

2012—2013

植物保护学 学科发展报告

REPORT ON ADVANCES IN PLANT PROTECTION

中国科学技术协会 主编

中国植物保护学会 编著

中国科学技术出版社

· 北 京 ·

图书在版编目 (CIP) 数据

2012—2013 植物保护学学科发展报告 / 中国科学技术协会主编;
中国植物保护学会编著. —北京: 中国科学技术出版社, 2014.2

(中国科协学科发展研究系列报告)

ISBN 978-7-5046-6541-6

I. ① 2… II. ① 中… ② 中… III. ① 植物保护—学科发展—研究
报告—中国—2012—2013 IV. ① S4-12

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2014) 第 006337 号

策划编辑	吕建华 赵 晖
责任编辑	高立波
责任校对	孟华英
责任印制	王 沛
装帧设计	中文天地

出 版	中国科学技术出版社
发 行	科学普及出版社发行部
地 址	北京市海淀区中关村南大街 16 号
邮 编	100081
发行电话	010-62103354
传 真	010-62179148
网 址	http://www.esppbooks.com.cn

开 本	787mm × 1092mm 1/16
字 数	310 千字
印 张	13.25
版 次	2014 年 4 月第 1 版
印 次	2014 年 4 月第 1 次印刷
印 刷	北京市凯鑫彩色印刷有限公司
书 号	ISBN 978-7-5046-6541-6/S · 570
定 价	49.00 元

(凡购买本社图书, 如有缺页、倒页、脱页者, 本社发行部负责调换)

2012—2013

植物保护学学科发展报告

REPORT ON ADVANCES IN
PLANT PROTECTION

首席科学家 郭予元

专 家 组

组 长 吴孔明

副组长 陈万权 倪汉祥

成 员 (按姓氏笔画排序)

万方浩 朱有勇 闫凤鸣 杨怀文 何霞红

邱德文 张 杰 张永军 张桂芬 陈巨莲

陈剑平 周益林 周雪平 程登发

学术秘书 文丽萍

序

科技自主创新不仅是我国经济社会发展的核心支撑，也是实现中国梦的动力源泉。要在科技自主创新中赢得先机，科学选择科技发展的重点领域和方向、夯实科学发展的学科基础至关重要。

中国科协立足科学共同体自身优势，动员组织所属全国学会持续开展学科发展研究，自2006年至2012年，共有104个全国学会开展了188次学科发展研究，编辑出版系列学科发展报告155卷，力图集成全国科技界的智慧，通过把握我国相关学科在研究规模、发展态势、学术影响、代表性成果、国际合作等方面的最新进展和发展趋势，为有关决策部门正确安排科技创新战略布局、制定科技创新路线图提供参考。同时因涉及学科众多、内容丰富、信息权威，系列学科发展报告不仅得到我国科技界的关注，得到有关政府部门的重视，也逐步被世界科学界和主要研究机构所关注，显现出持久的学术影响力。

2012年，中国科协组织30个全国学会，分别就本学科或研究领域的发展状况进行系统研究，编写了30卷系列学科发展报告（2012—2013）以及1卷学科发展报告综合卷。从本次出版的学科发展报告可以看出，当前的学科发展更加重视基础理论研究进展和高新技术、创新技术在产业中的应用，更加关注科研体制创新、管理方式创新以及学科人才队伍建设、基础条件建设。学科发展对于提升自主创新能力、营造科技创新环境、激发科技创新活力正在发挥出越来越重要的作用。

此次学科发展研究顺利完成，得益于有关全国学会的高度重视和精心组织，得益于首席科学家的潜心谋划、亲力亲为，得益于各学科研究团队的认真研究、群策群力。在此次学科发展报告付梓之际，我谨向所有参与工作的专家学者表示衷心感谢，对他们严谨的科学态度和甘于奉献的敬业精神致以崇高的敬意！

是为序。

Handwritten signature in black ink, reading '李书恒' (Li Shuheng).

2014年2月5日

前 言

2012—2013年是我国科技、经济和社会发展的战略机遇期，也是落实《国家中长期科学和技术发展规划纲要（2006—2020）》的关键时期。两年来，我国农作物病虫害面临严峻的发生态势，多种病虫害暴发成灾。广大植物保护科技工作者在国家科技计划的支持下，根据“自主创新，重点跨越，支撑发展，引领未来”的指导方针，通过协作攻关，在植物保护学科基础和应用基础研究、高新技术研发、关键防御技术开发等方面，取得了一系列研究新进展、新成果、新观点、新方法和新技术，在农业防灾减灾中发挥了重要作用，为保障粮食生产实现“十连增”做出了突出贡献，有力地促进了植物保护学科的发展。

本学科发展报告是在《2010—2011植物保护学学科发展报告》的基础上，选择近两年取得明显进展和重大成果的植物病毒学、植物抗病虫功能基因组学、昆虫化学生态学、生物防治学、入侵生物学、植物病虫害监测预警学、农业生物多样性控制病虫害技术等分支学科为研究重点，由中国工程院院士、中国农业科学院植物保护研究所郭予元研究员为首席科学家，中国工程院院士、中国植物保护学会理事长、中国农业科学院副院长吴孔明研究员为研究课题组组长，在中国植物保护学会主持下，组织50多位专家编写。研究报告分两部分，第一部分是综合报告——植物保护学科发展研究，全面反映我国植物保护学科主要研究领域的发展现状，分析国内外研究和动态，提出未来5年的发展趋势及发展策略。第二部分是专题报告，由7个专题研究报告组成。研究内容主要包括分支学科的研究现状，与国内外研究相比较，今后的发展趋势与对策。通过总结和研究植物保护学学科发展研究成果和发展趋势，旨在掌握植物保护学科最新发展动态，科学把握学科发展趋势，促进植物保护学科各分支学科之间的交叉融合与协调发展，提升原始创新能力；拓展学会工作领域，树立学会在植物保护学科发展研究中的导向性和权威性。

“2012—2013植物保护学学科发展研究”项目于2012年8月16日召开第一次课题组会议，研究落实编写计划和任务，并于2013年3月29日召开课题组第二次会议，检查编写进度，筹备召开学科发展研讨会和课题组第三次会议。2013年7月22—23日在北京召开了“2012—2013植物保护学学科发展研讨会”征求与会专家意见和确定修改计划。本报告在撰写过程中，得到了有关科研院所、高等院校专家的热忱支持，并提供成果资料及对文稿提出修改建议，在此一并表示衷心感谢！

由于受篇幅和时间所限，本报告难以全面反映植物保护学科近两年的研究动态，报告中编写的7个分支学科取得的研究进展和成果，也不够全面，而且研究报告的深度也有待进一步提高，望广大读者不吝赐教。

中国植物保护学会
2013年10月28日

目 录

序	韩启德
前言	中国植物保护学会

综合报告

植物保护学学科发展研究	3
一、引言	3
二、植物保护学学科近年的最新研究进展	6
三、植物保护学学科国内外研究进展比较	24
四、植物保护学学科发展趋势及展望	28
参考文献	32

专题报告

植物病毒学学科发展研究	39
植物抗病虫功能基因组学学科发展研究	57
昆虫化学生态学学科发展研究	84
生物防治学学科发展研究	106
入侵生物学学科发展研究	132
植物病虫害监测预警学学科发展研究	148
农业生物多样性控制病虫害发展研究	160

ABSTRACTS IN ENGLISH

Comprehensive Report

Advances in Plant Protection	187
------------------------------------	-----

Reports on Special Topics

Advances in the Plant Virology	189
Advances in the Plant Functional Genomics for Disease and Pest Resistance	191
Advances in the Insect Chemical Ecology	191
Advances in the Biological Control	193
Advances in the Invasive Biology	194
Advances in the Monitoring and Forecasting of Plant Diseases and Insect Pests	195
Advances in the Sustainable Pests Control by Agro-biodiversity	197
索引	199

