产过程中最主要的害虫之一, 为害芒果的蓟马近 40 种, 其中优势种包括茶黄蓟马 *Scirtothrips dorsalis*、花蓟马 *Frankliniella intonsa*、黄胸蓟马 *Thrips hawaiiensis*, 嫩梢期优势种为茶黄蓟马, 花期优势种包括花蓟马、黄胸蓟马和茶黄蓟马。蓟马种群的发生消长与芒果物候密切相关, 特别是花期呈爆发为害趋势。蓟马的种群发生消长过程有明显的转移为害行为。为明确芒果叶、花穗及小果等不同物候条件下, 蓟马的转移活动情况。**【方法】**本试验利用自制的圆桶型昆虫行为观察仪, 观察茶黄蓟马在芒果不同物候期食物条件下的转移活动。**【结果】**结果表明: 以花穗为食物, 分别以嫩叶、老叶及小果为味源, 蓟马活动不活跃, 转移到味源的虫量均显著低于剩余虫量, 最高转移率仅为 37%; 而同样以花穗为味源时, 转移率上升为 50%。在以小果为食物时, 茶黄蓟马显著偏向花穗, 转移率达 62%; 对老叶的趋向最差, 显著低于保留虫量, 转移率仅为 16%。当以嫩叶为食物, 蓟马向味源食物转移的虫量均显著少于保留在嫩叶上的虫量, 最高转移率为转向花穗 41%。当以老叶为食物, 加入其它物候期的气味源, 蓟马均显著的向味源转移, 转移程度大小为花>小果>嫩叶。**【结论】**茶黄蓟马对芒果不同物候期偏好程度不同, 即使在食物充足的情况下, 出现其偏好食物时会显著向偏好食物转移, 又以向花转移行为最为明显。

关键词: 蓟马, 芒果, 食物, 选择行为

*基金项目: 国家重点研发计划资助 (2017YFD0202100); 海南省重大科技计划项目

(ZDKJ2017003); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (1630042017020)

**通讯作者, E-mail: fygcata@163.com

芒果园生草对园内节肢动物群落结构和动态的影响*

李 磊¹ 晁 骏² 韩冬银¹ 牛黎明¹ 王建赟¹ 陈俊谕¹ 符悦冠**

(1. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 农业农村部热带作物有害生物综合治理重点实验室,
海南海口 571101; 2. 海南大学, 海南海口 570228)

【目的】探讨芒果园生草与清耕后节肢动物结构和动态的差异, 为后期芒果园害虫生态调控提供理论和技术参数。**【方法】**以芒果园套种平托花生 *Arachis pintoi* 和大叶油草 *Axonopus compressus* 为处理, 清耕区为对照, 通过目测法和吸虫机法测定处理和对照芒果园园内树上和树下部分节肢动物群落的结构特征。**【结果】**芒果园生草后害虫、天敌以及中性节肢动物比例和数量发生变化, 其中清耕区的害虫数量最多, 而在生草区中性节肢动物数量最多, 害虫数量显著下降; 研究也发现芒果园生草后天敌的比例和数量以及天敌多样性指数较清耕区明显增加, 其中平托花生处理区的天敌多样性指数最高, 达 2.3605; 芒果园总节肢动物群落动态较复杂, 发生高峰期主要集中在 8、11、1 和 3 月; 通过比较大叶油草处理区、平托花生处理区与清耕区不同时期害虫、天敌以及中性节肢动物发生的数量, 发现清耕区害虫发生的高峰最多, 且相同高峰清耕区害虫发生数量多于大叶油草和平托花生处理区的; 研究也发现大叶油草和平托花生处理区天敌与中性节肢动物的发生高峰明显比清耕区的多, 且同一时期大叶油草和平托花生处理区天敌和中性节肢动物的数量显著高于清耕区。**【结论】**芒果园配植平托花生和大叶油草后抑制了害虫的种群数量, 增加了天敌种类和数量, 对调控芒果园节肢动物群落结构具有一定的作用。

关键词: 节肢动物, 群落结构, 芒果园

*基金项目: 国家重点研发计划资助 (2017YFD0202104)

**通讯作者, E-mail: fygcata@163.com

蝴蝶智能识别系统研究

刘雪莲 石 雷

(中国林业科学研究院资源昆虫研究所, 云南昆明 650224)

昆虫是地球上物种最丰富、类群最多的一个生物群体, 蝴蝶作为鳞翅目中重要的亚目, 与人类的生产、生活息息相关。但是对蝴蝶种类的识别仅限于少数的昆虫分类学家, 而广大的民众、昆虫爱好者、农民和一般农业技术人员除了个别重要蝴蝶种类外, 其它绝大多数种类难以识别。因此常常出现益害不分、种类不清、类群不明、名称混淆、错误命名的现象, 这将严重影响了人们对珍稀和濒危物种的保护以及有害物种的防治。随着信息技术的发展, 将计算机技术引入蝴蝶种类的识别, 使得蝴蝶种类的识别简单、准确、易行, 不仅对于保护生物和农业生产具有重要意义, 而且对于蝴蝶分类知识的普及也具有十分重要的应用价值。目前, 蝴蝶识别研究中所用数据集蝴蝶种类偏少, 且只含有蝴蝶标本照片, 很少含有生态环境中蝴蝶照片。在实际应用中, 蝴蝶标本的采集和制作较为困难, 更多收集到的是蝴蝶生态照片。因此, 使用蝴蝶生态照片进行识别已经成为一种趋势。传统的图像识别技术采用人工选择特征, 使用模式匹配、线性分类等算法进行图像识别, 识别的准确率十分依赖于所选特征的质量, 很难提取到可以表达原始数据本质的特征, 深度学习方法用于图像识别, 相对于传统方法有很大优势, 卷积神经网络是深度学习应用于图像识别的关键网络, 通过构建卷积神经网络, 可以逐层提取图像的特征, 在图像识别领域取得了较好的效果。

关键词: 蝴蝶, 自动识别, 分类, 深度学习

基于机器视觉的斜纹夜蛾自动识别与计数

邱荣洲¹ 赵 健² 池美香¹ 翁启勇¹

(1. 福建省农业科学院植物保护研究所, 福建福州 350013;

2. 福建省农业科学院数字农业研究所, 福建福州 350003)

【目的】斜纹夜蛾 *Spodoptera litura* (Fabricius) 属鳞翅目夜蛾科, 是大豆、棉花、十字花科蔬菜等多种重要经济作物上的主要害虫之一, 其虫情监测是农业害虫防治的重要环节。针对斜纹夜蛾监测中存在的人工计数调查效率低、劳动强度大、主观性强等问题。的问题, 本研究设计了一种基于性诱的昆虫图像自动采集装置, 应用基于深度学习的目标检测技术, 提出一种斜纹夜蛾目标识别与计数方法, 并通过开发配套的害虫智能监测软件实现了斜纹夜蛾自动识别计数。**【方法】**应用诱芯与杀虫电网相结合进行害虫诱捕; 利用自主研发的边缘计算终端(植保智盒)定时采集并上传白色背景集虫板上诱捕到的昆虫图像; 应用 Faster R-CNN 深度学习目标检测模型进行斜纹夜蛾特征学习, 建立斜纹夜蛾识别与计数模型(Counting-XW), 实现斜纹夜蛾目标识别与计数。**【结果】**2018年12月在厦门、漳州安装两个监测点, 装置共自动采集有效图像970张, 对网络进行训练及参数优化, 试验结果表明, 该方法可有效地识别出背面朝上、腹面朝上、正面(头部朝上)、侧面朝上、无鳞片虫体、翅展(飞行中)虫体及破损虫体样本。**【结论】**基于机器视觉的斜纹夜蛾自动识别与计数方法对昆虫姿态变化、杂物干扰等有较好的鲁棒性, 可从各种昆虫姿态及破损虫体中自动统计集虫板上斜纹夜蛾的数量, 在害虫种群监测中具有广阔的应用前景。

关键词: 斜纹夜蛾, 机器视觉, 深度学习, 种群监测, 自动计数

光周期与磁场变化对粘虫飞行定向行为的影响

潘卫东¹ 江幸福²

(1. 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;

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】研究光周期和磁场条件变化对粘虫 *Mythimna separata* (Walker) 飞行定向行为的影响, 为明确粘虫定向行为的发生、发展情况以及解析粘虫远距离迁飞地磁定向/导航机制提供依据。**【方法】**分别在长光周期/短光周期、正常地磁场/近零磁场条件下饲养粘虫, 羽化后粘虫蛾在模拟磁场条件下(近零磁场、垂直分量倒转地磁场和正常地磁场)开展飞行定向行为测试, 比较粘虫飞行定向行为的差异; 对不同条件下饲养粘虫头、胸部开展 Cry 和 MagR 基因表达分析。**【结果】**1、正常地磁场和近零磁场饲养粘虫飞行定向行为一致: 夏季正常地磁场环境中粘虫群体共同定向朝西北, 但在近零磁场和地磁场垂直平面分量翻转的环境中, 两种饲养环境中的粘虫均失去群体共同定向行为, 表明地磁场磁倾角变化对粘虫的飞行定向行为有影响, 磁场可能是粘虫定向的重要参考依据。2、长光周期饲养粘虫群体飞行共同定向朝北, 而短光周期饲养粘虫表现为群体共同定向朝南, 表明光周期的改变对粘虫飞行定向的方向具有较大影响。同时野外试验亦显示, 7 月下旬当地的光周期近似为 L:D=15:9, 粘虫野外种群群体无共同定向行为, 9 月上旬当地的光周期近似为 L:D=13:11, 粘虫野外种群群体共同定向朝西南。3、近零磁场饲养粘虫头、胸部的 Cry1、Cry2 基因表达有所下降, 各日龄变化浮动不大; MagR 基因变化波动较小。长光周期饲养粘虫头、胸部 Cry1、Cry2 基因表达呈先下降后上升趋势, 短光周期饲养则正相反; 相比于 Cry1 和 MagR, Cry2 基因在两种光周期中各龄期变化波动均较大。**【结论】**磁场可能是粘虫飞行定向的重要参考依据, 而光周期对粘虫季节性的迁飞定向起到原发性的引导作用; Cry 和 MagR 蛋白可能在粘虫迁飞定向过程中具有重要作用。

关键词: 粘虫, 飞行定向行为, 光周期, 近零磁场, 垂直平面分量倒转地磁场

盐碱地昆虫群落演替

李义哲^{1,2} 姜春燕¹ 张润志¹

(1. 中国科学院动物研究所, 北京 101408; 2. 中国科学院大学, 北京 100101)

昆虫作为农田生态系统的重要组成部分,在农田生态系统中物质循环与能量流动方面具有重要作用。盐碱地的土壤 pH 值、碱化度和全盐质量分数是植物生长的限制因素,植物的多样性决定了昆虫的多样性,探究盐碱地昆虫群落的演替规律是盐碱地改良过程中的重要环节,其演替阶段可以作为土壤改良的某一阶段指示性昆虫,对评估农田生态系统稳定性具有重要价值,同时昆虫群落研究也是害虫防治的基础,为指导经济作物用药提供参考。根据盐碱地开垦后昆虫群落的序列演替变化,通常划分为 4 类:原生种类、共生种类、继生种类与迁入种类。一般垦前与垦后前期主要类群以鞘翅目、膜翅目、同翅目和双翅目为主,而垦后中后期出现共生种类、继生种类与迁入种类,主要以鞘翅目、半翅目、双翅目与鳞翅目为主。开始农业活动后,干旱区与半干旱早区以鞘翅目向鳞翅目为首进行昆虫类群演替,随着农田生态系统稳定,群落组成逐渐以鳞翅目、半翅目、鞘翅目、膜翅目与双翅目为主;滨海湿润区以鞘翅目向半翅目、双翅目进行昆虫类群演替,逐渐形成以双翅目、半翅目、鞘翅目与膜翅目为主的群落结构,形成较为稳定的农田生态系统。本实验目的是对黄河三角洲昆虫区系调查以及对该盐碱地主要农业害虫调查;实验地点位于山东省东营市黄河三角洲研究中心;调查时间自 2019 年 3 月开始,每月 1~2 次,每次持续 4~5 d 进行调查;调查方法包括扫网、杯诱、吸虫器吸取、震布震落、灯诱、黄盘诱集、徒手抓获与土壤诱捕器诱捕。

关键词: 盐碱地, 昆虫, 群落演替, 农田生态系统

世界昆虫分布格局及与动植物的关系

申效诚^{1,2} 任应党¹ 张书杰² 刘新涛¹ 杨琳琳¹ 王光华¹ 冯超红¹

(1. 河南省农业科学院植物保护研究所, 河南郑州 450002; 2. 郑州大学生命科学学院, 河南郑州 450001)

自欧洲学者定性地提出高等动物和高等植物的地理区划方案以来, 这个 19 世纪的阐释几乎一成不变地应用至今。虽然人们一直醉心于寻找数学方法, 以求定量地解析不同地区生物分布的异同, 但至今未能如愿。更为遗憾的是生物多样性最为丰富的昆虫一直被忽略, 只能借用或套用哺乳动物的区划系统。我们共收集昆虫纲 31 目 1 208 科 104 344 属 1 033 635 种昆虫的分布信息。根据地理环境和生态条件, 将全世界陆地分成 67 个基础地理单元, 使用我们提出的多元相似性聚类分析技术, 对全纲、主要目科以及不同食性、不同生境昆虫的属级阶元进行分析, 均得到基本一致的结果, 聚成 7 个大单元群和 20 个小单元群, 符合地理学、统计学、生态学、生物学的要求。这个分析结果既解释和支持了学界前辈的区划方案的合理内核, 又定量性地修正了某些失衡之处。可以作为世界昆虫地理区划方案, 建议命名为西古北界(欧洲亚界、地中海亚界、中亚亚界)、东古北界(西伯利亚亚界、东北亚亚界、中国亚界)、印度-太平洋亚界(南亚亚界、印度尼西亚亚界、太平洋岛屿亚界)、澳大利亚界(西澳大利亚亚界、东澳大利亚亚界、新西兰亚界)、新北界(北美亚界、中美亚界)、新热带界(亚马孙亚界、阿根廷亚界、智利亚界)。其中“中国中东部”地理单元的相似性贡献率为 3.89%, 居 67 个地理单元之首, 这是中国亚界及东古北界形成的定量依据。聚类结果与同样用 MSCA 对不包括昆虫的世界动物(36 397 属)、植物(27 092 属)、微生物(17 124 属)的分析结果高度一致, 这个令人惊异的结果说明新生代的环境条件对各类生物分布格局影响的同质性。

关键词: 昆虫, 动物, 植物, 微生物, 分布, 多元相似性聚类分析, 地理区划

黄翅绢野螟对菠萝蜜的偏好取食选择机制研究

孟倩倩¹ 杨陈军^{1,2} 张绍华^{1,2} 王 政¹ 孙世伟¹ 刘爱勤¹ 高圣风¹

(1. 中国热带农业科学院香料饮料研究所, 海南省热带香辛饮料作物遗传改良与品质调控重点实验室, 海南兴隆 571533; 2. 云南农业大学 热带作物学院, 云南普洱 665000)

【目的】为了明确黄翅绢野螟*Diaphania caesalis* Walker 对菠萝蜜的偏好取食机制。**【方法】**通过田间寄主种类调查, 室内寄主选择和非选择试验, 明确黄翅绢野螟寄主种类及取食规律; 采用顶空-固相微萃取与气相色谱-质谱联用技术鉴定菠萝蜜花芽、叶片所含挥发性物质成分及相对含量; 利用触角电位技术进行黄翅绢野螟雌雄成虫对其中部分挥发物的触角电位反应活性测定。根据转录组数据, 采用荧光定量PCR技术筛选在触角高表达的DcaeOBPs。**【结果】**黄翅绢野螟对榴莲蜜、菠萝蜜和面包果的取食面积明显大于其他植物; GC-MS结果显示菠萝蜜叶片中含有7种化合物, 花中含有19种化合物。触角电位结果显示, 测定的12(来自花芽、叶以及七成熟果实)种化合物均能引起黄翅绢野螟EAG反应, 反应强度随浓度的升高而不同程度的增加。雌蛾对100 mg/mL乙酸异戊酯的反应最显著, 相对反应值为234.66, 是同一浓度 α -蒎烯的4.85倍, 为雄蛾的2.13倍; 雄蛾对100 mg/mL异戊酸的反应最显著, 其相对反应值为234.14, 略高于雌蛾。13条DcaeOBPs基因在黄翅绢野螟不同组织中的表达结果显示, DcaeOBP3/4/5/9/12/13在触角中表达量明显高于其他组织, DcaeOBP6在触角和足中的表达量明显高于其他组织。**【结论】**黄翅绢野螟偏好取食榴莲蜜、菠萝蜜和面包果; 且菠萝蜜挥发物异戊酸和乙酸异戊酯对黄翅绢野螟有显著EAG活性, 推测其为黄翅绢野螟田间植物源调节剂的组成成分; 触角中高表达的DcaeOBPs基因可能是黄翅绢野螟寄主选择机制相关的关键基因, 该结果为昆虫行为调节剂的开发提供理论基础, 可为后期大田防控提供参考。

关键词: 黄翅绢野螟, 偏好取食, 菠萝蜜挥发物, 触角电位反应, 气味结合蛋白 OBPs

基于景观基因组学研究小菜蛾对气候的适应性*

陈燕婷^{1,2,3} 尤士骏^{1,2,3} 柯富士^{1,2,3,4} 尤民生^{1,2,3**}

(1. 闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室, 福建农林大学应用生态研究所, 福建福州 350002; 2. 教育部害虫生态防控国际合作联合实验室, 福建农林大学, 福建福州 350002; 3. 农业部闽台作物有害生物综合治理重点实验室, 福建农林大学, 福建福州 350002; 4. 中国科学院华南植物园, 中国科学院植物资源保护与可持续利用重点实验室, 广东广州 510650)

【目的】景观的破碎化和气候变化日益加剧, 不仅威胁到包括昆虫在内的生物多样性, 而且给害虫的持续控制带来了严峻的挑战。面临着这种长期的、持续的环境变化, 生物有机体可能改变自身遗传物质以适应新的环境。融合了群体基因组学和景观生态学的景观基因组学, 为研究物种对环境的潜在适应性提供了新的方向和方法。小菜蛾是危害十字花科蔬菜的世界性害虫, 其发育和存活均受到温度、降雨等气候因素的影响。我们的前期研究证明它是一种遗传多样性高、对环境压力具有快速适应性的害虫。本研究运用景观基因组学的方法探究小菜蛾对气候的适应性及其遗传学基础。**【方法】**根据气候的地理分布, 在全球范围内选取小菜蛾样点并进行样本采集, 对小菜蛾个体进行基因组重测序, 并鉴定出变异位点, 获得核苷酸多态性位点 (Single Nucleotide Polymorphism, SNP) 数据。选取适宜小菜蛾长期生存的地区 (Ecoclimate Index > 0) (共78个群体) 的基因组数据进行分析。利用Samβada, Latent Factor Mixed Model (LFMM) 和Bayenv三种模型将小菜蛾的遗传数据与19个气候因子进行关联分析。**【结果】**Samβada 软件筛选出892个SNP位点与气候因子相关, 其中366个位点位于基因区; LFMM软件筛选出931个SNP位点与气候因子相关, 其中337个位点位于基因区; Bayenv软件筛选出1587个SNP位点与气候因子相关。三个软件共同筛选到6个SNP位点, 其中有3个位点分布于2个基因区。在各种环境变量中, 温度相关的因子 (如最温暖月份的最高温度和平均日温差) 与多数环境适应性位点显著相关。对2个候选基因进行功能注释, 发现这2个基因参与钙离子结合以及阳离子通道的控制过程。**【结论】**基于本研究筛选到的小菜蛾基因组中与气候相关的适应性位点可为预测该害虫如何应对气候变暖提供遗传基础。

关键词: 重测序, 核苷酸多态性, 遗传变异, 适应性, 进化, 气候变化

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31230061, 31320103922); 福建省科技重大专项/专题 (2018NZ0002-1); 海峡博士后交流资助计划项目 (201806)

**通讯作者, E-mail: msyou@fafu.edu.cn

稻水象甲幼虫和蛹在水稻根际的分布

赵晓明 杜 伟

(宁夏农林科学院植物保护研究所, 宁夏农业技术推广总站, 宁夏银川 750002)

稻水象甲 *Lissorhoptrus oryzophilus* Kuschel 的幼虫和蛹生活在水稻根际的泥土中。田间观察发现, 稻水象甲的幼虫和蛹的分布有一定的规律。通过连续多年对稻水象甲在水稻根际分布的调查和观察研究, 稻水象甲幼虫在水稻根部中心位置开始危害, 随着水稻生长, 稻根逐渐在侧面长出, 幼虫危害也逐渐向侧面扩展, 老熟幼虫边缘的根须上结茧化蛹, 形成倒碗状的根部害状。被害的水稻因缺乏根部中央部分的主根须, 水稻植株因其在土中附着力差, 可以轻易拔起。研究稻水象甲幼虫孵化后, 沿着稻秆进入水稻根部, 取食水稻须根形成危害的过程, 及其老熟幼虫化蛹的位置分布规律, 对研发针对水稻根部幼虫和防控的药剂和施药方法有重要的意义。

关键词: 稻水象甲, 水稻, 幼虫, 孵化

光周期对九香虫孵化前期及若虫历期的影响*

周汶桢 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, 贵州贵阳 550025)