综合报告

植物保护学学科发展研究

一、引言

2012—2013 年是我国“十二五”规划的关键时期。植物保护学科在国家“十二五”科技计划的支持下，取得了显著的研究进展。基础理论研究、高新技术和关键技术研发取得重大突破和重要成果，对建设现代农业、确保国家粮食安全及农产品有效供给提供了有力的科技支撑；同时促进了植物保护科技创新体系、病虫害防控体系和植物保护知识体系的形成和发展。

近两年来，我国农作物病虫害灾变规律发生新的变化，一些大区域迁飞、流行性重大病虫害暴发频率增加，突发性病虫害发生频繁，一些地域性和偶发性病虫害发生范围不断扩大、危害程度加重，严重威胁着我国粮食的持续丰收。如 2012 年，多种病虫害暴发成灾，全国农作物有害生物发生面积达到 4 亿多公顷（次）。其中，稻飞虱在西南、南方、长江中下游、华南、江南稻区偏重至大发生，全国发生 3000 万公顷，分别较 2011 年和常年增加 20.7% 和 27.2%；小麦赤霉病在湖北江汉平原、安徽和江苏沿淮及其以南麦区、河南中南部大发生，江苏沿江、沿海和里下河地区特大发生，是 1990 年以来发生最重的一年，全国发生面积为 920 多万公顷。小麦蚜虫是 2001 年以来第二重发生年，在河北、山东、山西等省大发生，发生面积为 1700 多万公顷。三代黏虫 8 月上旬在东北、华北等地玉米田大暴发，发生面积 800 万公顷，是近年来发生面积最大、危害最重的一年。马铃薯晚疫病、油菜菌核病发生面积、危害程度均超过近 5 年。面对严峻的防控形势，通过充分发挥病虫害防控体系的作用，提高防控能力，取得了显著的防效。据不完全统计，近年来，植物保护防灾减灾年均挽回粮食达到 800 亿千克以上，为保障国家粮食生产实现“十连增”做出了突出贡献。同时进一步推动了植物保护学科的发展。主要反映在以下方面：

一是基础研究提升了植物保护学科的原始创新能力。基础研究是技术进步和经济发展的先锋，是新技术、新工艺、新流程、新产品研发的基础，是国家综合国力竞争的重要前沿。加强基础研究对于提升原始创新能力和长远发展能力具有重要意义。近年来，我国植物保护学科基础研究瞄准国际前沿，取得了重要进展，推动了本学科的创新发展。如植物病毒学研究明确了双生病毒、水稻矮缩病毒致病与传毒机制，为植物抗病毒提供了新理论

和新策略。植物抗病虫功能基因组学,在抗病虫重要基因的克隆和植物抗病虫机理研究方面获得了重要的原创性成果。同时利用基因组学,获得了一批重要的致病病原物和重要作物害虫的基因组数据,为进一步发掘致病基因奠定了基础。

二是应用技术研究提高了农作物病虫害的综合防控能力。瞄准国家经济和社会发展的重大需求,针对农作物病虫害多发、重发、频发的态势,以国家相关科技计划为依托,采取科研教学推广、试验示范应用、研究开发产业相结合,开展病虫害灾变规律、监测预警与综合防控技术协作攻关,取得一批研究成果,通过推广应用,在防灾减灾中发挥了重要作用。如应用“3S”技术、生态环境建模分析和计算机网络信息交换技术,提高了多种重大病虫害监测预警和防控决策能力。

三是促进了本学科各分支学科的发展。随着生物技术、信息技术等高新技术的快速发展,推动了本学科各二级学科之间的综合交叉融合,同时涌现出一批新兴的二、三级学科,丰富了研究方向,形成了较完整的植物保护学科体系。据不完全统计,目前植物保护学科,包含了植物病理学、植物病毒学、植物免疫学、分子植物病理学、农业昆虫学、昆虫生理与生化、昆虫生态学、农药学、杂草学、植物检疫学、植物病虫害测报学、生物防治学、入侵生物学、转基因生物安全学、鼠害防治学、有害生物综合防治学、生物化学与分子生物学、植物化感作用学、农业生态健康学、抗病虫害育种、植保资源利用、农药毒理学、植物源农药、病虫害生物多样性控制等分支学科和研究方向。教育部在1997年对植保学科设置作了调整,在同年修订的《授予博士、硕士学位和培养研究生的学科、专业目录》中,植物保护学科被列为一级学科,设植物病理学、农业昆虫与害虫防治、农药学3个二级学科。近年来,逐渐增加了杂草学、入侵生物学、转基因生物安全学、生物防治学、生物化学与分子生物学等二级学科和研究方向,发展成为以农作物病虫草鼠等有害生物发生规律和控制为主要研究内容的、比较完整的研究生培养体系。

四是促进了研究平台和创新人才队伍的长足发展。在国家“十一五”、“十二五”计划的推动下,植物保护学科研究平台建设进一步发展,人才队伍不断成长。

(一) 研究平台建设

在植物保护科技创新体系建设方面,以“国家农业生物安全科学中心”为研究中心,以植物病虫害生物学、农业虫害鼠害综合治理等7个国家重点实验室和农业部重点开放实验室为科技创新基地。2011年农业部启动了重点实验室的分类管理体系,将众多相关学科实验室和试验站统一归口管理,建成了依托在中国农业科学院植物保护研究所的“农业部作物有害生物综合治理重点实验室”,下设农业昆虫学、植保生物技术、植物病理学和东北、华北北部、华北南部、华中、华东、闽台、华南、热带、西南、云贵高原、西北黄土高原、西北荒漠绿洲作物共15个有害生物综合治理重点实验室,并在全国设置了29个作物有害生物科学观测实验站。形成了较完整的植物保护学科群,极大地促进了植物保护学科的协同创新发展。省部共建国家重点实验室培育基地建设体系也为学科发展提供了平

台提升的机会。同时，以全国著名的科研院所和高等院校为研究阵地和集聚、培养高层次植保科技人才和促进国际交流与合作的重要平台，以现代农业产业技术体系功能研究室和野外科学观测试验站为有害生物监测和防控试验示范基地。通过研究中心、科技创新基地、人才培养场所和试验示范基地形成了较系统的植物保护学科研究平台。

（二）研究创新团队及人才队伍建设

通过“973”、“863”、科技支撑计划、国家自然科学基金、科技基础条件平台建设和政策引导类科技计划及专项、农业部公益性行业科研专项等对植物保护学科的大力支持，凝聚和培养了一批优秀人才，形成了一批研究创新团队。

近两年在研和新立项的重大基础研究（“973”）创新团队有：中国农业科学院植物保护研究所万方浩研究员“重要外来物种入侵的生态影响机制与监控基础研究”团队、华东理工大学钱旭红院士“分子靶标导向的绿色化学农药创新研究”团队、浙江大学娄永根教授“稻飞虱灾变机理及可持续治理的基础研究”团队、云南农业大学朱有勇院士“作物多样性对病虫害生态调控和土壤地力的影响研究”团队、中国科学院上海植物生理生态研究所何祖华研究员“植物免疫机制与作物抗病分子设计的重大基础理论研究”团队、中国农业大学彭友良教授“主要粮食作物重大病害控制的基础研究”团队、中国科学院动物所康乐院士“害虫暴发成灾的遗传与行为机理”团队、浙江大学陈学新教授“天敌昆虫控制害虫机制及可持续利用研究”团队、云南大学张克勤教授“农作物重要病原线虫生物防控的基础研究”团队、西北农林科技大学黄丽丽教授“小麦重要病原真菌毒性变异的生物学基础研究”团队。

入选 2013 年国家自然科学基金委创新研究群体有：中国农业科学院植物保护研究所吴孔明院士“棉花—害虫—天敌的互作机制研究”团队。

入选 2013 年国家自然科学基金重大项目研究团队有：中国农业科学院植物保护研究所周雪平教授主持的“作物双生病毒致病的分子机理”研究团队。

“863”计划研究团队有：南京农业大学刘凤权教授“农林有害生物调控与分子检测技术研究”团队、中国农业科学院植物保护研究所何晨阳研究员“农林有害生物分子免疫调控技术研究”团队、南京农业大学郑小波教授“重要农林有害生物高通量分子检测技术研究”、中国农业大学高希武教授“农作物重要病虫抗药性早期快速分子诊断技术”团队、中国农业科学院植物保护研究所邱德文研究员“微生物杀菌剂研究与产品创制”团队、华东理工大学徐玉芳教授“基于靶标的新型化学农药设计合成、优化与产品创制研究”团队、华中农业大学孙明教授“细菌类生物杀虫剂研究和产品创制研究”团队、浙江大学冯明光教授“真菌病毒类生物杀虫剂研究与产品创制研究”团队、湖北省生物农药工程研究中心杨自文研究员“生物农药新剂型研究与产品创制研究”团队。