【目的】九香虫 *Aspongopus chinensis* Dallas, 1851 是中国传统药食两用昆虫, 具有很高的资源利用价值。目前随着九香虫药用价值的挖掘, 社会需求日益增长, 市场供不应求, 且野生资源稀缺, 而人工养殖九香虫是解决这一问题的重要途径。因此本文通过探索光周期对九香虫孵化前期及若虫历期的影响, 为九香虫人工扩繁技术奠定基础。**【方法】**本研究以实验室内养殖的子一代九香虫卵粒为研究对象, 研究光周期对九香虫孵化前期及若虫历期的影响, 探索九香虫生长发育的最佳光周期。研究温度为 $28\pm 2\text{ }^{\circ}\text{C}$, 湿度为 $75\%\pm 5\%\text{RH}$, 设置不同光周期梯度, L:D 为: 20 h: 4 h、18 h: 6 h、16 h: 8 h、14 h: 10 h、12 h: 12 h、10 h: 14 h。**【结果】**结果显示: 不同光周期养殖条件下, 孵化前期、一龄、二龄若虫发育历期均无明显差异; 三龄若虫发育历期在光周期为 14 h: 10 h、16 h: 8 h、18 h: 6 h 和 20 h: 4 h 相对较短, 分别为 10.33 ± 0.88 、 10.50 ± 0.76 、 9.80 ± 0.58 和 9.00 ± 0.71 d, 与 <14 h 光照组 (11.40 ± 0.93 、 12.00 ± 0.58 d) 相比显著缩短 ($P<0.05$); 四龄若虫发育历期在光周期为 16 h: 8 h、18 h: 6 h 和 20 h: 4 h 相对较短, 分别为 13.50 ± 0.64 、 13.56 ± 0.72 和 13.50 ± 0.76 d, 与 <16 h 光照组 (18.50 ± 3.30 、 20.50 ± 0.64 、 20.40 ± 1.25 d) 相比显著缩短 ($P<0.05$); 五龄若虫发育历期在光周期为 16 h: 8 h、18 h: 6 h 和 20 h: 4 h 相对较短, 分别为 19.60 ± 0.93 、 18.90 ± 0.60 和 18.60 ± 0.93 d, 比 <16 h 光照组 (26.00 ± 1.15 、 22.50 ± 0.50 、 21.50 ± 0.65 d) 显著缩短 ($P<0.05$); 若虫总发育历期在光周期为 16 h: 8 h、18 h: 6 h 和 20 h: 4 h 最短, 分别为 62.60 ± 2.16 、 62.06 ± 1.78 和 61.70 ± 2.35 , 比 <16 h 光照组 (78.90 ± 3.92 、 80.50 ± 1.77 、 75.16 ± 2.74) 显著缩短 ($P<0.05$)。**【结论】**九香虫孵化前期和二龄及以下低龄若虫发育历期在不同光照时长下无明显差异, 而三龄及以上高龄虫若虫和总发育历期在光照时间 >16 h 发育历期显著缩短 ($P<0.05$)。因而九香虫人工扩繁中, 若虫后期可以考虑适当增加光照时长至 16 h 左右以缩短养殖周期。

关键词: 九香虫, 光周期, 孵化前期, 若虫历期, 生长发育

*基金项目: 贵州省优秀青年科技人才培养对象专项资金项目 (黔科合人字[2015]25 号); 国家自然科学基金 (81360612)

**通讯作者, E-mail: jjguo@gzu.edu.cn

短额负蝗不同地理种群发育起点温度与有效积温的比较研究

李文博¹ 高宇¹ 崔娟^{1,2} 史树森¹

(1.吉林农业大学植物保护学院, 吉林长春 130118; 2.吉林农业科技学院农学院, 吉林吉林 132101)

为探明我国短额负蝗 *Atractomorpha.sinensis* (I.Bolivar) 不同地理种群之间的发育起点温度和有效积温的差异性。本试验设置 16°C、20°C、24°C、28°C 和 32°C 等 5 个恒温梯度, 在实验室条件下 (h:d=16:8, RH=70%±5%), 以大豆叶为食物饲养, 通过直接最优法, 研究比较了山东济南 (36°33'12.22"N, 116°44'46.72"E)、河南郑州 (34°44'54.38"N, 113°37'8.00"E)、广东广州 (23°07'54.30"N, 113°15'32.48"E) 3 个地理种群各虫态的发育起点温度、有效积温与生境纬度间的关系。在 16°C-32°C 条件下, 上述短额负蝗 3 个地理种群的卵、若虫、成虫发育起点温度分别为 9.13°C、10.70°C、13.65°C; 10.52°C、11.05°C、15.49°C; 12.13°C、13.05°C、16.02°C; 有效积温分别为 452.32、364.89、255.96 日·度; 567.16、535.00、392.15 日·度; 405.51、368.98、264.22 日·度。由此可见, 短额负蝗各虫态的发育起点温度与有效积温均存在明显地理变异, 随生境纬度的升高, 各虫态发育起点温度呈降低趋势, 若虫发育起点温度与生境纬度的回归方程为 $y=-0.3820x+24.3113$ ($R^2=0.9999$, $P<0.05$), 卵和成虫的发育起点温度与生境纬度的回归方程分别为 $y=-0.3138x+20.5546$ ($R^2=0.9542$, $P>0.05$) 和 $y=-0.2834x+22.6048$ ($R^2=0.9910$, $P>0.05$); 而有效积温反之, 呈上升趋势, 若虫有效积温与生境纬度的回归方程为 $y=18.0888x-89.2410$ ($R^2=0.9999$, $P<0.05$), 卵和成虫有效积温与生境纬度的回归方程分别为 $y=13.0745x-52.2765$ ($R^2=0.8949$, $P>0.05$) 和 $y=10.1597x+27.6324$ ($R^2=0.9847$, $P>0.05$)。本研究结果为推测该虫在不同地区发生代数, 预测种群动态变化提供依据, 为其种群的遗传分化及环境适应性研究奠定了基础。

关键词: 短额负蝗, 地理种群, 发育起点温度, 有效积温, 地理变异

冷驯化对大豆食心虫滞育幼虫过冷却能力及体内糖类物质的影响

李新畅 史树森

(吉林农业大学植物保护学院, 吉林长春 130118)

大豆食心虫 *Leguminivora glycinivorella* (Matsumura) 以滞育幼虫在土中越冬。为深入了解大豆食心虫滞育越冬幼虫对低温环境的生理响应机制, 本文研究了不同冷驯化条件对大豆食心虫抗寒性生理指标的影响。分别对大豆食心虫滞育幼虫进行短时间冷驯化5°C4 h、10°C4 h, 长时间冷驯化5°C24 h、10°C24 h处理, 利用热电偶方法测定其过冷却点和结冰点, 同时采用蒽酮比色法对其体内总糖含量进行测定。不同条件冷驯化后大豆食心虫滞育幼虫的过冷却点不同, 由低到高分别是5°C24 h组 (-22.18±1.39) °C、5°C4 h组 (-20.52±0.16) °C、10°C24 h (-19.21±1.44) °C 组和10°C4 h组 (-19.20±0.35) °C, 较对照组 (-18.0153±1.08) °C 分别降低了23.14%、13.90%、6.66%、6.59%。在试验条件下, 同对照组相比, 5°C24 h冷驯化条件可使大豆食心虫过冷却点显著降低 ($F=13.01$, $P=0.0014$)。经冷驯化后大豆食心虫滞育幼虫的结冰点变化趋势与过冷却点相似, 由低到高分别是5°C24 h组 (-15.62±0.75) °C、10°C 24 h (-14.15±0.39) °C、5°C4 h组 (-14.86±0.51) °C组和10°C4 h组 (-13.85±0.316) °C。同对照组 (-13.49±1.14) °C相比, 5°C24 h组显著降低 ($F=5.251$, $P=0.02$)。随着冷驯化温度降低及冷驯化时间增持, 虫体总糖含量显著增加。对照组、5°C4 h、5°C24 h、10°C4 h和10°C24 h的总糖含量分别为 (18.60±2.17)、(25.80±1.24)、(34.64±1.76)、(22.91±1.97)、(29.41±4.142) $\mu\text{g/mL}$ 。同对照组相比, 4组冷驯化处理组总糖含量增加, 差异显著。5°C24 h处理组与5°C4 h处理组相比, 总糖含量显著增加 ($F=50.72$, $P=0.0014$); 10°C24 h处理组与10°C4 h处理组相比, 总糖含量显著增加 ($F=8.52$, $P=0.0363$)。可见, 冷驯化过程可以提高大豆食心虫越冬幼虫的耐寒性, 且与冷驯化温度的高低和持续时间的长短有关。本研究结果为进一步深入研究大豆食心虫幼虫越冬环境适应策略及其分子机制奠定了基础, 亦可为评价其特定年份越冬期田间死亡率及预测翌年发生程度提供科学依据。

关键词: 大豆食心虫, 冷驯化, 过冷却点, 结冰点, 糖类物质

不同变温环境对甘蓝夜蛾 *Mamestra brassicae* L.

生长发育的影响

赵晨宇¹ 陈菊红¹ 崔娟^{1,2} 高宇¹ 史树森¹

(1. 吉林农业大学植物保护学院, 吉林长春 130118; 2. 吉林农业科技学院农学院, 吉林吉林 132101)

昆虫为变温动物, 没有体温调节机制, 昆虫的生长发育、繁殖直接受到环境温度变化的影响, 在恒温条件下并不能全面反映自然环境中昆虫的生长发育情况。为明确变温环境对甘蓝夜蛾 *Mamestra brassicae* L. 生长发育的影响, 深入研究甘蓝夜蛾生长发育规律, 在平均温度为 19℃、22℃、25℃、28℃、31℃共 5 个梯度变温条件下, 以大豆植株叶片为寄主材料, 测定了变温条件下甘蓝夜蛾的发育历期、发育速率、发育起点温度和有效积温。结果表明, 变温幅度为 13~25℃ (平均 19℃) 时该虫发育历期最长, 世代发育历期为 75.74 d, 显著长于其他温度处理。且随温度升高, 该虫发育历期缩短, 变温范围为 22~34℃ (平均 28℃) 时, 该虫发育历期最短, 世代发育历期为 43.23 d, 显著短于其他温度处理。变温范围为 25~37℃ (平均 31℃) 时, 不适宜该虫正常生长发育, 且无法完成完整世代。利用线性回归模型对甘蓝夜蛾卵及各龄幼虫在各试验温度条件下的发育速率与温度的关系进行拟合。结果表明: 卵及各龄幼的发育速率随温度升高而加快, 且各个虫态甘蓝夜蛾发育速率拟合方程均符合线性方程模型。甘蓝夜蛾雌雄成虫的寿命随着温度的升高而逐渐缩短。雌成虫寿命在平均温度 19℃时最长, 为 7.91 d, 在平均温度 28℃时最短, 为 3.00 d; 雄成虫寿命在平均温度 19℃时最长, 为 8.00 d, 平均温度 28℃时最短, 仅为 3.57 d。甘蓝夜蛾卵、幼虫、蛹、成虫发育起点温度分别为 6.87、22.26、22.00 和 21.84℃, 有效积温依次为 68.75、425.89、211.87 和 65.73d•℃。深入分析和探讨甘蓝夜蛾生长发育与环境温度间的关系, 为甘蓝夜蛾发生的预测预报及综合防治提供科学依据。

关键词: 甘蓝夜蛾, 变温环境, 发育历期, 发育起点温度, 有效积温

不同粘土矿物及湿度对台湾乳白蚁的影响

靳正雅¹ 谢沁希¹ 赵 恺² 温秀军¹ 王 偲^{1*}

(1. 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;

2. 华南农业大学农学院, 广东广州 510642)

【目的】关于高等白蚁对于粘土的偏好及利用的研究较多, 然而低等白蚁和粘土关系的研究较少。项目组此前研究表明野外采集的粘土对台湾乳白蚁 *Coptotermes formosanus* Shiraki 的聚集有吸引作用, 但粘土质地及其湿度条件对台湾乳白蚁的聚集和取食行为的影响及生物学意义尚不清楚。**【方法】**本研究在 25%和 50%相对湿度条件下分别进行了多项选择实验和非选择实验, 探究了填充不同质地粘土材料(膨润土、高岭土、绿泥石、凹凸棒土、伊利石)、土壤以及未填充任何材料(空白对照)的容器(空心木质圆柱体或诱饵盒)对台湾乳白蚁聚集和取食选择、存活率、体含水率和木材取食量的影响。**【结果】**多项选择实验表明, 在 25%相对湿度条件下, 与其他粘土材料和对照相比, 填充膨润土显著引起白蚁聚集。此外, 填充膨润土的诱饵盒中白蚁的取食量显著高于填充高岭土、绿泥石、凹凸棒土、伊利石、土壤和未填充任何材料的诱饵盒。在 50%相对湿度条件下, 聚集在填充有绿泥石和凹凸棒土的空心木质圆柱体中的白蚁数量无显著差异, 但均显著高于填充高岭土、伊利石、土壤以及未填充任何材料的空心木质圆柱体。聚集在填充有绿泥石、凹凸棒土和土壤的诱饵盒中的白蚁数量无显著差异, 但均显著高于填充伊利石、高岭土和未填充任何材料的诱饵盒。然而, 不同粘土对白蚁的取食量无显著影响。非选择实验则表明, 在 25%相对湿度条件下, 与未填充任何材料的诱饵盒相比, 在诱饵盒中填充粘土材料显著提高了白蚁的存活率, 并且填充粘土材料的诱饵盒中白蚁的体含水率显著高于填充土壤的诱饵盒。然而, 在 50%相对湿度条件下, 粘土效果不显著。**【结论】**本研究表明粘土材料可作为引诱剂。

关键词: 台湾乳白蚁, 粘土, 质地, 湿度, 聚集

*通讯作者

温度对三种橡胶重要害螨生长发育和繁殖的影响*

陈俊谕 贾静静 李 磊 张方平 韩冬银 牛黎明 王建赟 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】六点始叶螨、东方真叶螨和比哈小爪螨是我国海南、云南等橡胶植胶区普遍发生的重要害螨种类, 揭示温度对 3 种橡胶重要害螨生长发育和繁殖的影响, 获得其生命表参数, 为阐明橡胶重要害螨的种群消长机制和有效防治提供参考依据。**【方法】**采用传统的生物学观察方法, 在室内观测 21℃、24℃、27℃、30℃和 33℃条件下橡胶六点始叶螨、东方真叶螨和比哈小爪螨各虫态的发育历期、存活率、成虫寿命和产卵量, 并组建实验种群生命表, 分析种群生命表参数。**【结果】**结果表明, 温度对 3 种橡胶重要害螨的生长发育和繁殖均有显著影响。随着温度升高, 六点始叶螨、东方真叶螨和比哈小爪螨的世代发育历期逐渐缩短, 在 21℃、24℃、27℃、30℃和 33℃条件下, 六点始叶螨的世代发育历期分别为 20.56、15.66、12.00、11.97、11.34 d, 东方真叶螨的世代发育历期分别为 19.05、14.75、12.31、8.12、7.38 d, 比哈小爪螨的世代发育历期分别为 21.85、15.37、13.23、9.93、7.09 d。27℃条件下最利于 3 种害螨的存活, 六点始叶螨、东方真叶螨和比哈小爪螨的存活率分别可达到 100%、92%和 100%。随着温度升高, 六点始叶螨和比哈小爪螨的成虫寿命表现为逐渐缩短, 成虫寿命范围分别为 8.18~18.92 和 4.93~15.60 d, 而东方真叶螨的成虫寿命在 27℃时最短, 为 5.38d, 随着温度升高, 寿命反而有所延长。六点始叶螨和比哈小爪螨的繁殖能力在 27℃时最大, 单雌产卵量分别为 11.04 和 18.61 粒, 随着温度升高, 产卵量逐渐减少。而在 21-33℃之间, 随着温度逐渐升高, 东方真叶螨的产卵量逐渐增大, 33℃时单雌产卵量为 20.34 粒。六点始叶螨、比哈小爪螨和东方真叶螨的发育起点温度分别为 8.48、14.72 和 14.16℃, 有效积温分别为 338.12、279.02 和 260.78 日·度。27℃时六点始叶螨和比哈小爪螨的种群增长能力最大, 其内禀增长率分别为 0.1115 和 1.1988, 净增殖力分别为 8.7021 和 18.6100; 33℃时东方真叶螨的种群增长能力最大, 其内禀增长率和净增殖力分别为 0.2605 和 17.0868。**【结论】**21~33℃条件下, 橡胶六点始叶螨、比哈小爪螨和东方真叶螨均可完成其世代生长发育和繁殖, 27℃最利于六点始叶螨和比哈小爪螨的种群增长, 而 33℃最利于东方真叶螨的种群增长, 说明东方真叶螨较其他 2 种害螨更耐高温。

关键词: 六点始叶螨, 比哈小爪螨, 东方真叶螨, 有效积温, 发育起点温度, 生命表

*基金项目: 天然橡胶产业技术体系 (CARS-33-BC2); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (1630042017009)

**通讯作者, E-mail: fygcatas@163.com

低温对蠋蝽生长发育的影响*

廖平¹ 石新茹² 朱艳娟¹ 李玉艳¹ 毛建军¹ 王孟卿¹

张礼生¹ 陈红印¹ 刘晨曦^{1**}

(1. 中国农业科学院植物保护研究所/中美合作生物防治实验室, 北京 100193;

2. 集宁师范学院, 内蒙古乌兰察布 012000)

为更好的明确蠋蝽 *Arma chinensis* Fallou 短期低温储存的适宜温度和效果, 在 16:8 (L:D) 及 65±5%RH 的条件下, 以 26±1℃为对照 (CK), 在 15±1℃ (T1) 和 10±1℃ (T2) 下对蜕皮后 1 d 的 3~5 龄蠋蝽若虫及成虫进行小群体饲养, 连续 60 d 观察记录其猎物的更换频率、水的补给频率、发育历期、存活情况等参数; 成虫羽化后第 3 d, 初始饲养龄期为成虫者、饲养后第 10 d 称量体重, 并测定其总脂含量 (g/100 g); 取不同饲养温度下初始饲养龄期为 3 龄的蠋蝽 CK-3、T1-3 及 T2-3 ('-'后的数字或符号代表蠋蝽的初始饲养龄期或性别, 下同), 在其 5 龄蜕皮后第 5 d 测其蜕皮激素含量 (ng/L); 将各组蠋蝽饲养 30 d 后转至 CK 条件进行恢复饲养, 观测其 30 d 内的羽化、交配及产卵情况。结果表明: (1) CK 组蠋蝽猎物 3 d 更换一次、每天补给水一次, 猎物与水的更换和补给频率最高; T1 组蠋蝽猎物 14 d 更换 1 次、每 3 d 补给水一次, T2 组蠋蝽猎物 29 d 更换 1 次、每 5 d 补给水一次, 猎物与水的更换和补给频率最低。(2) T1 和 T2 组蠋蝽仍能发育, 但随着饲养温度降低, 蠋蝽若虫的发育历期显著延长。(3) T2-3 蠋蝽若虫不能发育至成虫, T1-3 和 T2-4 蠋蝽若虫可以发育至成虫、但其成虫翅膀畸形率较高, T1-4、T1-5 和 T2-5 蠋蝽若虫能发育至成虫、且 T1-4 和 T1-5 蠋蝽若虫所羽化的成虫可以在该温度下交配产卵。(4) 不同初始饲养龄期中, T1 和 T2 组蠋蝽羽化的成虫体重均显著低于 CK 组。(5) 不同初始饲养龄期中, T1 和 T2 组蠋蝽羽化成虫的总脂含量均显著高于 CK 组。(6) T1-3 和 T2-3 蠋蝽在 5 龄蜕皮后第五天的蜕皮激素含量显著低于 CK-3。(7) T2 组中仅有 T2-5、T2-♀、T2-♂ 蠋蝽在恢复饲养观测期内有产卵, 但产卵量显著低于 CK 组; T1 组中各龄期组均在恢复饲养观测期内有产卵, 且高龄期组蠋蝽的产卵量显著高于低龄期组。该结果可以为蠋蝽的短期低温储存及种质资源保存提供方法和数据参考。

关键词: 蠋蝽, 低温, 饲养, 生长发育, 种质资源

*基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFD0200400); 重点研发专项“中美农作物病虫害生物防治关键技术创新合作研究” (2017YFE0104900); 国家重点研发计划项目 (2017YFD0201000)

**通讯作者, E-mail: liuchenxi@caas.cn

松树蜂在混交林中发生危害特点

刘晓博 任利利 骆有庆

(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】明确松树蜂 *Sirex noctilio* Fabricius 在我国的发生特点和在针叶混交林中水平分布和垂直分布特点, 为探索松树蜂发生规律及制定防控方案提供参考依据。**【方法】**在黑龙江省鹤岗市选定 8 块样地, 调查样地内树木的种类、数量、树高、树冠情况、胸径和蛀干害虫羽化孔等危害特征。**【结果】**松树蜂在我国仅危害樟子松, 不危害其他针叶树等。松树蜂危害在林间呈聚集分布, 松树蜂优先倾向于危害树势衰弱树木, 表现为树冠较小、针叶失绿、胸径 15~20 cm 的樟子松。混交林比樟子松纯林受害较轻; 不同林分密度下松树蜂危害有差异, 在被调查的样地中, 700 株/公顷左右的混交林受害率最低。松树蜂常和其他蛀干害虫(天牛、吉丁、小蠹)同时发生, 90.5%的松树蜂羽化孔分布于 0~6 m 的高度, 而一般林间目测调查 0~3 m 处的羽化孔, 这包含了 45.6%的松树蜂羽化孔, 31.2%的天牛羽化孔, 39%的吉丁羽化孔, 78.9%的小蠹羽化孔。**【结论】**松树蜂在我国仅危害樟子松, 混交林比樟子松纯林受害较轻。松树蜂危害在林间呈聚集分布, 不同林分密度下松树蜂危害有差异。在林间调查时可以通过目测调查 0~3 m 处羽化孔推算整株树木的虫口数量。

关键词: 松树蜂, 樟子松, 混交林, 危害特点

松树蜂越冬幼虫耐寒性及其在时空尺度上的差异研究

李呈澄 任利利 骆有庆*

(北京林业大学林木有害生物防治北京重点实验室, 北京 100083)

【目的】松树蜂 *Sirex noctilio* Fabricius 为林木钻蛀性害虫, 原产欧洲和北非, 现已入侵多个国家, 主要危害松属植物, 是国际重大检疫性害虫。在我国已发现其入侵东北地区, 严重危害樟子松且呈扩散趋势, 为了解国内松树蜂种群生物学特征及扩散潜力, 本文研究了松树蜂越冬幼虫的耐寒性及其在时空尺度上的变异规律。**【方法】**对比分析国内松树蜂四个地理种群越冬幼虫的过冷却点 (Supercooling point)、冰点 (Freezing point) 和致死低温 (Low lethal temperature), 总结其耐寒性规律, 再根据采样点历史温度数据以及实地测量的坑道内外温度值分析不同地理种群及不同测量时间下松树蜂耐寒性与环境温度的相关性。**【结果】**松树蜂越冬幼虫的平均过冷却点为 $-20.77 \pm 0.44^{\circ}\text{C}$ (Mean $\pm$ SE), 其中越冬中期的幼虫过冷却点 ($-24.27 \pm 0.62^{\circ}\text{C}$) 最低, 松花江以北的地理种群过冷却点显著低于南部。松树蜂耐寒策略为避免结冰型 (Freeze-avoidance), 不能长时间存活于过冷却点 ($-20.77 \pm 0.44^{\circ}\text{C}$) 以下的温度, 越冬期间的历史气候温度数据及坑道外极端温度会威胁到松树蜂生存, 坑道内温度波动较小无极值。**【结论】**国内不同地理种群的松树蜂越冬幼虫的耐寒能力与环境温度有关, 环境温度越低时虫体耐寒能力越强, 且坑道能够为松树蜂越冬幼虫提供一定的保护作用, 故认为松树蜂具有进一步向寒冷地带扩散的潜力。

关键词: 松树蜂, 耐寒性, 过冷却点, 时空尺度

基于高光谱特征与光合参数监测松小蠹危害时期的相关分析

刘梦盈 石 雷* 马云强* 刘雪莲 张忠和 姚 俊 杜 婷

(中国林业科学研究院资源昆虫研究所, 云南昆明 650224)

【目的】测定云南松枝梢针叶高光谱数据及光合数据,建立松小蠹危害时期监测模型及光合参数模拟方程,有效、快速地预测松小蠹危害时期,诊断云南松健康状况,为大面积应用高光谱遥感技术实现森林病虫害监测提供依据。**【方法】**调查云南松受松小蠹危害情况,使用SOC710VP便携式成像高光谱仪及LI-6400便携式光合作用测定系统分别获取不同危害时期针叶高光谱数据及光合数据,选取与松小蠹危害时期显著相关的参数,建立危害时期监测模型;对针叶光合参数与高光谱特征参数进行相关分析,建立光合参数的相关方程。**【结果】**随着危害时期变化,在740~1036nm范围内,光谱反射率逐渐降低;光谱一阶微分曲线在660~740nm,出现“红边”“蓝移”现象,且峰值逐渐降低;危害时期与光谱反射率及光谱一阶微分值在399、409、503~539、553~574、610~677、687~697、708~791、807~838、949~870、881~988、1 004、1 025~1 036 nm波段极显著相关;以 D 、 D_r 、 $NDVI_{705}$ 、 $(SD_r-SD_b)/(SD_r+SD_b)$ 等4个变量构建的多元线性回归模型拟合效果最优(拟合 $R^2=0.969$,预测 $R^2=0.946$, $RMSE=0.212$);松小蠹危害时期与Photo密切相关($R_{\text{简单相关分析}}=0.943^{**}$, $R_{\text{偏相关分析}}=0.588^{**}$),其三次函数模型拟合效果较好,(拟合 $R^2=0.931$,预测 $R^2=0.961$, $RMSE=0.240$);建立了光谱指数和光合参数之间的联系,Photo的 $NDVI_{705}$ 三次函数(拟合 $R^2=0.822$,预测 $R^2=0.863$, $RMSE=0.539$)、Cond的SR2三次函数(拟合 $R^2=0.632$,预测 $R^2=0.629$, $RMSE=0.018$)、Ci的 $NDVI_{705}$ 和HI多元线性回归模型(拟合 $R^2=0.766$,预测 $R^2=0.672$, $RMSE=27.904$)、Trmmol的 SD_r 和 SD_r/SD_b 多元线性回归模型(拟合 $R^2=0.561$,预测 $R^2=0.564$, $RMSE=0.415$)拟合效果最优。**【结论】**根据云南松光谱指数和光合参数分别建立的模型可有效监测松小蠹发生的时期;云南松光谱指数与光合参数间存在显著相关性,可建立相关模型估测云南松生长健康状况。

关键词: 高光谱, 光谱特征参数, 松小蠹, 光合作用, 相关性

*通讯作者

西花蓟马感染球孢白僵菌后的体温调节反应

李欣华 王海鸿

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

行为性体温调节是昆虫抵抗病原物侵染的一种生存策略, 具有行为性发热、行为性冷趋两种调节方式。其中, 昆虫感染病原物后发生行为性发热的现象被多次报道, 而关于行为性冷趋的报道较少。然而, 昆虫感染病原物后究竟采取何种调节方式主要取决于昆虫和病原物各自的生活史, 趋向温度谁更适宜, 谁获利。昆虫的体温调节现象不仅对生态平衡有重要意义, 它还是使用病原物防治有害昆虫能否成功的重要因素。【目的】基于上述研究背景, 我们针对重要入侵害虫西花蓟马 *Frankliniella occidentalis* (Pergande) 感染广谱性生防真菌球孢白僵菌 (*Beauveria bassiana*) 后是否发生了行为性体温调节、行为性体温调节方式如何进行了研究。【方法】使用 10^7 个孢子/mL 的球孢白僵菌悬浮液 (悬浮液为 0.05% 的吐温-80) 处理实验组西花蓟马, 0.05% 的吐温-80 处理对照组西花蓟马, 进行后续温度梯度试验、菌量实验、存活率实验。【结果】温度梯度试验结果显示, 24°C 恒温饲养的西花蓟马感染球孢白僵菌 24 h 后发生了行为性冷趋, 偏好温度降低至 12°C, 而健康西花蓟马的偏好温度仍为 24°C。西花蓟马感染球孢白僵菌后冷趋的行为抑制了体内球孢白僵菌的生长, 发生冷趋的染菌西花蓟马体内球孢白僵菌的拷贝数明显低于未发生冷趋的染菌西花蓟马。同时, 冷趋行为明显提高了染菌西花蓟马的存活率。在 24°C 的环境下, 饲养健康西花蓟马 49 d 后有 43% 个体存活, 而雄性染菌蓟马至多存活 10 d, 雌性染菌蓟马至多存活 20 d, 与健康西花蓟马相比其存活率明显较低。然而, 在 12°C 的环境下, 饲养健康西花蓟马 49 d 有 75% 个体存活, 而染菌雌雄西花蓟马均有个体可存活至 48 d。其次, 染菌西花蓟马在 12°C 环境下其后代雌性比例高于 24°C, 有利于种群规模扩张。【结论】总之, 西花蓟马感染球孢白僵菌后发生了行为性冷趋, 且这一举动减少了西花蓟马体内真菌拷贝数, 提高了西花蓟马的存活率, 提高了后代的雌性比例, 这有利于之后种群规模恢复。

关键词: 冷趋行为, 体温调节, 白僵菌, 西花蓟马, 温度梯度试验

马铃薯块茎蛾性信息素田间应用和优化

闫俊杰 高玉林*

(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)

马铃薯块茎蛾 *Phthorimaea operculella* Zeller (Lepidoptera: Gelechiidae) 是重要的马铃薯害虫, 开展害虫绿色防控技术的研究和应用已成为马铃薯块茎蛾综合治理的重要措施。2019 年在云南曲靖市两个马铃薯主产区对马铃薯块茎蛾性信息素剂量、诱芯介质材料、诱捕器类型以及诱捕器悬挂高度等几种诱蛾量影响因素进行了系统的研究。结果表明, 在马铃薯田间, 使用马铃薯块茎蛾性信息素最优剂量为 100 μg /诱芯; 以带有粘虫板类型的诱捕器诱蛾量较优; 诱捕器的悬挂在距植株顶端上方 0~20 cm 范围内对诱蛾量没有明显影响, 同时, 诱蛾量与诱捕器设置的密度紧密相关, 每 0.067 hm^2 的马铃薯田中使用 4~5 个诱芯时, 有良好的诱蛾效果。本研究为优化性信息素为主的马铃薯块茎蛾绿色防控技术提供科学依据。

关键词: 马铃薯块茎蛾, 性信息素, 绿色防控, 剂量, 密度, 高度

*通讯作者, E-mail: gaoyulin@caas.cn

大草蛉和七星瓢虫对梨瘿蚊的捕食功能反应*

安月晴^{1,2} 杨晓平¹ 胡红菊^{1**} 李 贞² 刘小侠^{2**}

(1. 湖北省农业科学院果树茶叶研究所, 湖北武汉 430000; 2. 中国农业大学植物保护学院, 北京 100193)

大草蛉 *Chrysopa pallens* Rambur 和七星瓢虫 *Coccinella septempunctata* Linnaeus 均为梨瘿蚊 *Contarinia pyrivora* Riley 重要的捕食性天敌。为了评估两者对梨瘿蚊 4 龄幼虫的捕食潜力, 本文通过室内功能反应测定, 研究了大草蛉和七星瓢虫对梨瘿蚊 4 龄幼虫的捕食功能反应及种内干扰反应; 并通过寻找效应模型对其寻找效应进行了估计。结果表明, 当大草蛉和七星瓢虫密度固定为 1 头/皿时, 大草蛉和七星瓢虫对梨瘿蚊 4 龄幼虫的搜寻效应都保持在较高的水平, 二者对梨瘿蚊 4 龄幼虫的捕食功能反应均符合 HollingII 型圆盘方程, 不同天敌间大草蛉捕食功能强于七星瓢虫, 同种天敌中成虫捕食功能均强于幼虫; 当猎物密度在一定范围内增加时, 天敌的搜寻、取食行为均有增强; 但随着猎物密度的继续增加, 达到某一峰值后, 成虫及各龄幼虫的捕食行为均略有减弱。当大草蛉和七星瓢虫密度不断增加时, 二者对梨瘿蚊 4 龄幼虫的捕食均会出现不断增强的种内干扰现象。综合分析表明, 大草蛉和七星瓢虫是梨瘿蚊幼虫期的潜在天敌。本研究为评价大草蛉和七星瓢虫对梨瘿蚊的控制能力提供了基础数据, 并为二者在田间的释放量提供了理论依据。

关键词: 大草蛉, 七星瓢虫, 梨瘿蚊, 捕食功能, 寻找效应, 干扰效应

*基金项目: 国家自然科学基金 (31601721)、现代农业产业技术体系建设 (CARS-29-34; CARS-28-17)、湖北农业科技创新专项资金 (2016-620-000-001-029) 和农业部华中作物有害生物综合治理重点实验室/农作物重大病虫害防控湖北省重点实验室开放基金课题 (2017ZTSJJ1) 资助

**通讯作者, 胡红菊, 研究员, 砂梨栽培与害虫防控方向, E-mail: hongjuhu@sina.com

**通讯作者, 刘小侠, 教授, 农业害虫与害虫防治方向, E-mail: liuxiaoxia611@cau.edu.cn

一种简单有效防止蚂蚁逃逸的方法*

宁冬冬 杨帆 肖倩 冉浩 许益鏊**

(华南农业大学红火蚁研究中心, 广东广州 510642)

【目的】昆虫饲养和研究过程中, 防逃是一项不可缺少的措施, 但目前对于蚂蚁等小型昆虫的防逃方法仍然有限。**【方法】**为开发便捷高效的防逃技术, 本试验利用滑石粉与乙醇混合配制成防逃液, 测试它对红火蚁 *Solenopsis invicta* Buren 和黑腹小家蚁 *Monomorium intrudens* F. Smith 的防逃效果, 并通过电镜扫描技术揭示其防逃机制。**【结果】**结果表明, 六种细度的滑石粉与无水乙醇混合液(质量: 体积=1: 5)处理的玻璃培养皿对红火蚁防逃率均为 100%; 而当 D97 为 2 和 3 μm 的滑石粉与无水乙醇混合液对黑腹小家蚁防逃率可达到 100%; 不同浓度(20%~99.7%)的乙醇与 D97 为 2 μm 的滑石粉混合后均能完全阻止两种蚂蚁逃逸。滑石粉与无水乙醇的比例高于 1/ 50 时防逃率为 100%。另外, 该防逃液的持效可达 3 个月以上并放置一年后仍然有效。然而, 在 1 天的防逃试验中, 氟隆无法阻止小家蚁逃逸。电镜扫描结果表明: 相同浓度下, 随着滑石粉颗粒尺寸的减小, 颗粒间的缝隙越小。红火蚁小工蚁体重: 吸附垫面积约为 2, 而黑腹小家蚁约为 1。**【结论】**滑石粉颗粒大小和形成的间距以及蚂蚁自身的重量和抓附能力是影响防逃效果的主要原因。该防逃液有良好的防逃效果, 对小型蚂蚁的防逃效果更优于氟隆。

关键词: 微生物, 种间相互作用, 生物入侵

*基金项目: 国家重点研发专项(2016YC1201200); 广东省科技计划(2016A020210095)

**通讯作者, E-mail: xuyijuan@yahoo.com

一种防止入侵蚂蚁扩散的安全驱避剂*

陈思琪** 陈鸿宇 许益镌**

(华南农业大学红火蚁研究中心, 广东广州 510642)

【目的】红火蚁 *Solenopsis invicta* 是世界最具危害性入侵生物之一。红火蚁可以通过草皮, 木材运输等方式扩散。因此, 高效的驱虫剂可以用来防止红火蚁躲藏在货物当中, 阻止红火蚁的扩散。尽管一些红火蚁趋避物质已经被研发出来, 但新型环保经济的红火蚁趋避药剂仍亟待研发。最近对模式昆虫的研究发现, 廉价易得、无毒的驱虫剂具有良好的商业前景 (例如, 邻氨基苯甲酸酯)。**【结果】**在本研究中, 我们测量了食品添加剂邻氨基苯甲酸乙酯和邻氨基苯甲酸丁酯对火蚁工蚁筑巢的驱避效果, 结果表明极低浓度的这些化合物即可以防止红火蚁在花盆中筑巢。测试的化合物在低于 100 $\mu\text{L/L}$ 的浓度下仍能保持活性, 这比任何其他已应用的药剂 (包括驱虫剂 DEET) 的最低活性浓度低许多倍。**【结论】**这些廉价的化学品已被食品 and 化妆品行业安全的使用, 其高效性将最有希望用于防止红火蚁传播; 因此, 应对这两种物质进行进一步的应用探索。

关键词: IPM, 生物源农药, 流浪蚁, 生物入侵

*基金项目: 国家重点研发专项 (2016YC1201200)

**通讯作者, E-mail: xuyijuan@yahoo.com

油茶叶片吸引广西灰象的活性物质筛选及鉴定

邱华龙 练 涛 徐金柱 赵丹阳 田龙艳 杨 华 秦长生*

(广东省森林培育与保护利用重点实验室/广东省林业科学研究院, 广东广州 510520)

广西灰象 *Sympiezomias velatus* 是油茶上的一种重要害虫, 该虫主要危害油茶的幼嫩枝叶和果实。目前主要依赖化学农药对其进行防治, 而采用信息素引诱剂防治广西灰象方面的研究尚未见报道。本研究通过 Y 型嗅觉仪测定了广西灰象成虫对油茶叶片和果实的选择行为, 结果表明油茶叶片对广西灰象具有显著的吸引作用, 其中嫩叶的吸引作用最强, 老叶和油茶果对广西灰象的吸引作用无显著差异。利用气象色谱-质谱联用仪 (GC-MS) 和气象色谱-触角电位联用仪 (GC-EAD) 筛选鉴定油茶叶片对广西灰象产生触角电生理反应的主要活性成份, 结果表明, 在油茶叶片中共检测到了 29 种挥发物。能引起广西灰象产生触角电生理反应的活性物质主要有三种, 分别为十八醛、1, 19-二十碳二烯和顺-9-二十三碳烯, 这三种活性物质对广西灰象的趋避性及野外诱捕实验将在接下来的研究中展开。本研究的结果将为广西灰象引诱剂的开发提供重要理论依据。

关键词: 害虫防治, 植物挥发物, 信息素, 柑橘灰象

*通讯作者, E-mail: 919824595@qq.com

臭虫的推拉防治策略

王德森* 夏艳卫 张竟声 何余容

(华南农业大学农学院昆虫学系, 广东广州 510642)

臭虫是强制性吸血昆虫, 以取食人和动物的血液为生。人体被叮咬后会出现红斑状丘疹或水疱, 严重时会导致人产生过敏性休克, 臭虫的发生已严重影响到了人们的睡眠质量和正常生活。第二次世界大战以后, 随着化学农药的应用, 臭虫已经在世界多数地区销声匿迹了。然而, 从上世纪九十年代开始, 臭虫在世界范围内出现了再爆发。在过去的二十年间, 该虫在我国发生的范围及危害程度日益加重。目前, 臭虫的主要防治方法为化学防治, 由于该虫主要躲藏在人们居住的床铺、沙发的缝隙中, 过度使用杀虫剂会导致抗药性的产生, 还会对人身安全构成极大的威胁, 而实施综合防治被认为是消灭臭虫最佳的方案。作为臭虫综合防治策略的一部分, 推拉防治策略具有重要的应用价值。本文综述了臭虫推拉防治策略中有关驱避剂、寄主信号物质 (CO_2 、热量、化学引诱剂)、以及聚集信息素研究及应用的报道, 并对该策略在臭虫防治过程中的应用前景进行分析, 以期对臭虫的综合防治提供参考。在臭虫驱避剂的研究方面, 研究人员正致力于寻找 DEET 的替代品方面。结果显示, 与 DEET 相比, 3-methyl-5-hexyl-2-cyclohexanone、propyl dihydrojasmonate、 γ -methyl tridecalactone、Oregano oil、Ethyl anthranilate、Butyl anthranilate、和椰子油提取物对臭虫同样具有很好的驱避效果。而关于臭虫引诱剂的研究方面, 研究多集中于探讨寄主信号物质对臭虫的吸引效果。相比之下, CO_2 对于臭虫具有较强的引诱效果, 且诱捕率与 CO_2 的释放速率之间存在正相关关系。此外, 近十年间, 有关臭虫的聚集信息素研究取得了突破性进展, 研究人员发现, 聚集信息素存在于臭虫的粪便和蜕下的皮中, 而感知聚集信息素的感受器位于触角的梗节上。进一步的研究证实温带臭虫的聚集信息素包括: dimethyl disulfide、2-hexanone、(E)-2-hexenal、dimethyl trisulfide、(E)-2-octenal、histamine 等 6 种物质, 并且从室内和实地实验的结果可以看出, 臭虫聚集信息素在该虫的防治过程中具有广阔的应用前景。

关键词: 臭虫, 推拉防治, 驱避剂, 引诱剂, 聚集信息素

*通讯作者, E-mail: desen@scau.edu.cn

肠道菌溶剂对蛋白饵剂防治橘小实蝇雌虫的增效作用研究

林 嘉¹ 丁文沙² 张贺贺¹ 蔡普默¹ 敖国富¹ 花若晗¹
刘旭祥¹ 陈 湜¹ 季清娥^{1*} 陈家骅¹

(1. 福建农林大学益虫研究所/联合国(中国)实蝇防控研究中心, 福建福州 350002;

2. 福建农林大学林学院, 福建福州 350002)

蛋白饵剂是一种实蝇引诱剂, 具有对环境友好以及引诱两性实蝇的优点, 其主要根据橘小实蝇成虫需要取食足量的蛋白从而满足生长发育的特点, 利用能释放强烈蛋白气味的物质对实蝇进行引诱。为了有效地控制实蝇种群数量, 蛋白饵剂需要满足实蝇的味觉以及嗅觉偏好, 从而引诱更多的靶标昆虫并保证它们取食足量混有农药的蛋白饵剂。实蝇肠道共生菌在寄主生长发育、营养代谢、生殖免疫以及生物防治等方面都发挥着巨大作用。最近有许多研究报道, 肠道微生物对其实蝇寄主具有显著的引诱作用, 并且部分肠道菌对其寄主具有直接或间接的致病作用。因此, 本研究测试了橘小实蝇雌虫对其肠道微生物的嗅觉行为反应, 筛选出若干肠道菌作为溶剂溶解蛋白饵剂(啤酒废酵母, *Prima*, 圆酵母), 并进一步研究了肠道菌溶剂对于橘小实蝇雌虫的作用。结果表明, 发酵原液 *E. cloacae* (F8)、*Enterobacter* sp. (F13)、*K. aerogenes* (F26)、*E. hormaechei* (F67) 以及高压灭活上清液 *E. cloacae* (F8)、*K. pneumoniae* (F10)、*P. anthropi* (F16)、*E. faecalis* (F18)、*A. hermannii* (F31)、*B. cerus* (F45)、*P. aeruginosa* (F50)、*E. cloacae* (F59) 对橘小实蝇雌虫具有显著的引诱效果, 当啤酒废酵母被肠道菌溶剂 1、肠道菌溶剂 2, 溶解, 以及当 *Prima* 被肠道菌溶剂 1 溶解时, 均引诱到最多数量的橘小实蝇雌虫。此外, 当将橘小实蝇雌虫浸没于肠道菌溶剂 1、肠道菌溶剂 2 时, 其死亡时间均显著低于对照组。

关键词: 蛋白饵剂, 橘小实蝇雌虫, 引诱, 肠道菌溶剂, 浸没

*通讯作者

球孢白僵菌组蛋白 H3-K56 位点乙酰化对其生防潜能的影响*

蔡 青¹ 冯明光^{2**}

(1. 华中农业大学, 农业微生物学国家重点实验室, 湖北武汉 430070; 2. 浙江大学, 浙江杭州 310058)

球孢白僵菌 (*Beauveria bassiana*) 是一类被广泛应用于农林害虫生物防治的昆虫病原丝状真菌, 具有寄主范围广、可持续作用、环境友好和易于人工生产等优点, 已被开发成为真菌杀虫剂, 在生物防治中受到广泛关注。组蛋白 H3 第 56 位点赖氨酸的乙酰化 (H3-K56ac) 与 DNA 复制时新合成 H3 分子整合到基因组和 DNA 损伤修复后的染色质组装等过程密切相关, 对生物体内 DNA 损伤修复和节点激活至关重要。本文通过对球孢白僵菌组蛋白 H3-K56 位点进行定点突变, 即将赖氨酸 (K) 突变为精氨酸 (R) 以模拟乙酰化失活状态, 或将赖氨酸 (K) 突变为谷氨酰胺 (Q) 以模拟高度乙酰化状态, 并将这些点突变菌株与野生型一道用于多重表型测定, 以揭示组蛋白 H3-K56 位点乙酰化修饰在球孢白僵菌产孢、多胁迫应答和毒力等方面的作用。本文的研究发现, H3-K56 位点的乙酰化不足或过度状态都会导致球孢白僵菌分生孢子对 DNA 损伤胁迫剂的耐受能力和基因组稳定性的下降。此外, 这两种状态下的分生孢子对氧化、细胞壁干扰剂、高渗、热激和紫外线等胁迫条件的耐受能力也在不同程度上发生了下降。尤为重要的是, H3-K56 位点的乙酰化不足或过度状态都会导致球孢白僵菌对大蜡螟幼虫的毒力大幅下降, 且以 H3-K56 位点的乙酰化不足状态更甚。综上所述, H3-K56 位点的乙酰化平衡对球孢白僵菌基因组稳定性、分生孢子的多胁迫耐受能力和致病力等方面至关重要, 是关系其生防潜能的关键位点。

关键词: 丝状真菌, 组蛋白 H3-K56 乙酰化, DNA 损伤修复, 多胁迫耐受, 生防潜能

*基金项目: 华中农业大学自主创新基金 (2662018QD063); 国家自然科学基金项目 (31772218); 国家重点研发课题 (2017YFD0201202)

**通讯作者, E-mail: mgfeng@zju.edu.cn

球孢白僵菌应用于蚊媒防控的研究*

邓胜群 陈嘉婷 彭鸿娟**

(南方医科大学公共卫生学院病原生物学系, 广东省热带病研究重点实验室, 广东广州 510515)