国家科技支撑计划研究团队：中国农业科学院植物保护研究所陈万权研究员“农林生物灾害防控关键技术研究”团队、中化化工科学技术研究总院李钟华研究员

“绿色生态农药的研发与产业化研究”团队。

科技部基础性工作专项研究团队有：中国农业科学院植物保护研究所张朝贤研究员“主要农作物有害生物及其天敌资源调查研究”团队。

同时还有获得农业部、教育部批准的研究创新团队，如浙江省农业科学院陈剑平院士团队获批国家重点领域创新团队以及农业部“植物病毒与病害防控生物技术”创新团队、浙江大学周雪平教授获批教育部“水稻重要病害的成灾机理和持续控制”长江学者创新团队和农业部“作物病害成灾与控制”创新团队、中国农业科学院周常勇研究员获批建设教育部“柑橘主要病虫害持续控制基础研究”创新团队和农业部“重要柑橘病害防控基础研究”创新团队；湖南省农业科学院刘勇研究员获批建设农业部“园艺作物病虫害防控技术”创新团队。

上述研究计划的实施，加速培育了植物保护领域近万名中青年学科带头人和科技骨干，特别是对研究团队与领军人物的培养发挥了更为重要的作用，提高了我国植物保护领域的整体学术水平。

二、植物保护学学科近年的最新研究进展

（一）基础研究水平显著提高

基础研究在“973”、“863”和国家自然科学基金等计划的支持下，立足国际科学发展前沿，解决我国生物灾害防控和植物保护科技自身发展中的重大科学问题，整体研究水平有了显著提升，带动了植物保护学科基础科学的发展，有的分支学科在国际上已占有了重要的一席之地。

1. 植物病毒学

（1）植物病毒分子生物学研究

明确病毒基因组序列及其遗传变异特点，是深入开展基础研究和应用研究的必需工作，也为病毒的分子检测提供支撑。以往已对主要植物病毒的基因组序列及其变异特点有了较明确的理解，近年来，我国科研人员在水稻突发病害——南方水稻黑条矮缩病的病原确定上取得重要进展。南方水稻黑条矮缩病在2008—2010年间突然大暴发，但当时对于其病原并不清楚。浙江省农业科学院陈剑平院士课题组与华南农业大学周国辉教授课题组合作首次完成了南方水稻黑条矮缩病毒中国分离物（SRBSDV）全基因组序列；同时与越南农业科学院植保所合作对越南分离物进行了系统的鉴定，研究结果表明SRBSDV的10条dsRNA基因组片段，可编码13个开放阅读框（ORF），这些编码蛋白与同属病毒对应的蛋白质在序列上有不同程度的同源性，根据病毒RdRp和CP所做的进化树分析结果支持SRBSDV是斐济病毒属的一个新成员的结论。这为后续开展病害检测、防治提供了重要的理论依据。

(2) 植物病毒基因功能研究

病毒只编码有限的几个或十几个蛋白质,解析这些编码蛋白基因的功能是了解病毒如何在植物体内复制、扩散进而致病的手段之一。在水稻病毒基因功能研究方面,北京大学李毅教授课题组研究了水稻矮缩病毒(Rice dwarf virus, RDV) Pns10蛋白抑制系统性RNA沉默的机制。发现Pns10能够抑制由正链mRNA所诱导的局部和系统性的RNA沉默,增强病毒在侵染叶片中的复制或者其RNA稳定性,加速病毒的系统性侵染,能使病毒进入茎尖分生组织。福建农林大学魏太云教授课题组研究了水稻齿叶矮缩病毒(Rice ragged stunt virus, RRSV)在其介体白背飞虱体内的侵染循环周期,明确RRSV编码的非结构蛋白Pns10病毒在介体内侵染过程中负责形成viroplasm的基质的最小病毒组分,是病毒的复制关键因子。在土传小麦病毒基因功能研究方面,浙江省农业科学院陈剑平院士课题组利用免疫荧光技术结合共聚焦电子显微技术分析了中国小麦花叶病毒(Chinese wheat mosaic virus, CWMV)从根进入韧皮部、木质部经筛管、导管进行快速长距离运输,并验证了37K蛋白通过跨膜结构域与果胶甲基酯化酶(pectin methyl esterases, PME)存在直接的相互作用,证明了37K蛋白是一个运动蛋白,研究结果发表于*Molecular Plant Pathology*和*Virology*。

(3) 植物病毒致病机制研究

浙江大学周雪平教授课题组发现双生病毒TYLCCNV卫星DNA编码的 β C1通过与甲基循环中的关键酶S-腺苷高半胱氨酸水解酶(SAHH)互作来降低SAHH的活性,从而达到抑制甲基化和TGS的目的。中国科学院微生物研究所郭惠珊研究员课题组与中国科学院遗传与发育生物学研究所谢旗研究员课题组合作,发现甜菜曲顶卷叶病毒(BSCTV)的沉默抑制子C2蛋白,与S-腺苷甲硫氨酸脱羧酶1(SAMDC1)互作,催化SAM脱羧成dcSAM,减少甲基化供体而干扰DNA甲基化介导的基因沉默。该研究对诠释作物抵御双生病毒侵染及双生病毒逃避作物防御的分子机制具有重要意义,并为植物抗病毒提供了新理论和新策略,研究结果分别发表于*PLoS Pathogens*和*The Plant Cell*。

(4) 病毒—介体—寄主互作研究

针对水稻矮缩病毒(Rice dwarf virus, RDV)在其传毒介体叶蝉细胞内的侵染循环过程,福建农林大学魏太云教授课题组揭示了RDV随介体叶蝉口针、食道到达滤室腔道,通过识别滤室上皮细胞专化性受体后以内吞作用进入细胞,并在非结构蛋白Pns6、Pns11和Pns12聚集形成的病毒基质内复制、装配,然后通过由非结构蛋白Pns10装配形成管状结构扩散到邻近细胞以及前肠、中肠、后肠等器官的过程,阐明了RDV在介体叶蝉体内扩散的机制,结果发表于*PLoS Pathogens*。周雪平教授课题组发现双生病毒TYLCCNV伴随的卫星TYLCCNB是双生病毒与介体烟粉虱建立互惠互作关系所必须的,进一步发现TYLCCNB所编码的 β C1蛋白是影响植物防御途径变化从而使得介体昆虫和病毒建立互惠关系的关键因子,揭示了植物防御信号途径介导的介体昆虫和病毒建立互惠关系的重要机制,结果发表于*Molecular Ecology*。郭惠珊研究员课题组研究发现黄瓜花叶病毒2b蛋白的核仁定位是体内2b-AGO互作所必需,进一步研究发现,CMV-2b蛋白通过结合dsRNA,而不是AGO蛋白,来实现其体内的抑制子活性,证明了体内抑制RNA沉默和

DNA 甲基化都不依赖于 2b-AGO 的相互作用, 研究结果发表于 *The Plant Cell*。该研究为 CMV-2b 和 RNA 沉默途径的关键效应 AGO 蛋白的互作生物学意义提出了新的思考和研究思路。