媒介化学防制由于其突出的效果在蚊媒防制中一度占有统治地位,但是随着传统上的化学防制所造成严重的环境污染,易引起蚊虫抗药性产生等弊端的日益显现,蚊虫的生物防制愈来愈受到人们的青睐。昆虫致病性真菌球孢白僵菌被证实对成蚊和幼虫有一定的杀灭作用,是一种环境友好型的生物杀虫剂。寨卡病毒病是一种重要的蚊媒传染病,主要通过受感染的伊蚊(埃及伊蚊或白纹伊蚊)叮咬人进行传播,能引起格林巴氏综合征和新生儿小头症,由于缺乏有效的疫苗和治疗药物,蚊媒的防控显得尤为重要。我们将球孢白僵菌应用于寨卡病毒的防控,比较了感染真菌和未感染真菌的白纹伊蚊对于寨卡病毒媒介效能的变化。我们发现球孢白僵菌感染显著缩短蚊虫的存活时间、降低了蚊虫中肠,头部和唾液腺的寨卡病毒复制率,延长了蚊虫的第一个生殖营养周期,降低了蚊虫的产卵量。该研究表明,白僵菌感染不仅可以有效控制蚊虫的数量,还可以抑制存活蚊子中寨卡病毒的复制能力,具有很好的应用前景。然而,相对于化学农药而言,球孢白僵菌较低的毒力阻碍了其广泛应用。为了提高球孢白僵菌杀灭蚊虫的功效,我们将被证实对昆虫有显著、特异性毒力的苏云金杆菌毒素 Cyt2Ba 的基因重组到白僵菌的基因组中。评估了野生型白僵菌和表达 Cyt2Ba 毒素的重组白僵菌(Bb-Cyt2Ba)对伊蚊(埃及伊蚊和白纹伊蚊)成蚊和幼虫的毒力。结果证明导入外源毒力基因 Cyt2Ba 的重组白僵菌 Bb-Cyt2Ba 对伊蚊幼虫和成蚊的毒性显著增强,作用时间显著减少,并有效降低其繁殖能力,对于商业开发作为一种有效生物灭蚊剂具有很大价值。

关键词: 球孢白僵菌, 寨卡病毒, 媒介效能, Cyt2Ba, 白纹伊蚊, 埃及伊蚊

*基金资助: 国家自然科学基金面上项目(81572012, 81772217, 20180907); 国家重点研发项目(2017YFD0500400); 广东省自然科学基金重点与面上项目(2016A030311025; 2017A030313694); 广东省科技计划项目(2018A050506038); 广州市健康医疗协同创新重大专项(201604020011)

**通讯作者, E-mail: hongjuan@smu.edu.cn

Wolbachia* 影响松毛虫赤眼蜂过寄生行为的初步研究

周金成 刘诗萌 董 辉**

(沈阳农业大学植物保护学院, 辽宁沈阳 110866)

赤眼蜂 *Trichogramma* spp. 是一种广泛应用于防治鳞翅目害虫的卵期寄生蜂。胞内共生菌 *Wolbachia* 侵染的赤眼蜂可被诱导发生孤雌产雌生殖现象。*Wolbachia* 不仅可以改变宿主赤眼蜂的生殖表型, 还可能影响宿主的寄生行为。当雌蜂再次寄生已被寄生的寄主卵, 即发生过寄生现象时, *Wolbachia* 可以在被过寄生的寄主卵内实现在赤眼蜂个体间水平传播。本研究以感染 *Wolbachia* 的松毛虫赤眼蜂孤雌产雌品系(孤雌品系)为例, 以未感染 *Wolbachia* 的两性生殖品系(两性品系)为对照, 通过行为学试验和成虫转录组数据两方面证据, 以明确 *Wolbachia* 是否可以通过操纵宿主赤眼蜂的寄生行为来促进其在赤眼蜂子代个体间的水平传播。研究发现: ①相对于两性品系雌蜂, 孤雌品系雌蜂表现过寄生行为的频率更高。②孤雌品系雌蜂对寄主卵质量的识别能力显著低于两性品系雌蜂。③在过寄生寄主体内, *Wolbachia* 可以实现从孤雌品系子代向两性品系子代的低概率水平传播。④转录组数据分析结果表明, 两种品系雌蜂成虫在神经及内分泌系统、免疫系统等相关代谢通路表现出显著的表达差异。研究结果说明 *Wolbachia* 不仅可以影响宿主赤眼蜂的生殖表型, 也可以通过影响宿主的寄生行为来促进其在宿主个体间水平传播, 关于 *Wolbachia* 操控宿主寄生行为的分子机制尚需进一步深入研究。

关键词: 卵寄生蜂, 胞内共生菌, 水平传播, 寄主识别

*基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFD0201000)

**通讯作者, E-mail: biocontrol@163.com

六斑月瓢虫和龟纹瓢虫对柑橘木虱捕食效能的研究*

周军辉 李鹏雷 郑卉娜 黄 建 王竹红**

(福建农林大学植物保护学院, 福建福州 350002)

柑橘木虱 *Diaphorina citri* (Kuwayama) 是柑橘黄龙病的重要传播媒介, 给柑橘产业造成了巨大的经济损失。因此, 探究捕食性瓢虫对柑橘木虱的捕食效能具有重要意义。本文在实验室条件下分别开展了六斑月瓢虫 *Menochilus sexmaculata* (Fabricius) 和龟纹瓢虫 *Propylaea japonica* (Thunberg) 对柑橘木虱 5 龄若虫的捕食效能研究。试验结果表明, 随猎物密度的增加, 六斑月瓢虫成虫对柑橘木虱 5 龄若虫的日均捕食量先增加后降低; 而 3 龄和 4 龄幼虫日均捕食量随猎物密度的增加而增大。在猎物密度分别为 30 和 150 头/皿时, 六斑月瓢虫各虫态的日均捕食量间差异不显著; 在猎物密度为 60 头/皿时, 六斑月瓢虫 4 龄幼虫与 3 龄幼虫的日均捕食量间差异显著; 随猎物密度增加, 同一龄期六斑月瓢虫的日均捕食量差异变化较大。龟纹瓢虫 1、2、3、4 龄幼虫对柑橘木虱 5 龄若虫的日均捕食量随猎物密度的增加而增大; 但成虫对柑橘木虱若虫的日均捕食量先增加后减少。六斑月瓢虫和龟纹瓢虫对柑橘木虱 5 龄若虫的捕食功能反应均能较好的拟合 Holling II 型圆盘方程, 六斑月瓢虫成虫、4 龄和 3 龄幼虫的瞬时攻击率分别为 0.990、0.916 和 0.455; 处理时间分别为 0.02、0.01 和 0.03 d; 龟纹瓢虫 1、2、3、4 龄幼虫和成虫的瞬时攻击率分别为 0.2838、0.5491、0.2325、0.5956 和 0.4437; 处理时间分别为 0.054、0.082、0.012、0.009 和 0.004 d; 六斑月瓢虫和龟纹瓢虫对柑橘木虱的搜寻效应均随着猎物密度的升高而下降。在猎物密度一定的条件下, 六斑月瓢虫成虫和龟纹瓢虫成虫的捕食率均随其自身密度的升高而下降, 说明两种瓢虫均存在较强的种内干扰作用。

关键词: 柑橘木虱, 六斑月瓢虫, 龟纹瓢虫, 捕食效能, Holling II 圆盘方程, 搜寻效应

*基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFD0201000; 2017YFE0104900)

**通讯作者, E-mail: wzuhong@126.com

两种昆虫病原线虫共生菌杀虫活性研究*

肖建飞 韩岚岚 赵奎军** 郝子茹 高丽瞳 陈 娟

(东北农业大学农学院, 黑龙江哈尔滨 150030)

【目的】 本实验研究了从采自海林本地的海林斯氏线虫 (*Steinernema litorale*) 和拟双角斯氏线虫 (*Steinernema ceratophorum*) 中分离鉴定的共生菌 *Xenorhabdus bovinei* 和 *Xenorhabdus Budapestensis* 发酵液的杀虫活性。**【方法】** 对大蜡螟 *Galleria mellonell*、玉米螟 *Ostrinia nubilalis* 和小菜蛾 *Plutella xylostella* 通过注射法与喂食法来进行杀虫活性的研究, 并测定致死率和大蜡螟血淋巴相关解毒酶活性。**【结果】** *X. bovinei* 菌株 48 h 小菜蛾 3 龄幼虫的致死率最高, 为 100%, 明显高于 *X. Budapestensis* 菌株对小菜蛾的致死率; *X. bovinei* 菌株和 *X. Budapestensis* 菌株对玉米螟 3 龄幼虫的致死率均较低, 分别为 52.18% 和 55.28%。 *X. bovinei* 和 *X. Budapestensis* 菌株培养 48 h 的无菌滤液注射大蜡螟末龄幼虫, 幼虫血淋巴蛋白含量无显著变化, 但是血糖含量急剧下降, 显著低于 CK 对照组。在注射后 4-20 h, 两株菌株对羧酸酯酶和乙酰胆碱酯酶的激活作用显著 ($P < 0.05$), 活性随注射时间增加而增高; 但是, 对多酚氧化酶显示出较高的抑制作用, 注射后的试虫体内多酚氧化酶的活性显著低于 CK 对照组 ($P < 0.05$)。**【结论】** *X. bovinei* 菌株对小菜蛾防治效果较好, 可作为新型生物防治制剂研发利用, 且通过测定酶活可知, 线虫共生菌通过抑制寄主多酚氧化酶的活性来阻止寄主血细胞的黑化过程。

关键词: 昆虫病原线虫共生菌, 杀虫活性, 能源物质, 酶活

*基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项资金 (CARS-04); 天敌昆虫防控技术及产品研发 2017YFD0201000

**通讯作者, E-mail: kjzhao@163.com

我国白纹伊蚊（双翅目：蚊科）种群空间遗传结构模式

魏 勇 王佳甜 宋璋瑶 何玉兰 郑梓豪 范培杨 杨荫子

周国发 钟代斌 郑学礼*

（南方医科大学，广东广州 510515）

【目的】白纹伊蚊是多种虫媒病毒的媒介，包括登革热，寨卡病毒和基孔肯雅病毒等。了解白纹伊蚊种群空间遗传结构，迁移和基因流有助于预防和控制媒介传播疾病。本文主要研究中国白纹伊蚊的空间遗传结构模式，以及其遗传特征与登革热发病率之间的关系。**【方法】**2016—2018 年，在中国 34 个地理位点通过人诱法收集白纹伊蚊雌蚊。利用 13 个微卫星标记检测白纹伊蚊遗传多样性，种群结构和基因流；以及分析群体遗传指标与登革热发病率之间的相关性。**【结果】**1 023 只白纹伊蚊的 13 个微卫星位点共检测出 153 个不同的等位基因。微卫星位点均具有多态性，其等位基因数变化范围为 8~16。遗传指标如多态信息含量（PIC），杂合度，等位基因丰度和固定指数（ F_{ST} ）揭示了高度多态性，较高的遗传多样性和较低的种群遗传分化。另外，贝叶斯种群结构分析显示中国南-西部和中-东-北部地区划分为两个不同的遗传群体。Mantel 检验表明遗传距离与地理距离呈正相关（ $R^2 = 0.321$ ， $P < 0.001$ ）。UPGMA 聚类，STRUCTURE 分析，主坐标成分分析（PCoA）和景观遗传分析（GLS）表明中国白纹伊蚊种群呈区域性聚集，种群间的基因流较高。我们检测到中国白纹伊蚊的种群遗传指标，如等位基因丰度（ $r = 0.512$ ， $P < 0.025$ ）、私有等位基因丰度（ $r = 0.510$ ， $P < 0.026$ ），与经对数转换后的登革热发病率之间存在正相关。**【结论】**人类活动协助的强基因流抑制白纹伊蚊种群的分化，促进了种群遗传多样性。这可能预示着蚊媒传播疾病迅速蔓延的潜在风险。白纹伊蚊种群空间遗传结构，以及种群遗传指标与登革热发病率之间的关联，可能对蚊媒传播疾病的流行病学研究，预防和控制具有重要意义。

关键词：白纹伊蚊，微卫星位点，遗传多样性，种群遗传结构，基因流，登革热

*通讯作者

烟蚜茧蜂种群复壮技术的研究*

谢应强 向 梅 李玉艳 张礼生^{1**} 艾洪木^{2**}

(1. 中国农业科学院植物保护研究所, 农业部作物有害生物综合治理重点实验室, 中美生物防治实验室
北京 100139; 2. 福建农林大学植物保护学院, 闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室,
福建福州 350002)

桃蚜 *Myzus persicae* 也叫烟蚜, 广泛分布在我国南北方烟区, 在整个烟草的生长期均有发生, 不仅刺食烟叶营养, 分泌蜜露诱导煤污病, 直接造成烟叶的质量和产量的下降, 还可传播烟草病原物, 引发其它虫传烟草病害和多种病毒病的发生和流行, 导致烟叶的产量和质量下降。烟蚜茧蜂 *Aphidius gifuensis* 是烟蚜重要的内寄生天敌, 对烟蚜有很强的防控能力, 近 20 年, 我国烟蚜茧蜂大内大棚中多代扩繁中发现烟蚜茧蜂存在扩繁速率下降、烟蚜茧蜂体型变小、活动能力下降、规模扩繁技术日臻成熟, 以其防控农作物蚜虫的生产应用也取得显著成效。但在室降等现象, 导致烟蚜茧蜂扩繁基地的产量降低, 烟蚜茧蜂的繁殖力、生活力和防控力下降, 达不到预期的防治效果。在实验室前期的烟蚜茧蜂种群退化规律的研究实验中, 我们证实了烟蚜茧蜂在续带饲养中存在着显著的种群退化现象, 且在续带饲养 7 代后退化特征明显, 生产上需适时采取复壮措施。为给在烟蚜茧蜂实际生产中的种群退化现状提供一种科学、高效的技术解决方案, 本研究在实验室条件下模拟烟蚜茧蜂扩繁基地的环境, 以河北地区烟蚜茧蜂的退化种群为实验种群, 对退化种群进行异地杂交复壮、营养复壮、提纯复壮等复壮措施, 测定了不同复壮组合的单雌僵蚜量、羽化率、性比、成虫寿命、成虫胫节长度等生物学指标。同时通过转录组学测序, 测定并分析烟蚜茧蜂退化种群和复壮后种群的种群差异及其基因功能。已有的实验结果表明: 异地种群杂交后烟蚜茧蜂退化种群的各项特征出现了较明显的提升, 特别是繁殖力和寿命的提升最为显著, 实验证实了烟蚜茧蜂的异地种群杂交是一种有效的复壮措施。

关键词: 烟蚜茧蜂, 人工扩繁, 种群复壮, 复壮技术

*基金项目: 国家烟草总公司重大专项 [110201601021 (LS-01)]; 国家重点研发计划项目 (2017YFD0201000); 国家自然科学基金 (31572062)

**通讯作者, 张礼生, 博士, 研究员, E-mail: zhangleesheng@163.com; 艾洪木, 博士, 副教授, E-mail: aihongmu@163.com

吡丙醚、S-烯虫酯对楼宇地下车库集水井中致倦库蚊 幼虫羽化抑制效果比较

刘 杰 李晓宁 江毅民 梁雪莹 陈宗道 罗 雷

(广州市疾病预防控制中心, 广东广州 510440)

【目的】研究吡丙醚颗粒剂、S-烯虫酯颗粒剂、S-烯虫酯悬浮剂 3 种昆虫生长调节剂对楼宇地下车库集水井致倦库蚊 *Culex quinquefasciatus* 幼虫羽化抑制效果, 为蚊虫综合防治提供科学依据。**【方法】**在广州市某小区楼宇地下车库集水井投放吡丙醚颗粒剂、S-烯虫酯颗粒剂、S-烯虫酯悬浮剂控制致倦库蚊, 用勺舀法在投药后 3、7、14、21、28 d 分别采集集水井中幼虫、蛹带回实验室观察羽化情况。**【结果】**投药后 3d 经吡丙醚颗粒剂、S-烯虫酯颗粒剂、S-烯虫酯悬浮剂处理集水井中致倦库蚊幼虫羽化率均明显低于对照集水井中致倦库蚊羽化率 (吡丙醚颗粒剂 $\chi^2=176.41$ 、 $P<0.001$; S-烯虫酯颗粒剂 $\chi^2=13.3$ 、 $P<0.001$; S-烯虫酯悬浮剂 $\chi^2=34.78$), 投吡丙醚颗粒剂处理的集水井中致倦库蚊羽化率从投药后第 3~28 d 采集的幼虫羽化率均明显低于对照; 投 S-烯虫酯颗粒剂处理的集水井中致倦库蚊羽化率从投药后第 3~21 d 采集的幼虫羽化率均明显低于对照; 投 S-烯虫酯悬浮剂处理的集水井中致倦库蚊羽化率从投药后第 3~7 d 采集的幼虫羽化率均明显低于对照 ($P<0.001$)。**【结果】**吡丙醚颗粒剂、S-烯虫酯颗粒剂、S-烯虫酯悬浮剂均能很好地抑制楼宇集水井中致倦库蚊幼虫的羽化率, 达到控制其密度的目的, 其中吡丙醚颗粒剂的控制效果最好, 持续效果可以达到 28 d 以上。

关键词: 吡丙醚颗粒剂, S-烯虫酯颗粒剂, S-烯虫酯悬浮剂, 致倦库蚊

日本食蚧蚜小蜂蛹低温贮藏研究*

陈鹤升^{1, 2} 李 磊² 陈俊谕² 符悦冠² 韩冬银² 朱俊洪^{1**} 张方平^{2**}

(1. 海南大学植物保护学院, 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, 农业农村部热带作物有害生物综合治理重点实验室, 海南海口 571101)

【目的】为了探明日本食蚧蚜小蜂 *Coccophagus japonicus* Compere 的贮藏条件, **【方法】**将 1 日龄、3 日龄的日本食蚧蚜小蜂蛹在 10℃、12℃、14℃条件下贮藏 7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27 d, 观察其羽化率及羽化后的成蜂寿命。**【结果】**日本食蚧蚜小蜂的羽化率随贮藏温度的升高呈上升趋势; 同一温度贮藏相同时间后 3 日龄蛹羽化率均高于 1 日龄蛹。贮藏时间是日本食蚧蚜小蜂蛹存活的重要影响因子, 3 日龄蛹 10℃贮藏 23 d 羽化率达 82.00%、12℃贮藏 27 d 蛹羽化率达 88.00%, 在 14℃贮藏 25 d 后在人工气候箱内就有小蜂羽化。低温贮藏蛹羽化后的成虫蜂寿命随温度的降低而缩短; 14℃贮藏后, 羽化成蜂寿命随贮藏时间增加而显著缩短, 10℃、12℃降低不明显; 10℃贮藏 23 d 后寿命仅为 10.11 d。**【结论】**在 12℃条件下短期贮藏日本食蚧蚜小蜂 3 日龄蛹 21 d 以上对其存活影响不大, 12℃、3 日龄蛹可作为该蜂的贮藏条件。

关键词: 日本食蚧蚜小蜂, 低温贮藏, 羽化率, 寿命

*基金项目: 天然橡胶产业技术体系 (CARS-33-GW-BC2); 热科院基本业务费 (1630042017002), 海南省重点研发项目 (ZDYF2017041)

**通讯作者, E-mail: fangpingz97@163; 5477750@qq.com

日本食蚧蚜小蜂的交配行为及生殖系统观察*

沈顺章^{1,2} 牛黎明¹ 李 贤^{1,2} 符悦冠¹ 陈俊谕¹ 朱俊洪^{2**} 张方平^{1**}

(1. 中国热带农业科学环境与植物保护研究所, 海南海口 571101, 2. 海南大学热带农林学院,
海南海口 570228;)

【目的】 明确日本食蚧蚜小蜂 *Coccophagus japonicus* Compere 的交配行为及其生殖系统构成。**【方法】** 本研究在室内观察了该蜂的交配行为、雄蜂交配能力、雌蜂生殖系统等。**【结果】** 日本食蚧蚜小蜂的交配过程可分为交配前行为、交配、交配后行为 3 个阶段, 整个交配过程平均时间为 76.2 s, 其中, 交配时间为 20.6 s; 小蜂羽化当天即可交配, 雌、雄蜂具有多次交配的习性, 雄蜂的交配能力随其日龄的增加而减弱, 1 日龄的雄蜂交配能力最强, 为 6.3 次/d, 雄蜂一生平均能交配 36.9 次; 雌蜂的生殖系统由 1 对卵巢、1 对侧输卵管、1 条中输卵管、1 个受精囊和外生殖器等组成, 卵巢管数量存在变异, 其中 95.78%雌蜂卵巢具 6 (3+3) 条卵巢管, 2.78%雌蜂卵巢具 5 (3+2) 条卵巢管, 1.22%的雌蜂卵巢具 7 (3+4) 条卵巢管, 0.22%的雌蜂卵巢是具 4 (2+2, 1+3) 条卵巢管, 还有极个别的雌蜂仅有一个卵巢, 由 3 条卵巢管组成。**【结论】** 日本食蚧蚜小蜂有多次交配习性, 卵巢存在一定变异。

关键词: 橡副珠蜡蚧, 日本食蚧蚜小蜂, 交配行为, 生殖系统

*基金项目: 国家重点研发计划 (2018YFD0201100), 天然橡胶产业技术体系 (CARS-33-GW-BC2); 热科院基本业务费 (1630042017002)

**通讯作者, E-mail: fangpingz97@163; E-mail: 5477750@qq.com

橘小实蝇与地中海实蝇全球扩散格局与过程

张 玉 赵紫华*

(中国农业大学植物保护学院, 北京 100193)

全球经济贸易的发展、各国之间愈发频繁的交流、环境的变化以及有害生物自身适应性的增强,使得生物入侵现象更加频繁。实蝇科两大入侵性害虫橘小实蝇与地中海实蝇是全球广泛关注的重要果蔬害虫。橘小实蝇 *Bactrocera dorsalis* (Hendel), 可危害 250 多种果蔬, 全球共有 27 个国家将其列为检疫性有害生物。地中海实蝇 *Ceratitis capitata* (Wiedemann) 可危害近 400 种水果和蔬菜, 全球共有 41 个国家将其列为检疫性有害生物。因此研究橘小实蝇与地中海实蝇空间分布格局及入侵过程对其防治工作以及全球经济的发展具有重要意义。本研究主要通过对分布数据、环境数据及生物学数据等进行分析来阐明橘小实蝇与地中海实蝇当前与未来全球分布格局, 探索这两种实蝇的地理分布特征及入侵过程。橘小实蝇目前已入侵 74 个国家, 主要分布在非洲和亚洲, 其中 6 个国家已经成功铲除。地中海实蝇目前已入侵 97 个国家, 主要分布在非洲、欧洲、亚洲和南美洲, 其中 5 个国家已经成功铲除。

从当前分布可以得出, 两种实蝇在分布上存在差异, 地中海实蝇种群跨越更宽的经度。但同时也存在同域分布区, 如夏威夷, 相关研究证明随后入侵夏威夷的橘小实蝇已成功取代先前入侵的地中海实蝇种群, 成为当地主要入侵性害虫。两种实蝇当前与未来环境下的适生区主要通过 CLIMEX 和 MaxEnt 两种模型进行预测, 并对两种模型预测结果以及两种实蝇当前与未来适生区差异进行分析。同时通过生态位相关模型对生态位进行量化, 从而分析两种实蝇生态位之间的重叠度, 从量的角度来揭示两种实蝇之间的竞争程度。

与此同时研究橘小实蝇与地中海实蝇全球入侵过程, 探究两种实蝇入侵特点以及影响其分布产生差异的主要因素, 描述两种实蝇的种群动态。本研究着力于探究橘小实蝇与地中海实蝇空间分布格局与入侵过程, 为橘小实蝇与地中海实蝇种群动态变化以及种群间相互作用研究提供基础, 同时为两种实蝇全球防治工作提供重要依据。

关键词: 橘小实蝇, 地中海实蝇, CLIMEX, MaxEnt, ArcGIS, 生态位, 种群扩散

*通讯作者, E-mail: zhzhao@cau.edu.cn

外来入侵害虫的全球地理分布研究

王雁楠 赵紫华*

(中国农业大学植物保护学院植检系, 北京 100193)

全球经济一体化的发展为生物入侵创造了有利条件,生物入侵是造成全球生物多样性丧失的第二大因素,对经济、生态和社会产生了巨大影响。进行外来入侵物种调查和研究是预防和控制外来入侵害虫的基础工作之一。

利用大数据分析进行外来入侵害虫全球地理分布研究对提高人类防治入侵生物的能力至关重要。为此,我们利用全球入侵种资料库(GISD)收集物种分类、分布、入侵途径与生态系统等信息,并结合国际应用生物科学中心(CABI)数据库、中英文图书与文献等资料进行数据的整理。按照世界动物地理区系将全球分为古北界、东洋界、埃塞俄比亚界、澳新界、新北界、新热带界、南极界7个地区,统计分析不同地区之间物种数量与组成,利用ArcGIS等绘制地区间入侵害虫分布格局图并构建地区物种交换关系图,直观展现物种分布的差异性与各自特性,找出物种交流的主要地区并结合已有数据与知识进行解释。采用聚类分析和非度量多维尺度(NMDS)分析有害生物集群的相似性,并利用主成分分析找出影响入侵的主要因素。对于国家间的比较,重点关注中国生物入侵情况。找到中国外来入侵害虫的来源,并绘制出地理分布格局。依据2018年中国进出口贸易额,选出前十位主要贸易国家(包括欧盟、美国、日本、东盟、韩国、澳大利亚、巴西、俄罗斯、德国、印度),通过聚类分析等方法比较我国与这些国家在外来入侵害虫种类组成、入侵途径等方面的相似性与差异性。

本研究通过对现有数据的整合能进一步明确外来入侵害虫的分布模式,探索入侵害虫发生规律,能在未来进行入侵物种风险评估、制定防止外来物种引进和传播的政策、设计早期预测和快速反应方案上发挥作用。

关键词: 外来入侵害虫, 地理分布, 数据分析

*通讯作者, E-mail: zhzhao@cau.edu.cn

共生微生物帮助本地蚂蚁适应入侵种的竞争压力*

程代凤^{1**} 陈思琪^{1**} 黄煜权^{1**} Naomi E. Pierce² Markus Riegler³

杨帆¹ 曾玲¹ 陆永跃¹ 梁广文¹ 许益镌^{1***}

(1. 华南农业大学昆虫系, 广东广州 510642; 2. 哈佛大学有机与进化生物学系, 美国剑桥 02138;

3. 西悉尼大学霍克斯伯里环境研究所, 澳大利亚新南威尔士州彭里斯 2751)

【目的】外来入侵物种对本地物种的行为和生态具有重要影响,但这些变化经常被人们忽视。**【方法】**本研究假设黑头酸臭蚁 *Tapinoma melanocephalum* 的营养位置和共生微生物群的变化导致了该蚂蚁在红火蚁 *Solenopsis invicta* 入侵地区的竞争行为变化。并通过行为学观察,同位素分析以及细菌丰度检测来验证该假设。**【结果】**本研究证实在面对红火蚁工蚁时,来自红火蚁入侵地区的黑头酸臭蚁工蚁攻击性比非入侵地更低。氮同位素分析表明,非入侵地黑头酸臭蚁偏好取食富含碳水化合物的食物,而入侵地黑头酸臭蚁偏好取食富含蛋白质的食物。蚂蚁肠道微生物多样性分析表明,红火蚁入侵地黑头酸臭蚁肠道菌中 *Wolbachia* (可能在维生素 B 供应中起作用) 丰度更高,而来自非红火蚁入侵地的黑头酸臭蚁工蚁肠道中可能与糖代谢有关的菌 *Bacillales*、*Lactobacillales* 和 *Enterobacteriales* 丰度更高。进一步试验证明,对来自红火蚁入侵地的黑头酸臭蚁饲喂富含碳水化合物的食物,其肠道微生物中与维生素 B 供应相关的细菌丰度下降。而对非入侵地的黑头酸臭蚁饲喂富含蛋白质化合物,其肠道菌群中与维生素 B 供应相关的细菌丰度则会上升。**【结论】**在生物入侵产生的种间竞争中,共生微生物可以通过过渡宿主行为来帮助宿主适应新的竞争环境。

关键词: 微生物, 种间相互作用, 生物入侵

*基金项目: 国家自然科学基金 (31772228, 31601693); 广东省优秀青年教师培养计划 (Yq2013031)

**第一作者, E-mail: chengdaifeng@scau.edu.cn

***通讯作者, E-mail: xuyijuan@yahoo.com

入侵蚂蚁和本地蚂蚁竞争机制:从行为到营养生态位*

聂 蕾^{1**} 倪美红^{1**} 宁冬冬¹ 冉 浩² Babar HASSAN^{1***} 许益镌^{1***}

(1. 华南农业大学昆虫系, 广东广州 510642; 2. 广西师范大学教育部珍稀濒危物种与环境保护生态重点实验室, 广西桂林 5411004)

【目的】新环境中, 入侵蚂蚁会在与本地蚂蚁和先前传入的蚂蚁形成互作关系。它们对本地物种的影响可能存在差异, 可能影响这些差异的机制值得我们研究。**【方法】**通过对蚂蚁个体速度、个体攻击和群体攻击能力的测定, 来检测红火蚁 *Solenopsis invicta* 与一种本地蚂蚁和另四种入侵蚂蚁之间的相互作用。同时, 我们测定了红火蚁毒液对其它几种蚂蚁的致死效果, 并通过测定稳定同位素 ($\delta^{15}\text{N}$) 推断蚂蚁的营养生态位差异。**【结果】**结果发现, 红火蚁速度显著低于细足捷蚁 *Anoplolepis gracilipes*, 与其他蚂蚁速度差异不显著。在蚂蚁个体攻击指数测定中, 红火蚁和入侵蚁热带火蚁 *Solenopsis geminata* (2.83 ± 0.11) 以及本地蚂蚁伊大头蚁 *Pheidole yeensis* (2.37 ± 0.15) 的攻击指数最高, 细足捷蚁 (2.05 ± 0.15) 其次。在群体攻击能力测定中, 红火蚁工蚁对四种本地蚂蚁具有非常强的攻击性, 并导致了很高的死亡率: 伊大头蚁 (98%) 和热带火蚁 (80%) 最高, 其次是黑头酸臭蚁 *Tapinoma melanocephalum* (66%)。然而, 另一种入侵的蚂蚁-细足捷蚁, 具有非常强的攻击性并杀死了62%的红火蚁。红火蚁的毒液对黑头酸臭蚁产生了较高的死亡率 ($61.68\% \pm 8.62\%$) 但与细足捷蚁和热带火蚁的没有显著差异。在营养分析中, 红火蚁占领了比本地蚂蚁和两种引入蚂蚁更高的营养位置, 但与入侵蚂蚁热带火蚁和长角立毛蚁 *Paratrechina longicornis* 具有相似的营养位置。**【结论】**这些结果表明, 入侵蚂蚁和本地蚂蚁之间的行为和营养相互作用差异可能促进某些物种的共存, 而热带火蚁最有可能被红火蚁取代。

关键词: 红火蚁, 本地蚂蚁, 攻击行为, 毒液毒性, 营养位置

*基金项目: 国家自然科学基金 (31772228)

**第一作者, E-mail: 631445836@qq.com

***通讯作者, E-mail: xuyijuan@yahoo.com

番石榴果实蝇复合检疫熏蒸技术初探*

张相敏^{1,2} 李 丽² 李柏树² 赵卿颖^{1,2} 张俊争^{1**} 刘 涛^{2**}

(1. 中国农业大学, 北京 100094; 2. 中国检验检疫科学研究院, 北京 100025)

番石榴果实蝇 *Bactrocera correcta* Bezzi 是我国进境检疫性有害生物, 随着我国进出口水果贸易发展, 该实蝇的口岸截获批次也大幅增加。检疫处理是防范有害生物跨境传播的有效手段, 其中溴甲烷 (Methyl Bromide, MB) 熏蒸是最为常用的处理措施。然而, 一方面, 溴甲烷是大气臭氧层耗减物质, 应尽量减少使用; 另一方面, 多种番石榴果实蝇的寄主水果对溴甲烷较为敏感, 熏蒸后易丧失商品价值。为了保证熏蒸效果的同时, 尽量减少溴甲烷的使用, 本文对溴甲烷和磷化氢 (Phosphine, PH₃) 两种常用熏蒸剂的复合熏蒸效果进行了初步研究。在21 °C下, 对番石榴果实蝇三龄幼虫分别使用6 g/m³ MB熏蒸3 h、350 ppm PH₃熏蒸6 h、6 g/m³ MB与350 ppm PH₃同时熏蒸3 h、350 ppm PH₃单独熏蒸3 h后再施加6 g/m³ MB同时熏蒸3 h, 并测定它们的呼吸强度。结果显示, 在21 °C下, 各处理组番石榴果实蝇的死亡率分别为0.44 %、0.80 %、61.33 %、87.56 %, 表明溴甲烷和磷化氢混合熏蒸均具有较好的增效, 先PH₃单独熏蒸后加入MB同时熏蒸的复合处理方式对番石榴果实蝇有着更好的杀灭效果。各处理组的呼吸强度分别为对照组的91.88%、68.43%、149.98%、164.22%, 表明溴甲烷单独熏蒸、磷化氢单独熏蒸都抑制了番石榴果实蝇的呼吸, 而溴甲烷与磷化氢的两种复合熏蒸方式均增强了番石榴果实蝇的呼吸, 先PH₃单独熏蒸后加入MB同时熏蒸的复合熏蒸方式对番石榴果实蝇的呼吸有着更高层次的增强效果, 说明溴甲烷与磷化氢的复合熏蒸可能是通过增大害虫的呼吸强度进而增加药剂吸入, 从而增强了毒害作用。本研究为口岸熏蒸检疫处理提供了新的思路, 最佳检疫熏蒸处理指标和对寄主水果的影响还有待进一步研究。

关键词: 番石榴果实蝇, 溴甲烷, 磷化氢, 复合熏蒸, 呼吸强度

*基金项目: 国家“十三五”重点研发计划项目 (2017YFF0210204) “跨境生物及农产品控制、无害化和再利用新技术研究”

**通讯作者, E-mail: zhangjz@cau.edu.cn; liut@caiq.gov.cn

中国入侵实蝇

王在凌^{1,2} 徐 婧¹ 张润志^{1,2*}

(1. 中国科学院动物研究所, 北京 100101; 2. 中国科学院大学, 北京 100049)

实蝇是重要的蔬菜瓜果害虫, 具有重要的经济意义。本文全面概述中国入侵实蝇(5种果实蝇属 *Bactrocera*: 番石榴实蝇 *Bactrocera correcta* (Bezzi)、桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* (Hendel)、蜜柑大实蝇 *Bactrocera tsuneonis*、黑颜面实蝇 *Bactrocera vultus* (Hardy) 和瓜实蝇 *Bactrocera cucurbitae* (Coquillett) 和 1 种呋实蝇属 *Carpomya*: 枣实蝇 *Carpomya vesuviana* (Costa)) 的寄主植物、原产地、首次发现时间、入侵地、国内外分布、入侵途径、发生规律和危害情况, 同时根据全球检疫性实蝇的分布情况为实蝇的检疫提供帮助。桔小实蝇、瓜实蝇和番石榴实蝇为多食性昆虫, 分别危害 305 种、61 种和 32 种寄主植物, 枣实蝇、蜜柑大实蝇和黑颜面实蝇是寡食性昆虫, 只危害同属植物; 入侵实蝇的原产地是中国的邻国日本、印度和泰国, 最早发现地是中国的沿海和沿边省份; 桔小实蝇、瓜实蝇和枣实蝇分别在全球 83、58 和 17 个国家均有发生, 而蜜柑大实蝇、黑颜面实蝇和番石榴实蝇只入侵原产地周边的些许国家; 桔小实蝇和瓜实蝇分别在我国南部的 15 和 9 个省份均有发生, 并具有往北部扩散的趋势, 而番石榴实蝇、枣实蝇和蜜柑大实蝇只在种植该实蝇寄主的省份分布; 实蝇成虫具有短距离飞行扩散能力, 桔小实蝇和瓜实蝇最长飞行距离分别为 5.74 和 3.192 km, 但长距离运输蛆果是实蝇远距离扩散和入侵的重要途径; 实蝇成虫将卵产于果实表皮, 造成果实提前脱落, 在防治不及时的情况下, 危害率可达 100%。加强检疫和管理是防治实蝇入侵和扩散的重要手段, 同时也需要实蝇科研工作者进一步对世界上重大检疫实蝇的入侵风险评估、防控对策、分子鉴定和快速检测方法进行研究。

关键词: 实蝇科, 生物入侵, 分布范围

*通讯作者, E-mail: zhangrz@ioz.ac.cn

CYP4DE1、*CYP6AY1v2*、*CYP353D1* 和 *CYP439A1* 贡献毒死蜱和吡虫啉混配对褐飞虱的协同增效作用*

徐 鹿¹ 孙 杨² 罗光华¹ 徐德进¹ 徐广春¹ 黄水金²
韩召军³ 顾中言¹ 张亚楠⁴

(1. 江苏省农业科学院植物保护研究所, 江苏南京 210014; 2. 江西省农业科学院植物保护研究所, 江西南昌 330200; 3. 南京农业大学植物保护学院, 农作物生物灾害综合治理教育部重点实验室, 江苏南京 210095; 4. 淮北师范大学生命科学学院, 安徽淮北 235000)

【目的】褐飞虱 *Nilaparvata lugens* (stål) 是一种危害水稻生产的单食性害虫, 已进化出对毒死蜱和吡虫啉在内的多种杀虫剂抗性, 杀虫剂混配是治理害虫抗药性的有效手段。毒死蜱和吡虫啉合理配比可显著地增加对褐飞虱的毒力达到协同增效作用, 本研究旨在揭示吡虫啉和毒死蜱协同增效的机制。**【方法】**利用点滴生测法和联合指标法筛选毒死蜱和吡虫啉混配增效配比; 利用 Illumina HiSeq™x Ten 构建毒死蜱和吡虫啉单剂及增效混剂的基因数据库, 比较转录组分析毒死蜱和吡虫啉混配增效基因; 利用 qRT-PCR 检测毒死蜱和吡虫啉混配增效基因的表达情况; 利用 RNAi 技术干扰差异表达的毒死蜱和吡虫啉混配增效基因, 分析毒死蜱和吡虫啉混配对褐飞虱的毒力。**【结果】**毒死蜱与吡虫啉在 1:0.5 的比例下混合表现出对褐飞虱协同增效作用, 联合指标值为 0.18。比较转录组分析发现 17 个下调基因可能参与毒死蜱和吡虫啉的协同作用。qRT-PCR 分析发现这 17 个候选基因的表达模式与转录组测序数据相匹配。喂食这 17 个候选基因 dsRNA 降低了其中 10 个基因的表达量 (1.68~4.13 倍), 但仅喂食 *CYP4DE1*、*CYP6AY1v2*、*CYP353D1* 和 *CYP439A1* 的 dsRNA 能引起若虫死亡率显著地升高 (81.45%~90.34%), 增加毒死蜱和吡虫啉混配的协同增效作用。**【结论】**研究表明, 毒死蜱和吡虫啉混配可能通过抑制 P450 基因表达介导对褐飞虱的协同增效作用。**关键词:** 褐飞虱, 转录组, 协同增效, 毒死蜱和吡虫啉混配, 细胞色素 P450, RNAi

*基金项目: 国家重点研发计划 (2017YFD0200305); 国家水稻产业技术体系项目 (CARS-01-37); 江苏省自然科学基金 (BK20150539); 江苏省农业科技自主创新资金 (CX (16) 1001)

丁氟螨酯对朱砂叶螨和巴氏新小绥螨的选择性机制

李金航^{1,2} 徐志峰^{1,2} 申光茂^{1,2} 何 林^{1,2*}

(1. 西南大学植物保护学院, 重庆 400715; 2. 西南大学现代农业科学研究院, 重庆 400715)

【目的】丁氟螨酯属苯酰乙腈类触杀型杀螨剂, 具有微量高效、持效性好, 对非靶标生物安全等优点。丁氟螨酯在害螨朱砂叶螨 *Tetranychus cinnabarinus* 及其天敌巴氏新小绥螨 *Neoseiulus barkeri* 之间具有优异的选择性。因此, 本研究旨在明确丁氟螨酯对朱砂叶螨和巴氏新小绥螨的选择性机制。**【方法】**分别通过比较不同触杀型药剂的毒力; 增效剂生物测定及解毒酶活性检测; 以及靶标酶活性及 ATP 含量检测, 并结合基因序列比对等方法, 明确表皮穿透、代谢酶活性以及靶标差异与丁氟螨酯对两种螨选择性的关系。**【结果】**生物测定结果表明, 丁氟螨酯对两种螨的选择性 ($N. barkeri$ LC_{50} / $T. cinnabarinus$ LC_{50}) 大于 12, 794 倍, 与丁氟螨酯具有相同作用靶标的腈吡螨酯对两种螨的选择性大于 10, 900 倍, 对照药剂甲氰菊酯和马拉硫磷对两种螨的选择性分别为 0.23 和 0.02 倍; 增效剂 (PBO、DEM 和 TPP) 对朱砂叶螨的增效比分别为 1.43、1.86 和 2.33, 而三种增效剂分别与丁氟螨酯混用, 对巴氏新小绥螨无明显毒力; 解毒酶活性检测结果表明朱砂叶螨 GSTs 和 P450s 酶活性显著高于巴氏新小绥螨, CarEs 酶活性显著低于巴氏新小绥螨; 通过检测靶标酶活性发现, 巴氏新小绥螨 SQR 活性显著大于朱砂叶螨, 巴氏新小绥螨 SQR 对丁氟螨酯的不敏感性 ($N. barkeri$ IC_{50} / $T. cinnabarinus$ IC_{50}) 是朱砂叶螨的 195, 807 倍; 巴氏新小绥螨 ATP 含量显著高于朱砂叶螨, 使用丁氟螨酯对两种螨喷雾处理 4 h 后, 朱砂叶螨体内 ATP 含量显著下降约 47.3%, 而巴氏新小绥螨体内 ATP 含量无显著变化; 基因克隆获得两种螨 SQR 各亚基基因, 通过对各亚基活性区域序列比对发现存在多达 220 个差异位点。**【结论】**通过实验探究, 间接表明表皮穿透和代谢酶活性差异不是导致丁氟螨酯对两种螨产生优异选择性的主要原因, 丁氟螨酯对朱砂叶螨和巴氏新小绥螨的优异选择性与其在二者体内作用靶标的差异有关, 从而表现出优异的选择性。

关键词: 朱砂叶螨, 巴氏新小绥螨, 丁氟螨酯, 毒力差异

*通讯作者, E-mail: helinok@vip.tom.com

花生蚜对吡虫啉代谢抗性的探究

杨媛雪 李 卓 赵 鸣*

(山东棉花研究中心, 山东济南 250100)

【目的】为了明确花生蚜 *Aphis craccivora* Koch.对吡虫啉代谢抗性的机制。**【方法】**采集巨野和临清两个地区的花生蚜,对两个地理种群和 1 个室内敏感品系进行了室内吡虫啉的毒力测定,并进行了增效剂试验,同时检测了两个地理种群和室内敏感品系细胞色素 P450s、GSTs 和 CarEs 三种解毒酶的活性。**【结果】**临清和巨野两个地区的花生蚜对吡虫啉具有一定的抗药性,相较于敏感品系,抗性倍数分别为 8.32 倍和 3.68 倍。通过使用三种增效剂,发现 PBO 和 DEM 对吡虫啉具有一定的增效作用,其中在巨野种群中,PBO 的增效倍数达到了 3.63 倍,DEM 的增效倍数达到了 1.95 倍,而 TPP 不具有增效作用;在临清种群中,PBO 的增效作用达到了 3.05 倍,而 DEM 和 TPP 不具有增效作用。检测了两个田间种群和室内敏感品系 3 种解毒代谢酶的活性,发现在巨野种群中,与敏感品系相比,CarEs 活性没有显著差异,而 P450s 和 GSTs 活性巨野种群显著高于敏感品系;在临清种群中,与敏感品系相比,CarEs 和 GSTs 活性差异不显著,而 P450s 活性显著高于敏感品系。**【结论】**推断 P450s 和 GSTs 可能在花生蚜对吡虫啉的抗药性中发挥一定的作用。

关键词: 花生蚜, 吡虫啉, 代谢抗性, P450s, GSTs

*通讯作者, E-mail: srczhm@163.com

长链非编码 RNA-*LncRNA_Tc13743.2* 调控朱砂叶螨对 丁氟螨酯的抗药性研究

冯楷阳^{1,2} 何 林^{1,2*}

(1. 西南大学植物保护学院, 重庆 400715; 2. 西南大学现代农业科学研究院, 重庆 400715)