(5) 植物抗病毒机制研究

Rubisco 小亚基是叶绿体重要组分, 清华大学刘玉乐教授课题组发现 Rubisco 小亚基是一个新的与 ToMV 运动蛋白互作的蛋白, 参与烟草花叶病毒组病毒的运动、植物对病毒侵染的敏感性, 并涉及 Tm-2² 介导的极端病毒抗性, 这是第一个报道的 Tm-2² 抗病毒信号途径中的信号分子。第一次发现病毒抗性基因 Tm-2² 这一典型的极端抗病基因在转基因植物中也能产生典型的伴随超敏反应的抗病性, 并发现两种不同的抗病类型(典型的抗病性与极端抗病)本质上仅由于基因表达水平不同引起。以伴随有卫星 DNA 的中国番茄黄曲叶病毒(TYLCCNV)为研究对象, 周雪平教授课题组利用 TYLCCNV 的致病蛋白 β C1 为诱饵, 采用酵母双杂交技术从番茄 cDNA 文库中筛选到与 β C1 蛋白互作的寄主因子 SlSnRK1; 通过转基因过量表达及反义表达发现, SlSnRK1 参与了病毒的防卫反应; β C1 蛋白能被 SlSnRK1 蛋白磷酸化, 并且磷酸化的主要位点为 33 位的丝氨酸和 78 位的苏氨酸; 33 位和 78 位磷酸化位点突变后的 β C1 突变体侵染植物后发病延迟, 症状减弱, 并且在植物体内病毒 DNA 的积累量明显下降。该研究表明, 番茄 SlSnRK1 蛋白通过与 TYLCCNV 的致病蛋白 β C1 的互作并磷酸化 β C1 而减弱病毒对植物的危害。研究结果发表于 *Plant*。

2. 植物抗病虫功能基因组学

近年来, 我国科学家在植物抗病虫功能基因组学方面取得了重要进展。特别是在抗病虫重要基因的克隆和植物抗病虫机理研究方面获得了重要的原创性结果。同时利用基因组学, 获得了一批重要的致病病原物和重要作物害虫的基因组数据, 为下一步致病基因的发掘奠定了基础。

(1) 植物抗病虫相关基因的发掘

1) 植物激素与抗病性的相互关系研究。中国科学院上海植物生理生态研究所何祖华课题组与美国密歇根州立大学合作研究, 首次发现参与调控植物免疫(抗病)反应的茉莉酸(JA)可以使赤霉素(GA)信号的关键抑制子 DELLA 蛋白 SLR1 累积, 造成植株矮化; 当茉莉酸信号减弱时, SLR1 蛋白快速降解, 因此植株快速生长。研究成果对于抗病及高产协调的农作物设计育种提供了思路。IAA(吲哚乙酸)可以导致细胞壁松弛, 从而使水稻更易遭受病原物的侵染。华中农业大学王石平课题组研究发现在水稻中, 植物的抗病基因 *GH3-2* 能够催化形成具有抑制细胞壁松弛蛋白表达功能的 IAA-氨基酸连接物, 使病原物诱导产生的 IAA 钝化, 从而抑制病原诱导的 IAA 积累使得水稻产生基础抗性。此类基因将可以在培育广谱抗性的水稻中得以广泛应用。

2) 泛素化途径相关蛋白对稻瘟病的广谱抗病性的调节研究。浙江大学宋凤鸣课题组和中国科学院上海植物生理生态研究所何祖华课题组合作, 通过对稻瘟病和其他防卫激素诱导得到水稻基因进行表达谱分析, 分离获得一个受稻瘟病和防卫激素诱导的锌指蛋白

OsBBI1 (BLAST AND BTH-INDUCED 1) 参与对稻瘟病菌不同生理小种的广谱抗病反应。OsBBI1 具有 E3 连接酶的活性, 并且过量表达该蛋白能提高细胞内过氧化氢水平并使细胞壁增厚。暗示该蛋白可能通过调节细胞壁的抗病能力从而调控对稻瘟病的广谱抗病能力。该项研究为明确 E3 连接酶如何参与抗病过程提供了新的证据, 并且为稻瘟病广谱抗病性的遗传操作提供了新的线索。AvrPiz-t 是水稻广谱抗稻瘟病基因 *Piz-t* 相对应的稻瘟菌效应蛋白, 中国农业科学院植物保护研究所王国梁课题组发现, 稻瘟菌效应蛋白 AvrPiz-t 通过调控水稻泛素连接酶 APIP6 抑制水稻的 PTI (PAMP-triggered immunity) 过程。AvrPiz-t 能与 APIP6 互作并降解 APIP6。揭示了泛素蛋白酶体途径参与水稻稻瘟菌互作中的一种新作用机制, 为深入研究水稻—稻瘟菌互作的分子机制提供了新线索。

3) 植物基础防卫反应和系统获得性抗性的调控机制研究。北京生命科学研究所张跃林课题组克隆了 MEKK1-MKK1/MKK2-MPK4 蛋白激酶通路中的两个关键调控基因 UMM1 和 SUMM2, 并对其作用机制进行了分析。研究发现 MEKK1-MKK1/MKK2-MPK4 蛋白激酶通路负调控由 SUMM2 所介导的免疫反应, 并同时正调控植物的基础免疫反应。研究结果表明, SUMM2 作为一个抗性蛋白起作用, 一旦病原菌通过毒性蛋白阻断植物 MEKK1-MKK1/MKK2-MPK4 蛋白激酶通路, SUMM2 被激活并启动相应的免疫反应。而 SUMM1 编码 MEKK2 蛋白并可以与 MPK4 相互作用, 并且在体外可以被 MPK4 磷酸化。SUMM1 过量表达可以激活植物的抗病反应和细胞死亡, 而这些反应又依赖于 NB-LRR R 蛋白 SUMM2。最近该领域另一重要的研究成果是中国科学院遗传与发育研究所周俭民课题组与清华大学柴继杰课题组合作在 *Science* 杂志上发表了题为“Chitin-Induced Dimerization Activates a Plant Immune Receptor”的文章。该文章证明了植物先天免疫受体蛋白 AtCERK1 识别病原菌、激活免疫反应的生化机理。通过多种生化和功能分析以及结构生物学实验, 发现当植物宿主细胞感受到几丁质时, 植物细胞膜上的 CERK1 通过胞外 LysM 结构域二聚化来完成配体感应, 使其胞内结构域磷酸化并激活下游防卫反应信号通路。该项研究阐明了 CERK1 识别几丁质的分子机制和结合几丁质后的激活机制, 为理解植物免疫调控及其他受体激酶的作用方式提供了一个宝贵的模型。

4) 植物表观遗传抗病机制研究。中国农业科学院植物保护研究所王国梁课题组取得重要突破。研究发现 OsHDT701 是水稻中去乙酰化酶 HD2 亚家族的成员之一, 受稻瘟病菌侵染及 PAMPs 处理诱导表达。鉴定结果表明, OsHDT701 是水稻 PTI 过程的负调控因子, 并且 OsHDT701 通过抑制组蛋白乙酰化水平及 PTI 相关基因的表达, 负调控对稻瘟病菌 PAMP 诱导 PTI 的抗性。该研究揭示了组蛋白去乙酰化酶参与水稻抗病的一种新作用机制, 也将为农作物病害防控策略提供新思路。

5) 水稻锌指类蛋白对水稻白叶枯病抗性的调节研究。华中农业大学王石平教授课题组发现水稻中的一个 CCCH 型锌指蛋白——C3H12 参与了水稻对水稻黄单胞水稻致病变种的侵染调控。C3H12 可以正调控水稻对水稻黄单胞水稻致病变种的抗性, 而且其功能可能依赖于 JA 途径。

6) NBS-LRR 类抗病基因的分离及植物抗病中的作用机理研究。BS-LRR 类基因的分离

离和鉴定一直是抗病研究中的热点。华南农业大学潘庆华课题组在水稻中克隆出多个稻瘟病抗性基因。Pik 是 Pik 位点（位于水稻 11 号染色体长臂上）上 5 个经典的等位基因之一，克隆发现 NBS-LRR 结构的 Pik-1 和 Pik-2 的协同作用对 Pik 抗性的表达是必需的，而抗病基因 *Pi50 (t)* 和 *Pik-p* 被锁定在一段包含有 Pi2/Pi9 的长为 53kb 的序列上和水稻 11 号染色体长臂的 Pik 位点。Pid3 是一个具有稻瘟菌抗性的 NBS-LRR 蛋白质。在野生水稻中，其同源基因 *Pid3-A4* 组成性表达，并对一系列稻瘟病菌表现出独特的抗病谱。因此，*Pid3-A4* 可以在抗稻瘟病菌品种的选育中得以广泛应用。