【目的】长链非编码 RNA (Long non-coding RNA, LncRNA) 作为 miRNA 的“海绵”, 吸附并抑制后者的活性, 进而调节下游 mRNA 的表达, 因此 LncRNA 也可被称为内源竞争性 RNA (ceRNA)。本团队前期研究表明朱砂叶螨 GST 基因 (*TcGSTm02*) 的过表达是介导其对于丁氟螨酯抗药性的重要因素, 而丁氟螨酯抗性品系 (CyR) 中是否存在上调的 LncRNA 作为 ceRNA 调控 *TcGSTm02* 的过表达还有待研究。**【方法】**通过转录组测序获得朱砂叶螨 miRNA 和 LncRNA 的数据库并结合软件预测 *TcGSTm02* 相关 ceRNA 调控通路; 利用 qPCR 检测候选 ncRNA 在 SS 和 CyR 中的表达模式; 采用双荧光素酶报告基因、生物素-亲和素及 RNAi 系统验证候选 ceRNA 调控通路。**【结果】**基于已有朱砂叶螨 miRNA 转录组数据利用 RNAhybird、RNA22、Miranda 等四种软件共同预测出 *miR-133-5p* 靶向 *TcGSTm02*, 通过饲喂其模拟物和抑制剂分别过表达和沉默朱砂叶螨 *miR-133-5p*, 发现 *TcGSTm02* 表达量呈现出相反趋势, 表明 *miR-133-5p* 可以负反馈调节 *TcGSTm02* 的表达; 双荧光素酶报告基因结果表明, *miR-133-5p* 可直接结合于 *TcGSTm02* 的 3'UTR 区。进一步, 转录组测序共鉴定 4454 条朱砂叶螨 LncRNA, 且通过三种软件预测出 *LncRNA_Tc13743.2* 和 *LncRNA_Tc1015.2* 可结合 *miR-133-5p*, qPCR 结果显示 *LncRNA_Tc13743.2* 在 CyR 品系中上调表达, 而 *LncRNA_Tc1015.2* 表达水平在 SS 和 CyR 中无差异。在朱砂叶螨中过表达生物素标记的 *miR-133-5p* 后, pull-down *miR-133-5p* 的同时检测出 *LncRNA_Tc13743.2* 和 *TcGSTm02* 被链霉亲和素显著性的富集, 表明 *LncRNA_Tc13743.2* 可与 *TcGSTm02* 竞争性结合 *miR-133-5p*。饲喂 *LncRNA_Tc13743.2* 的特异性 siRNA 发现, 沉默 *LncRNA_Tc13743.2* 的表达可显著性下调 *TcGSTm02* 的表达水平, 但不影响 *miR-133-5p* 的表达。**【结论】**研究结果表明朱砂叶螨 *LncRNA_Tc13743.2* 可竞争结合 *miR-133-5p* 使得后者对 *TcGSTm02* 的抑制能力减弱, 进而从转录后水平调控 *TcGSTm02* 的表达。

关键词: 朱砂叶螨, 丁氟螨酯, LncRNA, ceRNA

*通讯作者, E-mail: helinok@vip.tom.com

朱砂叶螨对丁氟螨酯的解毒策略-代谢抗性机制

何 林^{1,2*} 冯楷阳^{1,2} 魏 朋^{1,2}

(1. 西南大学植物保护学院, 重庆 400715; 2. 西南大学现代农业科学研究院, 重庆 400715)

【目的】朱砂叶螨是一类抗药性问题突出的农业害螨。据统计, 朱砂叶螨与其姊妹种二斑叶螨, 是目前抗药性最为严重的节肢动物 (IRAC, <http://www.irac-online.org>)。丁氟螨酯是 2013 年在我国登记使用的苯酰乙腈类前体杀螨剂, 作用靶标为线粒体复合物II, 该药剂须在螨体内水解为 AB-1 发挥杀螨活性。明确朱砂叶螨对丁氟螨酯的抗药性机制对合理使用该药剂具有重要的意义。**【方法】**采用酶活测定明确 CyR 及 SS 品系中解毒酶活力水平; 通过 qPCR 筛选抗性相关基因; 利用 RNAi 及原核表达技术明确候选基因功能。**【结果】**本团队前期研究已表明朱砂叶螨丁氟螨酯抗性品系 (CyR) 相对于敏感品系 (SS), 解毒酶 GSTs、CarEs 及 P450s 的活性均显著性上升, 表明三大解毒酶均参与了朱砂叶螨对丁氟螨酯的抗药性, 这也符合朱砂叶螨对丁氟螨酯的抗药性受多基因控制的遗传规律。本研究系统解析了三大解毒酶在丁氟螨酯抗性中的作用。关于 GSTs: 酶活测定表明 GSTs 活性与 CyR 的抗性水平有很强的相关性 ($R^2 > 0.9$), 品系定量结果指出已鉴定的 13 条朱砂叶螨 GST 基因中 6 条基因存在过表达, 其中 *TcGSTm02* 表达量变化与丁氟螨酯抗药性变化存在明显的相关关系。药剂代谢结果证明 *TcGSTm02* 蛋白可以高效的分解丁氟螨酯但不会分解 AB-1; 丁氟螨酯的水解活化是其发挥杀螨活性的重要环节, 本研究发现 CyR 中两条显著性下调表达的酯酶基因 (*TcCCE12* 和 *TcCCE23*) 具有活化丁氟螨酯的功能, 沉默这两条基因的表达可以显著性降低朱砂叶螨对丁氟螨酯的敏感性; CyR 品系对从未接触过的哒螨灵 (靶标: 线粒体复合物 I) 产生了明显的交互抗性, 暗示着朱砂叶螨中存在共同代谢丁氟螨酯 (AB-1) 和哒螨灵的机制, 酶活测定及 qPCR 结果指出, CyR 品系中 P450s 及其基因 *CYP389C16* 在此交互抗性中扮演着重要角色, 进一步, 原核表达证明 *CYP389C16* 可以分解丁氟螨酯、AB-1 及哒螨灵, 且相较于母体丁氟螨酯, 该蛋白对其水解产物 AB-1 展现了更高的分解能力, 表明 *CYP389C16* 主要以代谢 AB-1 贡献于朱砂叶螨对丁氟螨酯的抗药性。**【结论】**本研究系统性解析了朱砂叶螨对丁氟螨酯抗药性机制, 明确了三大解毒酶同时参与, 又通过不同途径贡献于朱砂叶螨对丁氟螨酯抗药性, 研究结果为合理使用丁氟螨酯提供了理论依据, 也为解析害螨多基因抗药性机制提供了研究参考。

关键词: 朱砂叶螨, 丁氟螨酯, 解毒酶, 多基因抗性

*通讯作者, E-mail: helinok@vip.tom.com

杀虫剂亚致死浓度对普通大蓟马性别分配的影响

罗亚丽 但建国

(海南大学植物保护学院, 热带农林生物灾害绿色防控教育部重点实验室, 海南海口 570228)

【目的】普通大蓟马 *Megalurothrips usitatus* (Bagrall) 是豇豆、花生等豆类作物上的重要害虫, 其种群数量的控制主要依赖化学防治。本研究旨在了解不同杀虫机理的杀虫剂亚致死浓度对该虫性别分配的影响。**【方法】**在 $(26 \pm 1)^{\circ}\text{C}$ 、相对湿度 $60\% \pm 5\%$ 、光周期 $L:D=14:10$ 条件下, 采用叶盘浸药法测定溴氰虫酰胺、双甲脒和茚虫威对普通大蓟马已交配雌虫在 48 h 的毒杀效果。经 3 种杀虫剂 LC_{20} 处理后的幼嫩豇豆叶叶盘供已交配雌虫和未交配雌虫取食 48 h 后, 改用未浸药叶盘饲养。每天更换出来的叶盘继续饲养, 直至子代成虫羽化。观察每头亲代雌虫的存活时间和所产子代的成虫数量, 计算已交配雌虫的子代成虫性比(即雄性成虫所占比例)。子代存活率用于估算已交配雌虫所产子代的卵性比。**【结果】**3 种杀虫剂对普通大蓟马已交配雌虫的毒杀效果依次为: 茚虫威>双甲脒>溴氰虫酰胺。杀虫剂 LC_{20} 处理均使亲代雌虫的存活时间显著缩短, 但 3 种杀虫剂之间没有显著差异。溴氰虫酰胺和双甲脒 LC_{20} 处理还能显著降低亲代雌虫在胁迫处理后所产子代的成虫数量。经溴氰虫酰胺、双甲脒和茚虫威 LC_{20} 处理后, 亲代雌虫的子代成虫性比分别为 0.60、0.47 和 0.41, 与清水对照(0.52)之间的差异均未达显著水平, 但溴氰虫酰胺处理和茚虫威处理之间有显著差异。卵性比在各处理之间都没有显著差异。**【结论】**3 种杀虫剂中茚虫威对普通大蓟马已交配雌虫的毒杀效果最好。溴氰虫酰胺、双甲脒和茚虫威 LC_{20} 处理对亲代雌虫存活时间和子代成虫数量有不同程度的抑制作用, 但对子代性别分配均无显著影响。

关键词: 普通大蓟马, 溴氰虫酰胺, 双甲脒, 茚虫威, 性比

MafB 调控桔小实蝇对阿维菌素敏感性

唐光慧 熊 英 刘 毅 蒋红波*

(重庆市昆虫学及害虫控制工程市级重点实验室, 西南大学植物保护学院, 西南大学农业科学研究院,
重庆 400716)

桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* (Hendel) 是重要的农业害虫, 大量农药的不合理使用导致田间抗性发展迅速, 防治桔小实蝇越发困难。因此研究桔小实蝇对杀虫剂的机制尤为重要。转录因子调控解毒酶表达在昆虫的解毒代谢中起到重要的作用。据此, 本研究以桔小实蝇为对象, 旨在明确转录因子 *MafB* 调控桔小实蝇对阿维菌素敏感性的功能研究。利用 RT-PCR 技术克隆桔小实蝇转录因子 *MafB* 的 cDNA 序列, 采用实时定量 RT-qPCR 技术分析 *MafB* 及下游解毒酶基因在桔小实蝇不同组织的表达模式, 运用微量点滴仪 (Hamilton) 进行阿维菌素点药操作, 分析 *MafB* 及下游解毒酶基因的响应模式, 最后利用 RNAi 技术及生物测定探究 *MafB* 对阿维菌素的敏感性。序列分析结果表明, 桔小实蝇 *MafB* 的开放阅读框全长 1323 bp, 编码 440 个氨基酸, 序列中含有两个保守的结构区域 (二聚体形成的界面及 DNA 的结合位点); 系统发育树结果显示桔小实蝇 *MafB* 亲缘关系与地中海 *MafB* 实蝇 *MafB* 最近; 实时定量 PCR 分析结果表明, *MafB*, *GSTe6*, *GSTz2*, *CYP437A3*, *CYP4AC4* 和 *aE6* 在桔小实蝇马氏管, 脂肪体及中肠各有表达, 尤其在脂肪体转录水平最高; 进一步采用阿维菌素 LC₄₀ 处理, *MafB* 在 12 h 表达量显著上调; *GSTz2* 及 *CYP437A3* 在 36 h 表达量显著上调; 最后 RNA 干扰的分析结果表明, 注射 dsRNA 能有效抑制 *MafB* 的表达, *GSTz2* 及 *CYP437A3* 的表达量显著性的下调; 通过干扰 *MafB* 和 *GSTz2* 后对阿维菌素的敏感性显著升高, 干扰 *CYP437A3* 后对阿维菌素的敏感性无明显差异。*MafB* 通过调控 *GSTz2*, *CYP437A3* 来参与桔小实蝇解毒阿维菌素的过程, 并在其中扮演重要的作用。

关键词: 桔小实蝇, 转录因子 *MafB*, 解毒代谢酶, 阿维菌素

*通讯作者, E-mail: jhb8342@swu.edu.cn

AKH 信号系统调节桔小实蝇对马拉硫磷的敏感性

熊 英 杨 扬 赵怀嘉 王进军 蒋红波*

(重庆市昆虫学与害虫控制工程重点实验室, 西南大学植物保护学院, 西南大学农业科学研究院,

重庆 400716)

桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis*, Hendel 隶属于双翅目, 实蝇科, 是最具破坏性的农业害虫之一, 危害 450 多种果蔬。神经肽是一种由神经系统或外周分泌器官分泌的微量高效能小分子蛋白质, 通过与其特异性受体结合来发挥功能。本研究利用 RT-qPCR 技术, 从桔小实蝇马拉硫磷抗性品系中筛选出显著性高表达的神经肽, 并对其药剂诱导后的表达模式和不同组织的表达模式进行分析; 利用 RNAi 技术, 对神经肽进行有效沉默后检测解毒代谢酶的表达量, 观察并统计其对马拉硫磷药剂的敏感性。定量结果表明, 马拉硫磷抗性品系中, 神经肽 AKH 及其受体 AKHR 的表达量显著上调; 马拉硫磷 LC₅₀ 药剂诱导后, AKH 和 AKHR 也能一定程度上被诱导高表达; 不同组织表达模式显示, AKH 主要在 CC/CA 和 MG 中高表达, AKHR 主要在 FB 中高表达; 有效沉默实验室品系和马拉硫磷抗性品系桔小实蝇的 AKHR 后, 解毒代谢酶 *CarE6* 和 *GSTd10* 的表达量也出现显著性降低, 对干扰后的桔小实蝇进行马拉硫磷药剂敏感性检测结果显示, 有效沉默 AKHR 后, 实验室品系和马拉硫磷抗性品系的死亡率均出现显著上调。本研究证明了 *BdAKHR* 参与桔小实蝇马拉硫磷药剂敏感性, 可能与解毒代谢酶 *CarE6* 和 *GSTd10* 的合成有关。

关键词: 桔小实蝇, 神经肽, AKH, 马拉硫磷, RNAi

*通讯作者, E-mail: jhb8342@swu.edu.cn

苏云金芽孢杆菌 *cry* 基因克隆表达及杀虫活性研究

马 林 曲绍轩 林金盛 李辉平 蒋 宁 侯立娟 骆 昕

(江苏省农业科学院蔬菜研究所, 江苏省高效园艺作物遗传改良重点实验室, 江苏南京 210014)

【目的】异迟眼蕈蚊(双翅目, 眼蕈蚊科)是食用菌栽培中危害最大的虫害之一, 其幼虫可取食菌丝和子实体, 成虫是病原菌、螨虫等的传播媒介。目前针对异迟眼蕈蚊的防治以化学防治为主, 有研究报道苏云金芽孢杆菌(Bti)生物制剂对其也有一定的防治效果。以此为基础, 为筛选对食用菌眼蕈蚊有明显杀虫活性的苏云金芽孢杆菌菌株, 并分析不同类型 *cry* 基因在杀虫活性中的作用开展此项研究。**【方法】**采用胃毒法对多株野生分离的 Bt 菌株进行室内毒力测定, 筛选对异迟眼蕈蚊杀虫效果最好的菌株; 采用对峙培养法观察 Bt 菌株对食用菌菌丝生长的影响; 采用形态观察和 16S rDNA 片段序列测定对菌株进行鉴定; 构建能够表达菌株上单个 *cry* 基因蛋白的工程菌, 并对 Cry 蛋白进行分离纯化, 测定各蛋白杀虫活性。**【结果】**对迟眼蕈蚊的杀虫活性最好的菌株是 26-3, 校正死亡率为 75.38 %; 菌株 26-3 的菌落对平菇、茶树菇、毛木耳和双孢菇菌丝生长无明显影响。26-3 菌株能够产生圆形或不规则形晶体, 16S rDNA 片段序列与 *Bacillus thuringiensis* ATCC 10792 的同源性达 99%, 说明 26-3 菌株属于苏云金芽孢杆菌(*Bacillus thuringiensis*)。26-3 菌株中含有 *cry4a*, *cry4b*, *cry10*, *cry11* 等四种不同的杀虫蛋白基因, 通过工程菌构建获得 DH-4a, DH-4b, DH-10 和 DH-11 株分别表达对应杀虫蛋白, 纯化后的蛋白杀虫活性以 Cry4a 最高, LC₅₀ 值为 2.71 mg/L。**【结论】**苏云金芽孢杆菌 26-3 菌株对食用菌重要害虫异迟眼蕈蚊幼虫有明显的杀虫活性, 且对食用菌菌丝生长无影响, 其含有的多个杀虫蛋白中, Cry11 蛋白的杀虫活性最高, 该菌株可作为一株潜在的用于食用菌双翅目虫害生物防治的生防菌株进行开发研究。

关键词: 异迟眼蕈蚊, 苏云金芽孢杆菌, *cry* 基因, 克隆表达, 杀虫活性

大豆蚜对不同浓度吡虫啉药剂胁迫的适应性*

张傲楠** 韩岚岚** 赵奎军***

(东北农业大学农学院, 黑龙江哈尔滨 150030)

【目的】本研究旨在探索大豆蚜对半致死浓度 LC_{50} 、亚致死浓度 LC_{30} 吡虫啉的适应性, 掌握吡虫啉对大豆蚜种群在田间发生趋势、进化及分布的影响, 从而指导田间精准施药, 为保护生态, 推动可持续农业发展提供新思路。**【方法】**采用浸渍法, 用对大豆蚜初孵若虫亚致死浓度 LC_{30} 及半致死浓度 LC_{50} 的吡虫啉胁迫大豆蚜初孵若虫, 监测其大豆蚜实验种群的生长发育特性和繁殖力变化趋势, 组建种群生命表。另使用对 4 龄若虫亚致死浓度 LC_{30} 及半致死浓度 LC_{50} 的吡虫啉胁迫大豆蚜, 监测分析连续五代大豆蚜对吡虫啉抗性变化。**【结果】**受 LC_{50} 、 LC_{30} 吡虫啉药剂胁迫的大豆蚜种群: ①存活率均经历了急剧下降期, 平缓下降期, 次急速下降期 3 个时期, 根据 Deeevey 种群存活曲线两个处理均为凹曲线; ②日产蚜峰值出现的由早到晚依次为: LC_{30} (处理组I)、对照组、 LC_{50} (处理组II); ③世代平均历期 (T): LC_{30} (处理组I): LC_{50} (处理组II): 对照组=0.929:1.068:1; 净增值率 (R_0): LC_{30} (处理组I): LC_{50} (处理组II): 对照组=0.297:0.141:1; 周限增长率 (λ): LC_{30} (处理组I): LC_{50} (处理组II): 对照组=0.892: 0.798: 1; 倍增时间 (T_d): LC_{30} (处理组I): LC_{50} (处理组II): 对照组=1.4: 2.35: 1; LC_{50} (处理组II); ④吡虫啉药剂胁迫大豆蚜种群产生的抗性在第 2-3 代差异显著, 分别为 1.78 倍和 2.23 倍; LC_{30} (处理组I) 吡虫啉药剂胁迫大豆蚜种群产生的抗性在第 4-5 代差异显著, 分别为 1.61 倍和 1.90 倍。**【结论】**大豆蚜对不同浓度吡虫啉胁迫的适应性存在差异。应针对施药浓度、方法制定相应的防治方案, 降低大豆蚜产生抗性风险。

关键词: 大豆蚜, 吡虫啉, 生命表, 抗性, 精准施药

*基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项资金 (CARS-04); 天敌昆虫防控技术及产品研发 (2017YFD0201000)

**作者简介: 张傲楠, 女, 博士研究生; E-mail:2263880800@qq.com; 韩岚岚, 女, 副教授; hanll_neau@aliyun.com

***通讯作者, E-mail: kjzhao@163.com

桔小实蝇表皮蛋白介导的马拉硫磷穿透抗性研究

蒙力维^{1,2} 袁国瑞^{1,2} 陈梦玲² 彭梦兰² 王进军^{1,2}

(1. 西南大学农业科学研究院, 重庆 400716; 2. 西南大学植物保护学院, 重庆 400716)

【目的】桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* 是一种重要的世界检疫性果蔬害虫, 其寄主和分布范围极为广泛。随着有机磷等化学农药的不合理使用, 桔小实蝇田间抗性发生形势不容乐观, 防治桔小实蝇危害的难度也持续加大, 因此研究桔小实蝇对杀虫剂的抗性机制尤为重要。表皮蛋白 (Cuticular protein, CPs) 作为一类重要的昆虫表皮结构蛋白, 参与昆虫多个生理过程, 其中在保护虫体和抵御外源有害物质进入体内发挥重要作用。**【方法】**利用转录组测序技术得到抗敏差异表达谱; 利用 qRT-PCR 技术分析差异表达谱, 并解析差异表皮蛋白在抗敏两个种群的时空表达模式; 利用扫描电镜和 HPLC (High Performance Liquid Chromatography) 检测桔小实蝇抗敏两个种群的体壁 (前胸背板) 厚度差异及马拉硫磷穿透速率差异; 最后通过 RNAi (RNA interference) 技术探究 *BdCPCFC* 可能参与桔小实蝇马拉硫磷抗性形成。**【结果】**本研究通过桔小实蝇马拉硫磷抗敏种群差异表达谱, 分析得到了共有 22 个表皮蛋白上调, 其中 *BdRR1* 家族 13 个, *BdRR2* 家族 8 个和 *BdCPCFC* 家族 1 个。大部分表皮蛋白表达量与表达谱结果一致, 其中 *BdCPCFC* 在抗性种群及其胸部体壁显著上调。通过扫描电镜观察前胸背板体壁, 发现抗性种群前胸背板体壁厚度显著高于敏感种群。此外利用 HPLC 检测马拉硫磷在两个种群间的穿透率, 发现敏感种群对马拉硫磷的穿透率显著高于抗性种群。最后使用 RNAi 有效沉默 *BdCPCFC* 后, 抗性种群桔小实蝇的前胸背板体壁厚度显著的降低, 且其对马拉硫磷的敏感性也显著升高。**【结论】***BdRR1*, *BdRR2* 和 *BdCPCFC* 家族中上调的表皮蛋白, 可能通过增厚体壁来降低马拉硫磷穿透率, 从而降低桔小实蝇对马拉硫磷的敏感性。

关键字: 桔小实蝇, 表皮蛋白, 马拉硫磷, 穿透抗性, RNAi, HPLC

不同抗性可可挥发物对茶角盲蝽的活性分析

王 政 孟倩倩 孙世伟 高圣风 苟亚峰 刘爱勤*

(中国热带农业科学院香料饮料研究所, 海南省热带香辛饮料作物遗传改良与品质调控重点实验室,
海南万宁 571533)

【目的】茶角盲蝽 *Helopeltis theivora* Waterhouse 是多种热带经济作物的重要害虫, 包括可可、茶叶和咖啡等, 本研究旨在探明主要寄主可可挥发物对该虫选择行为的影响。**【方法】**通过田间调查和室内取食偏好试验筛选不同抗性的可可资源, 再利用固相微萃取法收集可可果实挥发物, 并通过气相色谱-质谱联用仪检测挥发物成分, 最后通过 Y 型嗅觉仪检测 100、10 和 1 g/L 浓度下各挥发物标准品对茶角盲蝽的活性。**【结果】**筛选出高感可可品系(2-7)和高抗可可品系(STS-17)各 1 份, 两份可可资源共鉴定出挥发物 18 种, 包括醇类 5 种、烃类 11 种、呋喃 1 种、脂类 1 种, 其中正己醇、六甲基环三硅氧烷和反- α -香柠檬烯等 3 种物质为两份资源共有。当物质浓度为 100 g/L 时, (+)-柠檬烯对茶角盲蝽有引诱作用; 10 g/L 时, β -石竹烯、(+)-柠檬烯、顺-3-己烯-1-醇和六甲基环三硅氧烷均表现出引诱作用; 1 g/L 时, β -石竹烯、(1R)-(+)- α -蒎烯和六甲基环三硅氧烷均表现出引诱作用。相同物质不同浓度条件下对茶角盲蝽的引诱作用差异显著。**【结论】**10 g/L β -石竹烯、1 g/L 六甲基环三硅氧烷对茶角盲蝽具有强引诱作用。

关键词: 茶角盲蝽, 挥发物, 固相微萃取, 气相色谱-质谱联用, Y 型选择

*通讯作者

柑橘全爪螨对不同杀螨剂解毒代谢相关基因差异表达分析

潘 登^{1,2} 熊 英^{1,2} 张 强^{1,2} 刘世火^{1,2} 周琪皓^{1,2}

袁国瑞^{1,2} 豆 威^{1,2} 王进军^{1,2*}

(1. 西南大学植物保护学院, 昆虫学及害虫控制工程重庆市重点实验室, 重庆 400715

2. 西南大学农业科学研究院, 重庆 400715)

【目的】掌握各地区柑橘全爪螨抗性发生动态, 对参与抗性形成的解毒代谢酶基因进行初步探索, 为解析柑橘全爪螨对不同杀螨剂抗性机制提供理论基础。**【方法】**采用叶碟浸渍法测定了西南柑橘主产区柑橘全爪螨田间种群对四种常用杀螨剂(甲氰菊酯、阿维菌素、丁氟螨酯和联苯肼酯)的抗药性; 在此基础上, 利用转录组测序技术发掘关键解毒代谢酶基因, 结合 qPCR 技术探究药剂处理后解毒代谢酶基因的表达动态。**【结果】**结果表明, 柑橘全爪螨不同地理种群对几种杀螨剂的抗性水平不同。其中, 甲氰菊酯杀螨效果相较于其他杀螨剂效果最差, 桂林, 南宁和玉溪种群对甲氰菊酯均已产生超 2000 倍抗性。比较转录组差异基因分析表明, 哒螨灵抗性种群(Pc-YX 和 Pc-NN)中 31 个解毒代谢酶基因(11 CYPs, 1 GST, 8 esterase, 7 UGT, and 4 ABC transporter 基因)共同上调。药剂(LC₃₀)处理 24 h 后, 上述基因显示不同表达水平: 与对照相比, 丁氟螨酯处理后, 1 个 CYPs, 1 个酯酶和 1 个 UGTs 基因明显上调; 2 个 CYPs 和 1 个 UGTs 基因表达量在甲氰菊酯处理后显著性上升; 阿维菌素胁迫后, 1 个 CYPs 和 1 个 UGTs 基因显著性上调; 联苯肼酯处理 24 h 后, 仅 1 个 CYPs 特异性上调。**【结论】**在各柑橘产区, 因施药背景与地区差异, 柑橘全爪螨对常用杀螨剂的抗性水平差异较大。通过比较转录组差异基因分析发现, 31 个解毒代谢酶基因在两个哒螨灵抗性种群共同上调。上述基因在不同杀螨剂(LC₃₀)处理后, 表达水平各异, 可能参与柑橘全爪螨对哒螨灵的抗药性形成。

关键词: 柑橘全爪螨, 抗性监测, 比较转录组分析, 药剂诱导

*通讯作者

基于 CRISPR/Cas9 敲除 *PxABCC2* 和 *PxABCC3* 对 小菜蛾 Bt 抗性的影响

刘昭霞^{1,2,3,4} 傅 淑^{1,2,3} 熊 磊^{1,2,3} 马小丽^{1,2,3} 黄宇萍^{1,2,3}
杨 广^{1,2,3} 尤民生^{1,2,3*}

(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, 福建福州 350002; 2. 福建农林大学应用生态研究所, 福州 350002; 3. 教育部害虫生态防控国际合作联合实验室, 福建福州 350002; 4. 福建农林大学生命科学学院, 福建福州 350002)

【目的】昆虫对苏云金芽孢杆菌 (*Bacillus thuringiensis*, Bt) 抗性的发展严重制约了 Bt 的杀虫效果。有研究发现包括小菜蛾 *Plutella xylostella* 在内的多种鳞翅目害虫的 Cry1Ac 抗性品系中 ABC 转运蛋白亚家族成员 C2 (ABCC2) 和 C3 (ABCC3) 发生突变或表达量下降。因此, 本研究旨在进一步验证 *PxABCC2* 和 *PxABCC3* 的突变对小菜蛾 Cry1Ac 抗性的影响。**【方法】**利用 CRISPR/Cas9 技术敲除小菜蛾 G88 敏感品系中的 *PxABCC2* 和 *PxABCC3*, 随后利用蛋白免疫印迹和纳米液相色谱-串联质谱法检测 *PxABCC2* 和 *PxABCC3* 蛋白, 最后利用人工饲料药膜法比较小菜蛾野生型 G88 和敲除品系对 Cry1Ac 毒素的敏感度。**【结果】**获得四个 *PxABCC2* 敲除品系, 分别在 1、3 和 20 号外显子上有不同碱基的插入和缺失, 另外获得两个 *PxABCC3* 敲除品系, 分别在 1 号外显子上插入 1 bp 和缺失 11 bp。蛋白鉴定结果表明在相应的敲除品系中, 碱基的插入和缺失均能造成移码突变, 从而使得小菜蛾无法合成完整的 *PxABCC2* 或 *PxABCC3* 蛋白。生物测定结果显示与野生型 G88 品系相比, 小菜蛾 *PxABCC2* 敲除品系对 Cry1Ac 的敏感度仅降低了 2~4 倍, 而 *PxABCC3* 敲除品系对毒素的敏感度提高了 2~4 倍。**【结论】**上述结果表明 *PxABCC2* 和 *PxABCC3* 的敲除并不会导致小菜蛾产生高水平的 Cry1Ac 抗性。该结果为 *PxABCC2* 和 *PxABCC3* 在 Cry1Ac 抗性中的调控作用提供了一种新的见解, 有助于更好地阐明害虫的 Bt 抗性机理。

关键词: 小菜蛾, Cry1Ac 抗性, ABC 转运蛋白, CRISPR/Cas9, 敲除品系, 敏感度

*通讯作者, E-mail: msyou@fafu.edu.cn

不同来源绿僵菌对油桐鹰尺蠖幼虫的致病力比较*

蔡守平¹ 何学友¹ 林和再² 曾丽琼¹ 郑 宏³ 尹丽钦⁴ 何金源⁵

- (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. 漳浦县林业局, 福建漳浦 363200; 3. 龙岩市新罗区森林病虫害防治检疫站, 福建新罗 364000;
4. 闽清县林业局, 福建闽清 350800; 5. 福建省平和天马国有林场, 福建漳州 363704)

油桐鹰尺蠖 *Biston suppressaria* 是一种食性杂、危害大的食叶害虫, 近年来在速生桉树林分中大面积发生, 危害严重, 本文通过比较不同来源金龟子绿僵菌(*Metarhizium anisopliae*) 菌株对油桐鹰尺蠖幼虫的致病力, 旨在筛选出可用于该虫的绿僵菌生物防治资源。试验结果表明, 不同来源的绿僵菌菌株菌落生长速度、产孢量间存在显著差异, MaZPTR-01菌株15 d 的菌落直径为6.5 cm, 显著较其它菌株高。MaFZ-13和MaZPTR-01菌株培养15 d产孢量最大, 分别为 1.33×10^8 孢子 cm^{-2} 和 1.28×10^8 孢子 cm^{-2} 。致病力测定结果表明, 不同菌株对油桐鹰尺蠖幼虫的致病力存在显著差异, 其中接种MaFZ-13和MaZPTR-01菌株的幼虫校正死亡率、僵虫率均较其它菌株高, 接种后15 d 幼虫校正死亡率分别达到94.5%、92.7%, 僵虫率分别为75%、61.7%, 该2个菌株的致死中时(LT_{50})显著比其它菌株短, 分别为4.34和4.52 d。绿僵菌MaFZ-13和MaZPTR-01菌株对油桐鹰尺蠖幼虫的致病力强, 具有良好的生产性状, 可作为该虫的生物防治资源进一步开发应用。

关键词: 金龟子绿僵菌, 油桐鹰尺蠖, 致死中时 (LT_{50}), 僵虫率, 桉树

*基金项目: 福建省属公益类科研院所基本科研专项 (2017R1011-8); 国家重点研发计划子课题 (2018YFD0600202), 福建省林业科学研究项目 (闽林科〔2017〕3号); 国家林业局南方山地用材林培育重点实验室资助

木荷对二种鳞翅目蔬菜害虫的生物活性及田间防效

邓志勇 邓业成 骆海玉

(广西师范大学生命科学学院, 广西桂林 541006)

木荷 (*Shima superba* Gardn. et Champ.) 别名荷木、木艾树、荷树、回树、横柴, 是山茶科木荷树属的高大乔木, 分布于长江流域以南的福建、台湾、云南、四川、贵州、浙江、安徽、广东、广西等地。木荷主要含三萜及皂甙类、 α -菠甾醇、表儿茶素、水解鞣质、丁香醛、山奈酚和挥发油等化学成分。目前, 已报道木荷三萜皂甙化合物有 9 种。该植物全株有毒, 曾被用于熬制农药。通过我们的研究发现, 木荷树皮甲醇提取物对小菜蛾和菜青虫有较好的拒食活性和生长发育抑制作用。木荷树皮甲醇提取物在 10 g/L 的质量浓度下, 对小菜蛾 3 龄幼虫的 24 和 48 h 拒食率分别为 94.27%和 94.78%, 拒食中浓度(AFC₅₀)分别为 2.7445 和 1.5519 g/L; 对菜青虫 3 龄幼虫, 在 2 g/L 的质量浓度下, 24 和 48 h 的拒食率均达到 100%, AFC₅₀ 分别为 0.1053 和 0.1488 g/L。用 8 g/L 木荷树皮甲醇提取物处理白菜叶碟后饲喂小菜蛾 3 龄幼虫, 24 h 后改用新鲜无毒的小白菜叶碟继续饲喂小菜蛾幼虫, 其生长发育抑制率为 92.35%, 生长发育抑制中浓度 IC₅₀ 为 1.7719 g/L。用 2 g/L 木荷树皮甲醇提取物处理白菜叶碟后饲喂菜青虫 3 龄幼虫, 24 和 48 h 后分别改用新鲜无毒的白菜叶碟继续饲喂菜青虫幼虫, 其生长发育抑制率分别为 94.52%和 90.08%, IC₅₀ 分别为 0.1954 和 0.3109 g/L。对木荷树皮甲醇提取物进行初步分离后, 发现正丁醇萃取物的活性最好, 在 2 g/L 质量浓度下, 对小菜蛾 3 龄幼虫的 24 和 48 h 拒食率分别为 91.30%和 92.44%, AFC₅₀ 分别为 0.4570 和 0.4346 g/L; 在 1 g/L 质量浓度下, 对菜青虫 4 龄幼虫的 24 和 48 h 拒食率分别为 99.08%和 96.44%, AFC₅₀ 分别为 0.0419 和 0.0557 g/L。通过 ¹³C-NMR 及 HPLC 分析, 明确了其生物活性成分为皂甙类物质。用 15%木荷树皮提取物水乳剂对小菜蛾进行的田间药效试验结果表明, 木荷树皮提取物对小菜蛾具有较好的防治效果, 400 倍液 7d 的防效为 88.35%, 与对照药剂 1.8%阿维菌素乳油 1000 倍液的防效相当。由此可见, 木荷在小菜蛾和菜青虫的防治上有潜在的应用价值。

关键词: 拒食作用, 生长发育抑制作用, 蔬菜害虫, 木荷

中国麦区优势麦蚜狄草谷网蚜 *Sitobion miscanthi* 的基因组装配解析

范 佳* 陈巨莲*

(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)

小麦蚜虫狄草谷网蚜 *Sitobion miscanthi* 在中国曾被误定为麦长管蚜 *Sitobion avenae*, 在世界范围内的粮区广泛分布, 是中国各大麦区的优势害虫。小麦是最重要的粮食作物, 养活了世界上 40% 的人口。中国常年种植面积为 2400 万公顷左右, 年产量近 1.3 亿吨, 而每年由麦蚜为害引起的小麦减产在 10%~40%, 控蚜保麦是当务之急。蚜虫具有诸多鲜明的生物学特征, 例如孤雌生殖、与寄主植物高度专化的寄生关系、携带及传播植物病原物、翅二型性、蚜-微生物共生等。 *S. miscanthi* 属寡食性, 是研究蚜虫-寄主植物协同进化、食性差异发生机制的理想模式昆虫; 罕见有性生殖情况, 是比较研究蚜虫有性、无性生殖方式交替的世代周期机制的重要模式昆虫; 统一遗传背景下, 孤雌生殖群体中若蚜具有翅二型性, 是研究表型可塑现象的首选模式。【目的】目前, 中国麦区优势麦蚜的种名仍存在误用情况, 且狄草谷网蚜的基因组还未见报告。【方法】首先针对混淆种狄草谷网蚜 *S. miscanthi* 和麦长管蚜 *S. avenae* 种间关键形态特征进行, 对来源于全国 19 个地区的狄草谷网蚜实验种群开展形态学观察; 对狄草谷网蚜 Langfang-1 开展基于三代测序平台的基因组测序; 同时进行 Hi-C 测序辅助组装; 并对基因组进行全面注释。【结果】第一, 经鉴定, 广泛分布在我国各大麦区的麦蚜优势种是狄草谷网蚜; 第二, 首次完成对狄草谷网蚜基因组的组装, 在 Hi-C 辅助下, 成功装载到染色体水平。V1.0 版本狄草谷网蚜基因组大小为 397.9Mb, ContigN50 长达 2.05Mb。染色体级别基因组共含 9 条 scaffolds, 与狄草谷网蚜染色体数目一致 ($2n=18$), scaffold N50 长达 36.26Mb; 第四, 基因组含有 16006 个编码基因, 重复序列占基因组的 26.41%, 基因杂合度约为 0.573%, GC 含量约为 30.253%。与其他节肢动物的系统进化分析显示, 狄草谷网蚜与豌豆蚜进化关系最近, 大约在 2.50~4.49 亿年前由同一祖先分化为目前的 2 个种。【结论】本研究对深入系统地研究蚜虫结构与功能基因组学以及进一步推动表型可塑性等表观遗传学研究具重要理论意义和实用价值。同时也为国内外科研工作者解析蚜虫进化和蚜虫-多营养级互作提供了高质量的基因组信息和全新的视角。注释基因信息将助力蚜虫重要性状基因的精细定位、克隆和功能解析, 加速控蚜绿色药剂的开发改良和分子设计。对提升控蚜效率、保障粮食安全和农业提质增效与可持续发展将发挥重要作用。

关键词: 蚜虫, 麦长管蚜, 狄草谷网蚜, 注释, 基因组, 三代测序平台, Hi-C 装载

*范佳, E-mail: jfan@ippcaas.cn

*陈巨莲, E-mail: jlchen@ippcaas.cn

布氏乳杆菌在亮斑扁角水虻幼虫转化豆渣作为食品和饲料中的作用研究

Soomro Abdul Aziz 肖小鹏 蔡珉敏 郑龙玉 喻子牛 张吉斌*

(华中农业大学生命技术科学学院, 农业微生物学国家重点实验室, 微生物农药国家工程研究中心,
湖北武汉 430070)

亮斑扁角水虻幼虫(Black soldier fly, BSFL), *Hermetia illucens* (双翅目: Stratiomyidae), 可以减少环境污染, 并将有机废物转化为富含蛋白质和脂肪的生物物质。但益生菌在亮斑扁角水虻幼虫转化豆渣作为食品和饲料中的作用还未见报道。本研究测定了布氏乳杆菌(*Lactobacillus buchneri*, L3-9)与亮斑扁角水虻幼虫共转化豆渣(Soybean curd residues, SCR)的共转化效率, 以及转化后 BSFL 营养成分、安全性和抗营养因子浓度。实验首先使用布氏乳杆菌(10^8 cfu / mL)对 SCR 进行预处理, 然后使用 BSFL 对预处理后的 SCR 进行转化。结果表明用 SCR 和布氏乳杆菌共同饲养的 BSFL 对饲料干重减少率($55.7\% \pm 0.9\%$)、生物转化率($6.9\% \pm 0.3\%$)、虫体粗蛋白含量($55.3\% \pm 0.6\%$)和脂肪含量($30.0\% \pm 0.6\%$)与仅使用 SCR 饲养的 BSFL (各项数据依次为 $49.0\% \pm 0.7\%$, $5.0\% \pm 0.3\%$, $52.8\% \pm 0.3\%$ 和 $26.1\% \pm 0.8\%$)和人工饲料饲养的 BSFL (各项数据依次为 $43.9 \pm 0.8\%$, $3.9\% \pm 0.1\%$, $50.3\% \pm 0.4\%$ 和 $24.3\% \pm 0.4\%$)相比显著提高。然而, 用 SCR 和布氏乳酸杆菌共同喂养的 BSFL 的饲料转化率($8.0\% \pm 0.3\%$)低于用 SCR ($9.8\% \pm 0.1\%$)和人工饲料($11.1\% \pm 0.5\%$)喂养的 BSFL。此外, 根据世界卫生组织/联合国粮农组织的建议, BSFL 含有丰富的人体所需的所有必需氨基酸和脂肪酸。重金属和抗营养因子含量均在食品和原料的安全摄入量范围内。因此, 将布氏乳杆菌与亮斑扁角水虻幼虫一起处理豆渣不仅可以提高共转化效率, 还可以提高 BSFL 的营养价值。

关键词: 亮斑扁角水虻, 废物处理, 环境, 豆渣, 污染

*通讯作者, E-mail: zhangjb05@163.com

绿僵菌素 A 与家蚕二肽氨基肽酶 3 的相互作用研究

彭海涛 胡琼波*

(华南农业大学农学院, 广东广州 510642)

绿僵菌素 A (Destruxins A, DA) 是一种六元环缩羧肽类化合物, 主要由金龟子绿僵菌 *Meterhizium anisopliae* 产生。DA 对多种昆虫都具有良好的活性作用, 可以作用于昆虫肌肉系统、免疫系统等, 但是 DA 作用最主要的靶标部位及靶标蛋白还尚不清楚。我们根据药物亲和反应靶标稳定性 (Drug affinity responsive target stability, DARTS) 原理, 从 DA 处理的家蚕 Bm12 细胞中分离鉴定得到了多种 DA 的疑似结合蛋白, 我们对其中一种蛋白—即二肽氨基肽酶 3 (Dipeptidyl peptidase 3, BmDPP3) 做进一步验证。BmDPP3 是一种 M49 家族的金属蛋白酶, 可从二肽和游离氨基酸的 N-末端水解长度为 3-10 个氨基酸的肽, 在蛋白质活化过程中发挥重要作用。通过我们采用荧光定量 PCR (qPCR)、酶联免疫法 (ELISA) 和生物膜干涉 (BLI) 的方法研究了 DA 与二肽氨基肽酶 3 的相互作用。结果发现, 用 2 mg/L 的 DA 处理家蚕 Bm12 细胞 8 h, BmDPP3 基因的表达上调了 2.4 倍; 0.1 mg/L 的 DA 能显著抑制二肽氨基肽酶的活性; DA 与 BmDPP3 结合常数 K_D 值为 $5.87 \times 10^{-7} \text{M}$ 。实验结果表明, DA 能与 BmDPP3 结合而抑制其酶活性, 并且 DA 在一定程度上诱导 BmDPP3 基因表达。

关键词: 绿僵菌素, 二肽氨基肽酶, 相互作用

*通讯作者, E-mail: hqbscau@scau.edu.cn

北京枣园感染沃尔巴克氏体叶蝉类群调查*

郭家洛 代丽珍 卢 灿 冯玉环 刘海同 黄利斌 刘晏超 张志勇 王进忠**

(北京农学院生物与资源环境学院/农业农村部华北都市农业重点实验室, 北京 102206)

【目的】近年来,因枣疯病流行导致枣园绝产毁园的现象时有发生,前期研究显示,北京枣园内有多种叶蝉为害,其中媒介叶蝉是造成枣疯病流行蔓延的重要因素,因此,理清叶蝉类群的危害,对于预防和控制枣疯病流行有重要的实践意义。沃尔巴克氏体 (*Wolbachia*) 是一类细胞内共生菌,能够感染节肢动物并导致其能保护寄主抵御病原菌和寄生虫等的侵害,一些*Wolbachia* 品系通过多种方式改变宿主的生物学特性,包括操纵宿主的生殖行为,缩短宿主成虫寿命,如果将这种 *Wolbachia* 品系转移到媒介昆虫体内就可以大大降低媒介昆虫对病害的传播能力。所以,弄清北京枣园中叶蝉类群 *Wolbachia* 感染情况,对于开发应用 *Wolbachia* 生物控制田间叶蝉种群传播枣疯病具有重要的科学意义。**【方法】**本研究通过扫网和黄板诱集等方法,采集北京市昌平区、朝阳区和海淀区不同枣园发生的叶蝉,通过形态和分子鉴定确定叶蝉发生种类,利用 *Wolbachia* 的 16S rRNA、*wsp* 和 *ftsZ* 基因特异性引物,通过 PCR 扩增检测了北京枣园内发生的 13 种叶蝉共 294 头 *Wolbachia* 的感染率。**【结果】**研究结果显示,枣园 13 种叶蝉中有 163 头 (55.4%) 发现感染 *Wolbachia*,其中 9 种叶蝉检测到 *Wolbachia*,包括斑叶蝉 *Erythroneura* sp.、小绿叶蝉 *Empoasca* sp.、大青叶蝉 *Cicadella viridis* (Linnaeus) 和横带叶蝉 *Scaphoideus festivus* (Matsumura) 的感染率较高,分别为 100%、96.7%、91.7%、60.7%;新县长突叶蝉 *Batracomorphus xinxiensis* (Cai et Shen)、凹缘菱纹叶蝉 *Hishimonu sellatus* (Uhler)、红闪小叶蝉 *Zygina* sp.、一点木叶蝉 *Phlogotettix cyclops* (Mulsant et Rey) 和片突菱纹叶蝉 *Hishimonus lamellatus* (Cai et Kuoh) 的感染率分别为 54.5%、48.7%、38.5%、25.0%、20.0%;其他叶蝉如白边大叶蝉 *Kolla paulula* (Walker)、窗耳叶蝉 *Ledra auditura* (Walker)、桃一点叶蝉 *Singaporea shinshana* (Matsumura) 和条沙叶蝉 *Psammotettix striatus* (Linnaeus) 未检测到感染 *Wolbachia*。**【结论】**北京地区枣园内片突菱纹叶蝉、凹缘菱纹叶蝉、红闪小叶蝉、大青叶蝉、斑叶蝉、小绿叶蝉、横带叶蝉、新县长突叶蝉和一点木叶蝉普遍感染 *Wolbachia*,但是该共生菌对媒介叶蝉生殖的调控行为以及与植物病原的互作关系还有待进一步研究。