7) 抗虫基因的发掘和研究。武汉大学何光存课题组与国内同行合作，经 14 年研究，成功从水稻中分离了抗褐飞虱基因 *BPh14*，这是国际上应用图位克隆法分离得到的第一例水稻抗虫基因。研究表明抗褐飞虱基因 *BPh14*，在褐飞虱侵染之后激活了水杨酸信号传导通路，诱导韧皮部细胞的胼胝质沉积以及胰蛋白酶抑制剂的产生，因此，降低了褐飞虱的取食、生长速率和寿命，从而使水稻免受危害。

8) 有关寄生蜂源抗虫基因的研究。浙江大学叶恭银课题组研究结果表明，蝶蛹金小蜂 (*Pteromalus puparum*) 毒液可以通过抑制其寄主清道夫受体基因的表达，从而削弱寄主的细胞免疫反应。此外，该寄生蜂毒液还可通过抑制寄主 C 型凝集素基因的表达，从而系统性的干扰寄主先天免疫反应，表明毒液能够有效的调控寄主重要的生理过程。目前已完成该蜂的毒腺转录组测序及毒液蛋白质组分析工作，并克隆获得了一批具有抑制寄主免疫反应功能的毒液蛋白编码基因。其结果预示着内寄生蜂毒液具有更好的选择特异性，其可能对脊椎动物，包括人等哺乳动物较为安全，具有良好的应用前景。国内学者还就其他植物害虫的寄生蜂及其活性因子开展了系列研究，并取得了一定进展。为该类型抗虫基因资源的有效利用奠定了理论和物质基础。

9) 微生物源抗虫基因资源发掘。苏云金芽胞杆菌在芽胞期产生一个或多个杀虫晶体蛋白 (insecticidal crystal proteins)，包括晶体蛋白 (crystal protein, Cry 蛋白) 和 Cyt 蛋白 (cytolytic protein)，它们又被称为 δ -内毒素。利用同源基因的克隆以及各种表达条件的优化，经过多年的研究获得了一系列高活力的杀虫基因。

根据 Crickmore 等于 1998 年提出新的杀虫晶体蛋白分类方法，截止到 2013 年 6 月，已经发现了 72 大类共计 720 种 Cry 蛋白，其中我国研究者共发现 300 种 (http://www.lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/)。由于 *Bt* 基因特异的杀虫活性、对人畜无害、不污染环境，因而在害虫的生物防治中得到了最广泛的应用。中国农业科学院植物保护研究所张杰课题组获得了一系列高活力的杀虫基因，发现并克隆的 *Bt cry* 基因达到 120 个，占国际 *cry* 新基因总数的 14%，包括对鳞翅目害虫高毒力的 *cry1Ah*、*cry1Ie*、*cry2Ah* 和 *cry9Ee* 基因，对鞘翅目高毒力的 *cry8Ea1*、*cry8Fa1*、*cry8Ga1*、*cry8Ha1* 和 *cry8Ia1* 等 12 种 *cry8* 类基因，并开展了微生物代谢调控机制与杀虫蛋白产量、芽胞杆菌芽胞形成机制与晶体形成关系等方面的研究，完成了苏云金芽胞杆菌 HD73 分离物的全基因组测序。在转基因重大专项的支持下，所获的新基因目前正在与国内单位合作开展转基因抗虫水稻、玉米、大豆、马铃薯、草坪草等研究。

(2) 重要代表性病原物和昆虫的基因组测序

我国在稻瘟病菌、白叶枯病菌、小麦赤霉病等重要病原物的基因组测序及其致病基因功能方面已有良好的研究基础，也已经完成麦类锈病、作物枯萎病等重要病害病原物的基因组测序工作。在昆虫的基因组测序方面，小菜蛾全基因组测序项目组在 *Nature Genetics* 上发表论文，在全基因组测序的基础上，分析了小菜蛾的进化地位、感觉相关基因及解毒作用相关基因，揭示了逆转录转座子和复杂的新陈代谢系统在小菜蛾抗药性发展过程中起关键性作用。小菜蛾基因组是全世界首个公开发布的鳞翅目昆虫原始类型基因组，也是第一个世界性鳞翅目害虫的基因组。其他如重要迁飞害虫东亚飞蝗全基因组序列测定，棉蚜全基因组序列测定已经完成，后续的工作正在研究中。除此之外，水稻重要害虫褐飞虱、棉花重要害虫绿盲蝽和蔬菜重要害虫烟粉虱等全基因组测序工作也正在进行中。

3. 昆虫化学生态学

昆虫化学生态学，主要研究昆虫之间、昆虫与植物或其他生物之间的化学联系规律，是植物保护的理论基础之一，对于害虫预测预报和防治、天敌保护、作物抗虫机理及其利用、生物农药开发等具有重要的指导作用。近年来在昆虫化学感受特性及分子机理方面研究进展显著。

(1) 昆虫感器形态研究

中国农业大学张龙教授研究组利用光镜和电镜技术对飞蝗的触角、下唇须、足、翅、尾须等器官的感受器类型和分布、超微结构进行了研究。中国科学院动物研究所王琛柱研究组利用顶端记录技术 (tip-recording technique)、成虫喙管伸长反应 (proboscis extension reflex, PER) 和取食行为对棉铃虫 (*Helicoverpa armigera*) 和烟青虫 (*Helicoverpa assulta*) 雌性成虫前足第五跗节 (tarsomere) 上的毛状化学感器按照化学感受特征进行了分类，共发现了 14 个味觉感器。

(2) 嗅觉受体研究

中国农业科学院植物保护研究所王桂荣研究组对我国重要的农业害虫棉铃虫触角的转录组进行了分析，鉴定了 47 个嗅觉受体，其中包括 6 个推测的信息素受体，12 个离子通道受体、26 个嗅觉结合蛋白。中国科学院动物所王琛柱研究组在研究棉铃虫和烟青虫的气味结合蛋白 (OBP) 过程中发现，这个家族中的一员 OBP10 不仅表达于触角，而且在雄虫精液中表达，并通过交配传递给雌性，最终出现于卵壳表面，而 OBP10 可结合生殖器官中分离到的化合物 1-dodecene (一种昆虫的驱避剂)。进一步根据亲和力实验和三维结构模拟结果，该研究组认为 OBP10 具有双重功能：①结合产卵驱避剂标记受精卵，用以避免幼虫之间自相残杀；②在产卵后可以感受到卵表面携带的驱避剂，以便于雌蛾更改产卵地点，提高幼虫成活率。中国农业大学张龙教授研究组首先鉴定了东亚飞蝗 (*Locusta migratoria manilensis*) 不同嗅觉结合蛋白和化学感受蛋白在胚胎发育中的时空表达，发现 OBPs 和 CSPs 表达时间不同，而 OBPs 则在不同类型的感受器中表达。中国农业科学院植物保护研究所对麦长管蚜 (*Sitobion avenae*) 气味结合蛋白 (OBPs) 及气味受体 (OR) 基

因进行克隆, 获得 7 种 *OBP* 基因, 一个 *Orco* 基因。

西南大学农业部蚕业实验室夏庆友教授研究组鉴定了 4 条新的味觉受体蛋白序列 (*BmGr66*–*BmGr69*), 利用细胞免疫荧光和 Beta- 半乳糖苷酶融合表达实验技术, 发现该受体和一个推测的苦味味觉受体 *BmGr53* 与跨膜拓扑结构与传统 GPCR 受体跨膜结构域插入方向相反, 即这些味觉受体胞内的 C 末端、胞外 N 末端。这是我国学者首次对昆虫味觉受体的结构进行阐述的报道。