关键词: 枣园, 叶蝉类群, 沃尔巴克氏体 *Wolbachia*, 感染率

* 基金项目: 北京市自然科学基金与北京市教育委员会科技计划重点项目 (KZ210810020026); 国家重点研发计划 (2017YFD020030703); 国家自然科学基金项目 (31272099) 和2018新型生产经营主体科技能力提升工程项目

**通讯作者, E-mail: jinzhw9276@163.com

我国部分中西部地区土壤虫生真菌多样性研究

蔡 伟 胡琼波*

(华南农业大学农学院, 广东广州 510000)

【目的】虫生真菌是寄生在昆虫、蜘蛛等幼虫或成虫上的真菌,能制约害虫的种群数量,维持生态平衡。虽然化学农药对防治病虫害起到了非常重要的作用,但是化学农药具有易残留和易污染环境等特点。虫生真菌是重要的生物防治来源,不仅对人畜和农作物无害,而且具有害虫不产生抗性,生产便利性以及显著的流行潜力等优点。因此,利用生物治剂防治农业害虫越来越受重视。**【方法】**本实验在湖南、湖北、河南、河北、云南、贵州、广西采集土壤样品,通过选择培养基分离其中的真菌,采用形态学与分子生物学相结合的方法鉴定真菌种属,分析上述地区的虫生真菌多样性规律。**【结果】**(1)在上述地区采集了 392 份土壤样品,从 357 份土壤中分离到真菌菌株 1217 株,其中 35 份土壤样品无法分离出真菌,分离率 91.1%。其中来自杂草植被、树木植被、耕地植被的土壤样品分别为 121、150、121 份,分别得到真菌菌株 392、472、353 株,土壤样品分离到的菌株平均数分别是 3.2、3.1 株、2.9 株。菌株平均数大小依次为杂草植被>树木植被>耕地植被。(2)根据形态特征和 ITS 序列分析,鉴定了 603 株真菌,分属 54 属 114 种,其中属于已知的虫生真菌种类有 8 属 13 种,优势属为紫尾霉属 *Purpureocillium*、绿僵菌属 *Metarhizium*、拟青霉属 *Paecilomyces*,白僵菌属 *Beauveria* 分别占 28.9%、19.6%、5%、3%。优势菌株为淡紫紫孢菌 *P. lilacinum*、金龟子绿僵菌 *M. anisopliae*、马昆德拟青霉 *P. marquandii*、玫烟色棒束孢 *I. fumosorosea*,分别占 28.9%、14.1%、8.7%、4%。(3)室内条件下,通过浸泡法测定真菌对黄曲条跳甲成虫和烟粉虱若虫的生物活性,其中玫烟色棒束孢 *I. fumosorosea* IfH6102 和金龟子绿僵菌 *M. anisopliae* MaB15B01 对黄曲条跳甲具有较好的活性,当处理浓度为 1×10^8 spores/mL 时,校正死亡率分别为 67.89%、23.56%。渐狭蜡蚧菌 *Lecanicillium attenuatum* 对烟粉虱若虫具有较好的活性,当处理浓度为 1×10^8 spores/mL 时,校正死亡率最高,达到 90.97%,致死中时间为 6.4 天。**【结论】**(1)上述省份的土壤真菌种类丰富,都是虫生真菌资源的较好来源,分离得到的虫生真菌种类丰富。且不同地区土壤样品中分离到的真菌平均菌株数差异较大,与当地的气候、环境条件、以及培养基的配方密切相关。(2) *Isaria fumosorosea*、*Metarhizium anisopliae*,对黄曲条跳甲成虫具有毒性,且 *I. fumosorosea* 出现僵虫,*I. fumosorosea* 孢子悬浮液浓度越大,对黄曲条跳甲的毒力越大,僵虫率也越高。

关键词: 虫生真菌, 鉴定, 黄条跳甲, 烟粉虱, 生物活性

*通讯作者

木霉菌对台湾乳白蚁的生物学意义研究*

文 超 熊鸿鹏 温秀军 王 偲**

(华南农业大学林学与风景园林学院, 广东广州 510642)

木霉菌 (*Trichoderma* spp.) 是典型的土栖真菌, 常作为植物病原菌的生物控制剂, 同时存在于白蚁体表和肠道。目前对木霉菌存在于白蚁肠道及体表的生物学意义知之甚少, 研究几乎处于空白状态。本研究 (1) 探索了 7 种木霉菌 (长柄木霉, 康宁木霉, 哈茨木霉, 钩状木霉, 深绿木霉, 绿色木霉和卷曲木霉) 处理的土壤或细沙台湾乳白蚁对台湾乳白蚁聚集或蚁道挖掘行为影响; (2) 研究了 3 种木霉真菌 (长柄木霉, 哈茨木霉和深绿木霉) 对绿僵菌 (*Metarhizium anisopliae*) 生长的抑制作用; (3) 通过在体试验评估了绿僵菌或绿僵菌与木霉菌混合后对台湾乳白蚁的致病性及聚集和蚁道挖掘行为的影响。结果表明, 在短期聚集试验中 (24 h), 6 种木霉菌 (长柄木霉, 哈茨木霉, 钩状木霉, 深绿木霉, 绿色木霉和卷曲木霉) 处理的土壤对台湾乳白蚁有吸引作用, 2 种木霉 (长柄木霉, 康宁木霉) 对台湾乳白蚁的长期聚集 (21 d) 有促进作用。蚁道选择试验表明, 长柄木霉和康宁木霉对白蚁的蚁道挖掘有促进作用。离体拮抗试验表明, 选择的 3 种木霉菌均抑制了绿僵菌的生长。绿僵菌侵染白蚁的 LT_{50} 值 (5.55~7.21 d) 显著小于木霉菌与绿僵菌混合情况下白蚁的 LT_{50} 值 (11.11~13.75 d)。此外, 含有绿僵菌的土壤对白蚁聚集有驱避作用, 而将长柄木霉或哈茨木霉与绿僵菌同时加入土壤后, 绿僵菌对白蚁的驱避减弱。用绿僵菌处理的细沙降低了白蚁的隧道挖掘行为。研究结果表明, 木霉菌对台湾乳白蚁的聚集行为和蚁道挖掘有促进作用, 同时在离体和活体情况下均对绿僵菌具有拮抗作用。对木霉真菌-白蚁-病原真菌三者之间的关系研究, 揭示了土栖白蚁和环境微生物的相互关系。

关键词: 台湾乳白蚁, 木霉菌, 绿僵菌, 趋避, 拮抗

*基金项目: 国家自然科学基金 (31500530)

**通讯作者

烟粉虱体内共生菌 *Hamiltonella* 与 *Cardinium* 的互作关系

赵冬晓 张志春 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)

【目的】*Hamiltonella* 与 *Cardinium* 是我国烟粉虱中最常见的两种共生菌, 具有调控宿主适合度等功能, 二者通常以双感染的形式同时存在于烟粉虱体内。本研究旨在解析双感染烟粉虱体内共生菌 *Hamiltonella* 与 *Cardinium* 的互作关系。**【方法】**从烟粉虱自然种群中筛选获得了单感染 *Hamiltonella* 品系 (H) 和双感染 *Hamiltonella*、*Cardinium* 品系 (HC)。一方面, 比较了 H 品系和 HC 品系烟粉虱体内 *Hamiltonella* 和 *Cardinium* 的菌量。另一方面, 利用 H 品系与 HC 品系开展了 4 个组合的遗传杂交实验, 分别是: ♀H×♂H; ♀H×♂HC; ♀HC×♂H; ♀HC×♂HC。比较了 4 个杂交组合中烟粉虱的产卵量、后代孵化率及性比。**【结果】**菌量测定结果显示, 双感染 (HC) 烟粉虱体内 *Hamiltonella* 的菌量显著低于单感染 (H) 烟粉虱。在双感染 (HC) 烟粉虱中, *Hamiltonella* 菌量随烟粉虱日龄的增加而下降。与之相反, *Cardinium* 菌量在烟粉虱中逐日下降。杂交实验结果显示, 单感染 (H) 烟粉虱雌虫 (♀H×♂H; ♀H×♂HC) 的产卵量、后代孵化率和雌性比率均显著高于双感染 (HC) 烟粉虱雌虫 (♀HC×♂H; ♀HC×♂HC)。**【结论】**共生菌 *Hamiltonella* 与 *Cardinium* 在宿主烟粉虱体内呈对抗关系。与单感染 (H) 烟粉虱相比, 双感染 (HC) 烟粉虱中 *Cardinium* 的存在导致了 *Hamiltonella* 菌量的显著降低, 并抑制了 *Hamiltonella* 的增殖。双感染对抗的 *Hamiltonella* 与 *Cardinium* 给宿主烟粉虱带来了显著的适合度代价。

关键词: 烟粉虱, 共生菌, 双感染, 互作

*通讯作者

黑水虻处理方案解决有机废弃物问题的机遇与挑战

詹 帅 王四宝 黄勇平*

(中国科学院上海植物生理生态研究所, 上海 200032)

包括餐厨垃圾和畜禽排泄物在内的有机废弃物是目前迫切需要解决的重大环境问题。每年产生总量接近 40 亿吨。传统的焚烧和填埋方法不仅难以持续、造成严重的二次污染,而且对于这些有机废弃物资源来说也是一种极大的浪费。黑水虻是一类能够利用有机废弃物的昆虫。经过黑水虻转化的有机废弃物将产生黑水虻虫体和虫粪两种重要的资源。黑水虻处理有机废弃物不仅解决了生活废弃物中最难处理的有机废弃物的问题,还能够形成资源化的循环利用。由于全国都在致力于有机废弃物的分类的和资源化利用,这为黑水虻的推广和应用提供了良好的机遇。但是,黑水虻研究和应用过程中也面临着一系列的挑战,如黑水虻配套法规 and 政策的制定、优良种虫的选育和培养、高效转化有机废弃物体系的标准化和下游产品的开发及利用。解决好这些问题,将极大推进黑水虻这种大自然清洁工的利用,为构建良好生态系统奠定了基础。

关键词: 黑水虻; 有机废弃物; 资源化利用; 机遇和挑战

*通讯作者

一株肠道共生细菌通过激活按蚊免疫抑制疟原虫传播

白 亮¹ 王历历^{1,2} 王四宝^{1*}

(1. 中国科学院植物生理生态研究所, 中国科学院昆虫发育与进化生物学重点实验室, 上海 200032;

2. 中国科学院大学, 北京 100049)

疟原虫在按蚊中肠内的发育过程十分复杂, 往往伴随大量疟原虫死亡。按蚊肠道微生物会影响按蚊对病原物的易感性, 但其中肠道共生细菌影响媒介效能的潜在机理依然不明。本研究从我国野外采集的中华按蚊体内分离并鉴定到两株 *Serratia* 菌 (Y1 和 J1), 并分别检测了它们对斯氏按蚊体内疟原虫发育的影响。*Serratia* Y1 在按蚊中肠定殖显著提升了按蚊对疟原虫的抵抗力, 而 *Serratia* J1 对疟原虫发育无影响。进一步研究发现: *Serratia* Y1 对疟原虫的抑制是通过激活按蚊免疫产生的。通过 RNA-seq 进行转录组分析发现分别定殖 *Serratia* Y1 和 J1 的按蚊经糖水饲喂后中肠基因表达情况相似。然而, 饲血 24 h 后 *Serratia* Y1 定殖的按蚊相较于 J1 定殖按蚊有更多中肠基因表达发生改变, 其中包括 C-型凝集素 (CTLs), CLIP 丝氨酸蛋白酶和其他免疫效应基因。另外, 干扰一些 *Serratia* Y1 激活的抗疟因子如含硫酯键蛋白 1 (TEP1), 血纤维蛋白原免疫凝集素 9 (FBN9) 或亮氨酸富集重复序列蛋白 (LRRD7) 能在 *Serratia* Y1 存在的情况下回复疟原虫卵囊发育, 暗示这些因子调控了 *Serratia* Y1 介导的抗疟效应。本研究增加了我们对肠道细菌影响按蚊-疟原虫互作的认识。

关键词: 疟疾, 媒介昆虫, 肠道菌, 昆虫免疫

*通讯作者

玫烟色棒束孢 IfB01 菌株二氯甲烷提取物对 TYLCV 活性的初步研究

关 雪 胡琼波*

(华南农业大学农学院, 广东广州 510642)

玫烟色棒束孢 *Isaria fumosorosea* 是一种常见的虫生真菌, 地理分布广泛, 用于农业害虫的防治。本课题组前期分离筛选了一株对烟粉虱有较高活性的玫烟色棒束孢菌株 IfB01 (CCTCC M 2012400), 并且, 该菌株可降低番茄黄化曲叶病毒病 (TYLCV) 的发病率。本研究进一步了解该菌株对 TYLCV 的活性。首先, 用 SDB 培养基对 IfB01 菌株进行液体发酵, 接种量为 1×10^7 分生孢子/mL, 温度 25°C, 转速 160 r/min, 发酵时间为 7 d。二氯甲烷超声萃取发酵液, 旋蒸后得到二氯甲烷提取物, 用吐温-80 溶液稀释该提取物, 采用喷雾与浸渍法分别处理番茄植株和烟粉虱二龄若虫, 结果显示, 粗提物 500 μg /mL 处理带毒的番茄植株 14 d 后, 其体内 TYLCV 表达量降低了 40% 以上, 同浓度的提取物处理的烟粉虱二龄若虫之羽化率降低 80% 以上, 用处理后的烟粉虱感染健康的番茄植株, 传毒 3 d 后, 健康植株染毒率为 30%, 低于对照组 90%。初步实验证明玫烟色棒束孢 IfB01 菌株二氯甲烷粗提物可直接降低番茄植株体内 TYLCV 含量, 同时降低烟粉虱的羽化率和带毒率, 对 TYLCV 有明显的抑制作用。

关键词: 玫烟色棒束孢, 发酵产物, 烟粉虱, TYLCV, 二氯甲烷提取物

*通讯作者, E-mail: hqbscau@scau.edu.cn

大豆食心虫基因组 Survey 分析

夏 烨 史树森

（吉林农业大学植物保护学院，吉林长春 130118）

【目的】在大豆食心虫全基因组深度测序之前，为了减少盲目性，更好地对其全基因组进行序列拼接和组装，先做低覆盖度的基因组 Survey 测序，评价基因组的大小及复杂程度，为确定适合大豆食心虫全基因组的测序研究策略和拼接软件及技术的选择提供依据。**【方法】**采用第二代高通量测序技术（Illumina Hiseq™ 2500）测定预估了大豆食心虫基因组大小，并利用生物信息学方法估计大豆食心虫杂合率、重复序列和 GC 含量等基因组信息。**【结果】**得到以下结果：（1）获得了 78G 大豆食心虫基因组测序数据，基因组大小估计为 724M 左右，测序深度为 107×；（2）从 K-mer 分布曲线发现大豆食心虫基因组有明显的杂合峰，说明该物种杂合率比较高，达 1.15%，重复序列比例为 55.8%，GC 含量为 39%。**【结论】**由于大豆食心虫存在高杂合率和重复序列较多的特点，采用全基因组鸟枪法（WGS）策略进行组装有一定的风险和难度，基因组 Survey 分析结果将为绘制大豆食心虫全基因组的精细图谱提供重要的科学依据，同时为将来进一步研究其现代绿色防控技术具有重要意义。

关键词：大豆食心虫，基因组 Survey，杂合率，GC 含量

近染色体水平的冬虫夏草参考基因组

舒锐豪^{1,2} 李苗苗^{1,2} 吴佩佩^{1,2} 孟 茜¹ 周桂灵¹ 张继红^{1*} 秦启联^{1*}

(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. 中国科学院大学, 北京 100049)

【目的】本研究的目的是获取虫生真菌冬虫夏草 (*Ophiocordyceps sinensis*) 近染色体水平的参考基因组, 解析其中的重复序列, 更完整的蛋白编码基因与其他基因组特征, 为冬虫夏草的遗传学研究提供科学依据。**【方法】**基于快速发展的单分子测序与染色体构象捕获技术, 我们构建了近染色体水平的冬虫夏草参考基因组, 大幅提升了基因组的连续性。**【结果】**基于新组装的参考基因组, 我们预测得到了近千个新的蛋白编码基因, 发现了数十个新的次生代谢基因簇。系统发生分析表明, 冬虫夏草与近缘物种的分歧时间在 20-33 百万年前的渐新世至中新世, 这与其寄主蝙蝠蛾科昆虫的分化时间一致。在此期间, 青藏高原发生了第二和第三次隆起。此外, 冬虫夏草基因组内存在大量的重复序列, 其中, 长末端重复逆转座子占主要成分。冬虫夏草基因组的重复序列中还存在着重复诱导点突变的痕迹。**【结论】**近染色体水平的冬虫夏草基因组与上述基因组特征能够更好地服务于冬虫夏草的基础科学研究与资源开发利用。

关键词: 冬虫夏草, 虫生真菌, 基因组, 系统发生, 重复序列

*通讯作者

瓜实蝇中肠特异性 lncRNA 鉴定与表达模式

李伟军^{1,2} 魏 冬^{1,2} 王进军^{1,2*}

(1. 西南大学植物保护学院, 重庆 400716; 2. 西南大学农业科学研究院, 重庆 400716)

瓜实蝇 *Zeugodacus cucurbitae* (Coquillett) 属双翅目 Diptera, 实蝇科 Tephritidae, 主要危害苦瓜、黄瓜、丝瓜、冬瓜等瓜类作物。长链非编码 RNA (long non-coding RNA, lncRNA) 是一类转录本长度大于 200 nt 的非编码 RNA, 主要通过转录调控、转录后调控以及表观遗传调控等层面调控基因的表达。相较于 mRNA, lncRNA 转录本具有更强的组织特异性, 表达丰度较之 mRNA 低。目前, lncRNA 的研究主要集中在人、小鼠等哺乳动物中, 在昆虫中研究相对较少, 仍然处于初级阶段。随着高通量测序技术的不断发展, 越来越多的昆虫 lncRNA 被鉴定与挖掘。本研究旨在对瓜实蝇腹部不同组织中肠♀♂、马氏管♀♂、脂肪体♀♂、卵/精巢转录组数据库进行分析比较, 鉴定与筛选出中肠特异性高表达 lncRNA, 为筛选害虫防治的新靶标提供科学依据。(1)对 5 日龄瓜实蝇雌雄成虫进行解剖, 解剖的组织有中肠♀♂、马氏管♀♂、脂肪体♀♂、卵/精巢, RNA 提取后进行全转录组测序, 共获得 24 个不同组织全转录组数据库。(2)对转录组数据库中的 lncRNA 进行鉴定, 以 $FPKM_{中肠♀♂}/FPKM_{其他组织} \geq 10$ 为条件筛选中肠特异性高表达 lncRNA。(3)利用实时荧光定量 PCR (qPCR) 对筛选所得中肠特异性 lncRNA 进行转录组数据验证, 对其中表达量相对较高的 lncRNA 在瓜实蝇不同发育阶段的表达模式进行探究。结果:(1)基于 24 个全转录组数据库筛选得到 18903 条 lncRNA 转录本, 对应着 13658 个 lncRNA 基因位点。(2)筛选得到 146 条雌虫中肠特异性 lncRNA, 167 条雄虫中肠特异性 lncRNA, 83 条中肠(综合雌雄虫)特异性 lncRNA。(3)随机挑选 6 条中肠特异性 lncRNA (lnc22787, lnc11868, lnc99852, lnc23567, lnc50977, lnc35874) 进行转录组差异表达验证, 结果发现其 qPCR 结果与转录组测序结果保持一致。对 4 条较高表达的中肠特异性 lncRNA (lnc22787, lnc62355, lnc50977, lnc23567) 在瓜实蝇不同发育阶段表达模式解析中发现, 其均在成虫期有显著性高表达, 在卵期与蛹期均具有较低的表达。本研究对瓜实蝇中肠特异性 lncRNA 进行了鉴定与筛选, 为探究其功能奠定基础。

关键词: 瓜实蝇, 转录组, lncRNA, 鉴定, 表达

*通讯作者, E-mail: jjwang7008@yahoo.com

ABA、JA 处理的水稻转录组学分析及其在抗褐飞虱中的作用*

孙李瞳 丁 旭 周耀东 谢鹏飞 刘井兰**

(扬州大学园艺与植物保护学院, 江苏扬州 225009)

脱落酸 (ABA) 是植物的五大类激素之一, 也是一种植物源生物化学农药, 增强植物对非生物胁迫的抗逆性, 并在抵抗病原菌、病毒及害虫等生物胁迫中也起到重要作用。已有研究发现 ABA 防御病菌机制之一是增加了水稻胼胝质沉积面积, 之二是参与茉莉酸 (JA) 的生物合成, 激活 JA 介导的抗病基因的表达, 即与 JA 互作。褐飞虱 (BPH) 是一种刺吸式口器害虫, 吸食水稻韧皮部汁液为害水稻。褐飞虱刺吸取食可能与病原菌侵染类似, ABA 与 JA 可能互作抗褐飞虱。本文研究了褐飞虱取食外源 ABA、JA 处理的水稻转录组学分析, 及在水稻抗褐飞虱中的作用。结果如下: ABA 处理后植物信号转导通路中与植物的抗逆性相关的 *OsZIP23* 和 *OsPP2Cs* 上调表达, 这可能是 ABA 增强水稻抗逆性的原因之一; 次生代谢物合成通路中稻内酯生物合成基因 *OsKSL4* 在 ABA 处理后上调, 这可能是 ABA 增强水稻防御反应的重要途径之一; JA 信号途径的转录激活因子 *OsMYC2* 在 BPH+ABA 处理后下调, 这可能是 ABA 与 JA 互作的关键基因; BPH+ABA 处理后, *OsMYC2* 表达量显著降低; ABA 处理后 *OsABA8ox2* 表达量显著增加, *OsIAA23* 显著下降; BPH+ABA 处理后, *OsMYC2* 差异表达并涉及植物-病原体相互作用、植物激素信号转导和植物 MAPK 信号通路三条通路, 表明 *OsMYC2* 在植物激素互作和植物病害中发挥着重要作用。可见, ABA 不仅间接参与了 JA 抗褐飞虱途径, 也直接参与了诱导抗虫。同时我们发现无褐飞虱取食时, ABA 处理利于 JA 合成, JA 转录抑制因子 *OsJAZ1* 表达量显著下降, ABA 与 JA 有协同作用; BPH+ABA 处理时, 水稻 ABA 含量上升、JA 含量下降, JA 转录激活因子 *OsMYC2* 表达量显著下降, ABA 与 JA 互作在水稻抗褐飞虱中具有拮抗作用。本研究为水稻抗褐飞虱机理作出新的探索。

关键词: 脱落酸, 茉莉酸, 水稻, 褐飞虱, 转录组学分析

*基金项目: 国家自然科学基金 (31871978)

**通讯作者, E-mail: liujl@yzu.edu.cn