(3) 昆虫化学感受的神经机理研究

中国科学院上海生命科学研究院神经科学研究所王佐仁研究员课题组的一篇关于果蝇兴奋性嗅觉中间神经元 (excitatory local interneurons, eLNs) 的功能联系和选择性气味反应作用的原创性研究论文刊登在国际神经学顶级期刊 *Neuron* 上, 首次揭示了 eLNs 的电生理特性以及它们与其他神经元的突触连接和作用机制, 对深入理解嗅觉编码的神经环路机制具有重要的基础理论意义。

4. 入侵生物学

近两年, 我国继续加强对生物入侵基础的立项研究, 开展了重要入侵物种的种群形成与扩散、重要入侵物种的适应性进化、重要入侵物种对土著种的竞争排斥机制与置换效应、生物入侵对生态系统结构与功能的影响等研究, 在理论上取得了一些突破性进展和成果。

(1) 烟粉虱种群扩张机制研究

入侵亚热带地区的 MEAM1 烟粉虱能正常生存可能与其体内 CuZnSOD 能高效去除高温环境下产生的过多氧自由基密切相关。超氧化物歧化酶 (SOD) 是昆虫体内抗氧化酶系的重要组成部分, 同时 SOD 的活性与昆虫的抗逆能力及寄主适应性有密切关系。克隆、表达并纯化了 MEAM1 烟粉虱体内 SOD 家族中的主要成员——CuZnSOD, 预测显示烟粉虱 CuZnSOD 的序列中无信号肽, 应该属于胞内 CuZnSOD 家族。对 MEAM1 雌性成虫设置了不同的高低温及时间的处理组合, 并对极端温度下虫体内的 CuZnSOD 酶活进行了测定。结果表明, 高温 (40℃) 与低温 (4℃) 环境下, 烟粉虱 CuZnSOD 活性都显著升高, 且高温下更明显。研究加深了对烟粉虱抗氧化系统的了解, 为探讨烟粉虱 MEAM1 隐种在各种逆境环境下的防御机制提供了新线索。

温度和寄主植物发育状态在入侵型烟粉虱与土著种竞争排斥中起重要作用。B 烟粉虱和温室粉虱对低温的适应性存在差异, 温室粉虱比 B 烟粉虱更适应在较低温度下生长繁殖, 相对较低的温度不利于 B 烟粉虱种群增长, 而相对较高的温度下 B 烟粉虱种群则增长迅速。这种对温度适应性差异是导致两种粉虱种群动态存在季节性差异的一个重要原因。成熟叶片和老熟叶片更利于 B 烟粉虱的发育和存活, 而对温室粉虱具有明显的不利影响。

在基因和蛋白水平系统阐明了 B 烟粉虱对噻虫嗪的抗性机制。通过对烟粉虱表达谱和蛋白质组的分析, 分别得到 1338 个和 52 个差异表达基因和蛋白。其中, 大部分基因和蛋

白都参与了解毒代谢途径，诱导烟粉虱产生抗性机制的主要原因与三大解毒代谢酶系的过量表达有关，包括细胞色素 P450s、谷胱甘肽转移酶（GSTs）和羧酸酯酶（CarEs），特别是 P450 基因家族的基因过量表达在烟粉虱对噻虫嗪药剂抗性产生过程中起重要作用，是诱导抗性产生的关键因子。

（2）稻水象甲共生菌研究

抗生素处理实验表明，稻水象甲在生殖上对 *Nardonella*、*Wolbachia* 等共生菌具有很强的依赖性，缺失这些菌即不能正常生殖，表现为后代卵不能孵化。这些结果暗示，在稻水象甲入侵及扩张过程中，包括 *Nardonella*、*Wolbachia* 等在内的内生菌发生了种类或数量上的变化，由于其中的一些菌与稻水象生殖密切相关，可推测内生菌的变化极有可能影响到了该种象甲的生殖，从而影响其入侵和种群扩张能力。

（3）紫茎泽兰生态适应机制研究

分析鉴定出了紫茎泽兰多个系列的分属萜烯类、百里酚类和奎尼酸类等类型的化合物（其中含十余种新化合物），并发现了其中有部分成分能显示化感作用，对一些农业病原微生物显示较明显的抑制作用。自紫茎泽兰植株组织中共探索解析出了 9 种百里酚类化学成分，其中有 8 种是新化合物（编号为 1—3，5—9），活性分析发现编号 3 化合物具有较显著的抗稻瘟菌孢子萌发的活性。研究结果不仅对 8 种新百里酚类天然产物的结构进行了系统解析，而且一定程度上显示，百里酚类成分在紫茎泽兰所具有的较强的防御病原菌入侵的过程中起重要作用。此外，从紫茎泽兰花组织中解析出了包括编号 1—3 的 3 种新化合物在内的共计 15 种化学成分，其中编号 2 新化合物也具有一定的抗稻瘟菌孢子萌发的活性。研究结果对于解析紫茎泽兰显著强的自我防御功能具有积极的推进意义。

明确了紫茎泽兰对土壤微生物的影响、反馈作用及其化感机制。紫茎泽兰通过改变土壤微生物的群落结构可以影响土壤的理化性质，从而促进其自身生长；研究明确了土壤丛枝菌根真菌对紫茎泽兰和伴生植物竞争的反馈影响机制，由此表明，丛枝菌根真菌有利于紫茎泽兰的生长，在与其他植物竞争时对紫茎泽兰产生偏利反馈。

（4）松材线虫对寄主松树适应性的分子机制研究

研究揭示了松材线虫 RxLR 效应子及其在寄主—病原菌互作中的作用，推测松材线虫在入侵寄主松树的过程中，首先分泌 RxLR effectors 蛋白，通过抑制寄主的防御反应，有利于线虫的入侵。松材线虫和共生菌组成一个完善的外来解毒物降解代谢网络，共同适应对松树寄主的寄生；松材线虫滞育形成和适应的基因功能验证：利用真菌介导松材线虫 RNAi 功能基因分析技术，揭示了 *daf-3*、*daf-9*、*daf-12*、*daf-16-1*、*daf-16-2* 等滞育调控基因对发育、繁殖量、脂肪积累等性状的影响效应，为进一步解析松材线虫繁殖—扩散转换的分子机制提供了依据。以马尾松主要挥发物 α -蒎烯和 β -蒎烯为靶标，研究发现马尾松挥发物 α -蒎烯和 β -蒎烯具有防御松材线虫和蓝变真菌入侵的作用。但松材线虫能利用马尾松挥发出的高浓度 α -蒎烯、 β -蒎烯和本地蓝变真菌 *Sporothrix* sp.1 获得更高的繁殖率以利于其入侵。

通过对松材线虫基因组和共生细菌宏基因组序列的 KEGG 功能分析，发现它们当中

参与解毒代谢的酶非常丰富，但其解毒代谢途径却完全不同，而且互为补充，推测共生细菌可协助松材线虫降解松树萜类化合物。松树富含松脂，其中包含多种萜类物质（以 α -pinene 为主）以及其他化合物。寄主遭受松材线虫侵染后，这些化合物（如苯甲酸等）含量明显增加，它们是寄主的防御代谢产物。早期研究证明，这些次生代谢化合物对松材线虫及其共生细菌的生长发育具有不利影响。松材线虫基因组中，解毒代谢与其他线虫相同，以 cytochrome P450 代谢途径为主，亦缺乏完整的松萜降解途径。相反，在共生细菌宏基因组中，解毒代谢则以苯甲酸降解及其相关途径为主，而且 α -pinene 降解代谢途径完整。表明，松材线虫和共生菌组成一个完善的外来解毒物降解代谢网络，共同适应对松树寄主的寄生。

5. 农业生物多样性控制病虫害主要机理研究

云南农业大学通过不同作物搭配、不同种植方式、不同群体结构、不同种植时间等 1000 多组试验研究，探明了作物多样性对病虫害的稀释和阻隔作用，明确了对改变微环境气象因子的效应；从病虫害流行的要素特征，阐释了作物多样性控制病虫害的主要机理，探明了品种抗性遗传异质与控病效应呈正相关，明确了品种遗传多样性减缓病害流行的作用机理以及作物多样性稀释病菌和阻隔病害传播的作用机理和作物多样性立体株群改变农田微环境气象因子减缓病害流行的机理。中国农业大学深入开展了农业生物多样性控病虫害增产的作物多样性根际互作机理研究，通过长期定位试验比较多样性种植和单一种植条件下产量的变化和土壤肥力的变化，证明多样性种植能够维持较高产量的同时，在高肥力土壤上能够维持土壤肥力，在低肥力土壤上能够提高土壤肥力，是可持续的种植体系。研究结果在一定程度上填补了国内外相关研究的空白，具有一定的新颖性；对多样性种植可持续发展和低肥力土壤的改良具有重要指导意义。云南农业大学并着手从作物多样性互作的化感作用入手，开展了寄主、病菌、化合物的相互关系研究。

（二）高新技术发展迅速

1. 植物抗病虫害基因工程研究

近年来，利用基因工程技术，得到了一系列抗病虫害的材料，为进一步培育植物抗病虫害品种建立了良好的储备。

应用 RNAi 和人工 miRNA 技术在植物抗病毒和抗虫方面取得了突破。利用黄瓜花叶病毒（CMV）部分复制酶基因和烟草花叶病毒（TMV）部分移动蛋白基因构建的发夹（hairpin）结构通过农杆菌介导的遗传转化，获得了对 CMV 和 TMV 免疫的转基因烟草。利用一个串联的 miRNA 同时表达 TGBp1 和 p25，获得了能同时抵抗 PVY 和 PVX 的转基因烟草。研究发现的靶标基因有玉米根虫的 V 型 ATP 酶基因、棉铃虫的蜕皮激素受体 *EcR* 基因和编码过氧化酶 Cyt P450 的 *CYP6AE14* 基因等，已经分别获得转基因拟南芥、烟草和棉花株系，对棉铃虫表现很好的抗性。

通过表达植物的抗病相关基因进行植物的抗病研究也取得了进展。如防卫素 *RsAFP2* 基因转入扬麦 12, 提高了植株对禾谷镰孢菌和禾谷丝核菌的抗性。将 *BoDFN* 转化花椰菜, 表现出对寄生霜霉抗性的增加。过量表达番茄的 *ERF1* 基因能够显著地增加番茄果实对黑根霉菌 (*Rhizopus nigricans*) 的抗性等。

植物抗虫基因工程方面也取得了实质性的进展, 不仅拥有一系列具有自主知识产权的高活性杀虫基因, 并针对主要粮食及经济作物害虫相继研发创制了抗虫棉花、玉米和水稻新品种。农业部依法批准发放了转植酸酶基因玉米“BVLA430101”、转基因抗虫水稻“华恢 1 号”及杂交种“Bt 汕优 63”的生产应用安全证书, 后者可以专一、高效地控制水稻二化螟、三化螟和稻纵卷叶螟等水稻鳞翅目害虫。同时多种 *Bt* 新基因正在用于国内转基因抗虫水稻、玉米、大豆、马铃薯、草坪草等研究, 其中, 抗玉米螟等害虫转 *cry1Ah* 基因玉米已进入生产性实验阶段; 抗蛴螬转 *cry8Ha* 基因玉米已完成中间试验阶段; 抗线虫转基因大豆也进入转基因安全评价的环境释放阶段。

2. 昆虫化学生态学

(1) 昆虫信息素鉴定及利用

昆虫信息素技术是当前重要的一项生物防治技术, 在世界上许多发达国家都非常重视。信息素在害虫防治、测报和检疫工作中的应用是解决由化学农药引起的一系列问题的重要途径, 也是全球害虫综合治理的发展趋势。

我国在昆虫信息素鉴定、昆虫信息素释放节律和昆虫信息素生物合成基因调控等方面, 近年来已取得重要进展。中国林业科学研究院张真研究组鉴定或进一步优化了云南松毛虫 (*Dendrolimus hui*)、思茅松毛虫 (*D.kikuchii*)、油松毛虫 (*D.tabulaeformis*)、靖远松叶蜂 (*Diprion jingyuanensis*) 的性信息素, 研制出松阿扁叶蜂 (*Acantholyda posticaalis*)、双条杉天牛 (*Semanotus bifasciatus*)、云南木蠹象 (*Pissodes yunnanensis*) 和华山松木蠹象 (*P.punctatus*) 的植物性引诱剂; 并在云南切梢小蠹 (*Tomicu yunnanensis*)、横坑切梢小蠹 (*T.minor*) 和短毛切梢小蠹 (*T.brevipilosus*) 的聚集信息素的研究方面也取得了初步进展, 研制了聚集信息素与寄主挥发物结合的诱芯。安世恒等 (2012) 在家蚕性信息素合成相关基因 (*desat1*, *FAR*, *PBARN*, *FATP*, *ACBP*, *OrailA*) 的研究中发现, 对于性信息素相关基因的表达, 保幼激素并不是一个关键的抑制因子, 进一步研究发现交配可以显著抑制这些基因的表达。这一结果为阐明性信息素的合成机制提供了一定的参考。喻修道 (2010) 以欧洲薄荷 (*Mentha × piperita*)、亚洲薄荷 (*Mentha haplocalyx* Briq)、黄花蒿 (*Artemisia annua*) 和花旗松 (*Pseudotsuga menziesii*) 为实验材料, 克隆了其中的 $E\beta F$ 合成酶基因并进行了功能分析, 而且将 *MhβFS1* 基因转入小麦, 目前正在检测转基因小麦能否释放 $E\beta F$ 及其对蚜虫的驱避性。

针对推广和应用中存在的性信息素产品的稳定性不高、化合物纯度不够、一些重要害虫性信息素的鉴定不完整或空白、地理区系差异等问题, 目前国家启动了公益性行业 (农业) 科研专项“昆虫性诱剂合成与缓释技术研究”, 期望通过有机合成和纯化线路、大批

量生产工艺探索,一些重要农业害虫完整性信息素的鉴定,花或植源性活性化合物的研究及其与性信息素的增效机制,生物和非生物因子对性信息素的释放和反应的影响及其相关应用技术的开发,形成一系列重要害虫性诱剂综合防控和测报技术。

(2) 植物信息化合物对昆虫(害虫、天敌)行为调控

中国科学院动物研究所康乐院士研究组在昆虫和寄主化学生态的研究方面,发现了茉莉酸介导的植物直接和间接防御存在生态适应的平衡现象:与具备完善的茉莉酸(jasmonic acid, JA)系统野生型番茄相比,JA缺失体番茄直接和间接防御斑潜蝇幼虫能力都被压制,但它对成蝇的吸引力降低,而过量表达体对斑潜蝇抗性最强。进一步研究表明,过量表达JA番茄间接防御的效果与野生型相比明显减弱,主要是因为其上的斑潜蝇个体小而引起寄生的“窗口”效应造成的。此外,该研究组还通过研究南美斑潜蝇为害拟南芥及其与健康植物交流后的基因组表达信息发现,乙烯(ET)途径在植物-植物交流中起到关键性的作用,而JA起到辅助的作用。

华南农业大学曾任森研究组揭示了昆虫适应作物中真菌毒素的奥秘以及宿主植物化感物质在调控广食性昆虫的细胞色素P450解毒酶系和抗药性中的特殊功能,利用真菌毒素在昆虫体内生物活化原理验证了昆虫诱导反防御策略的生态学成本。

浙江大学娄永根研究组对水稻诱导抗虫的机制进行了持续研究,主要发现水稻的诱导抗虫反应涉及众多代谢、生理生化等过程的重组,并受MAPKs、茉莉酸、水杨酸、乙烯和过氧化氢等众多信号转导途径的调控。揭示了茉莉酸信号转导途径在水稻防御不同为害习性害虫中发挥着不同作用,并鉴定了植物诱导防御反应中两类早期调控因子OsERF3和两种磷脂酶D($\alpha 4$ 和 $\alpha 5$),它们作用于茉莉酸、乙烯等信号途径的上游,通过影响这些重要信号转导途径可以对水稻的虫害诱导防御反应产生调控作用。同时鉴定了能诱导水稻产生抗虫性的化学激发子,建立了以芳樟醇基因启动子融合GUS报告基因为核心的高通量筛选化学激发子方法。

(3) 昆虫与植物互作化合物的开发利用

目前在害虫治理的“推一拉”策略中,基于蚜虫报警信息素的主要成分(反)- β -法尼烯(E- β -farnesene),对蚜虫行为调控和作为驱避剂开发应用潜力较大。中国农业科学院作物科学研究所转(反)- β -法尼烯合成酶基因小麦正在研制阶段。利用植物挥发物和蚜虫报警激素(反)- β -法尼烯的缓释技术在小麦和蔬菜蚜虫控制中取得很好的效果。中国农业科学院植物保护研究所与山东农业大学在农田中定期释放(反)- β -法尼烯,水杨酸甲酯和6-甲基-5-庚烯-2-酮等信息化合物缓释器,不仅有效降低了蚜虫的种群密度,而且还吸引了更多的自然天敌,提高害虫的生态调控作用。

3. 生物防治学

随着植物免疫学理论的快速发展,研究具有诱导植物免疫抗病的新型生物蛋白、多肽和多糖并将其开发成生物农药,用于控制当前化学农药难以奏效的植物系统性病害,是当今国内外研制生物杀菌剂的热点研究领域和新的生长点。壳寡糖是几丁质脱乙酰基后,经

酸解或酶解得到的可溶性碱性寡糖,研究发现它是一种有效的植物诱抗激发子,在植物病害防治上具有抑制病原菌的侵染、诱导植保素生成和激发植物自生抗性等作用。中国农业科学院植物保护研究所蛋白质药物工程组邱德文团队从植物病原真菌中筛选、分离具诱导植物抗病功能的蛋白激发子,研究其诱抗机理,创制蛋白质诱抗剂,获得显著进展。从极细链格孢、稻瘟菌、灰葡萄孢菌、大丽轮枝菌等病原真菌中发现了4个免疫新蛋白PebC1、MoHrip1、PevD1和Hrip1,这些效应蛋白能激发植物先天免疫,提高植物抗病性,促进植物健康生长。

4. 植物病虫害监测预警学

近年来,我国在病虫害监测预警方面,充分利用遥感、地理信息系统和全球定位系统(“3S”)技术、分子定量技术、生态环境建模分析和计算机网络信息交换技术,结合各种地理数据如病虫害发生的历史数据和作物布局及气象变化与预测等众多相关信息,采用空间分析、人工智能和模拟模型等手段和方法,开展系统和科学的分析,在此基础上进行预测预报和防治决策,将农作物病虫害的监测预警提高到一个新的高度。在水稻“两迁”害虫的监测、黏虫大发生的预警、小麦病虫害发生危害的监测预警等应用方面都取得了可喜的进展。

(1) 小麦白粉病监测预警新技术的研究

中国农业科学院植保所小麦白粉病实验室近年来利用地面高光谱、无人机遥感以及定容式孢子捕捉器对小麦白粉病的田间发生情况进行了多年的监测研究,建立了分别基于地面高光谱参数、低空数字图像以及空气中白粉菌分生孢子浓度的田间病害估计模型,为这些新技术在小麦白粉病监测中的应用奠定了基础。同时该实验室还对分子定量检测技术在小麦白粉病菌监测中的应用进行了研究,建立了 Real-time PCR 快速定量检测田间潜伏侵染的小麦白粉菌的方法和技术,采用此技术并通过田间试验,组建了分子病情指数(MDX)与田间病情指数(DX)的关系模型,为小麦白粉病田间流行趋势的早期预测提供了新的手段。在此研究的基础上,通过建立病菌孢子捕捉带上白粉菌孢子DNA提取技术,把已开发的小麦白粉病菌的 Real-time PCR 技术成功地应用于对定容式孢子捕捉器上捕捉的孢子的定量检测,大大提高了使用孢子捕捉器监测空气中病菌孢子浓度的准确性和工作效率。

(2) 昆虫雷达监测重大害虫研究

近年来,中国农业科学院植物保护研究所程登发和吴孔明研究团队组建的毫米波和厘米波昆虫雷达系统,布局于广西桂林兴安、山东省北隍城岛、内蒙古锡林浩特,加上河南省农业科学院植物保护研究所封洪强研究团队位于河南新乡的厘米波垂直监测昆虫雷达、南京农业大学翟保平研究团队位于江苏江浦的收发分离的垂直监测昆虫雷达和北京市农林科学院植保环保所石宝才研究团队位于北京延庆的厘米波垂直监测昆虫雷达,对我国主要迁飞性害虫如稻飞虱、稻纵卷叶螟、草地螟、黏虫、棉铃虫等开展了实时监测,在2008年草地螟大暴发和2012年黏虫大暴发提供了可靠的监测数据,为草地螟、黏虫的治理以

及稻飞虱防控决策做出了贡献。南京农业大学翟保平研究团队,结合昆虫雷达监测,开展了水稻两迁害虫虫源地考察,从2008年以来与全国多家研究单位合作组团,赴越老缅泰近30次,基本上明确了我国东部稻区(包括滇东、滇东南)两迁害虫的早期迁入虫源来自越南中南部和中部、老挝万象平原和沙湾拿吉及泰东北,主迁峰虫源来自越南红河三角洲,而滇西和滇西南的虫源来自缅甸伊洛瓦底平原和泰北。2011年、2013年的六次回迁种群考察,初步明确了回迁到越南的稻飞虱种群因食物链被打断而全军覆没,而春季迁入我国的稻飞虱种群源于越南中部稻区飞虱种群的重建。种群重建的虫源则来自于越南中南部沿海稻区广南、广义和平定三省,富安省及柬埔寨洞里萨湖周边稻区也能提供少量虫源。

(3) 水稻“两迁”害虫的实时监测

中国农业科学院植物保护研究所利用与成都锦江电子系统有限公司合作研发的毫米波扫描昆虫雷达在农业部广西桂林有害生物防治野外科学观测试验站开展水稻“两迁”害虫监测。对稻飞虱的迁飞过程的系统监测结果表明:秋季褐飞虱一般在300~1100m范围内密度较高,分别在300~400m、500~700m和800~1100m范围内形成三个虫层。在褐飞虱迁飞高峰期,一般日落之后雷达回波就开始增加,回波一般在20:00时左右达到最大,凌晨之后空中回波数量明显减少,有时后半夜也会出现回波高峰,回波高峰持续到次日5:00时以后才逐渐消失。毫米波昆虫雷达观测到了褐飞虱定向迁飞现象,秋季大致呈南—北定向,与当时的东北风向呈一定的夹角。稻飞虱在年度间的迁入高峰期和迁入量都有一定的差异,但大体上迁飞走向是一致的,5、6月份的虫源主要是在西南气流的运载下,从广西南部及越南北部迁入而来。随着本地早稻的成熟,在西南气流的支持下稻飞虱将飞往湖南中东部稻区,在24小时的迁飞长度下将到达安徽中部以及河南西南部稻区。秋季的迁飞较复杂,因为我国南北水稻并不是严格的从北向南依次成熟,在稻飞虱从北部迁向桂东北地区时,本地因水稻处于成熟期也存在向外迁出的虫源,在东北风发生变化的情况下,稻飞虱有可能不向南迁,而发生方向不定的“乱迁”和“回迁”,湖南中东部地区是秋季迁入广西兴安的主要虫源地。秋季从广西兴安迁出的褐飞虱经过12小时的迁飞主要到达广西中部稻区,24小时后主要到达广西西南部稻区。稻飞虱前期迁入受降雨影响较大,一般每次的迁入都伴随着降雨,在迁飞高峰期垂直气流都比较微弱,因而对其影响不明显。

(4) 马铃薯晚疫病监测预警系统的研究和应用

农业部全国农业技术推广服务中心与比利时瓦隆区农业工程中心合作,对由比利时引进的马铃薯晚疫病监测预警系统,通过不断创新,改进硬件设备,研发软件系统,可通过互联网上报数据、查询数据同步等需要,满足系统内部的办公自动化的需要。将监测终端、无线通信、Web技术、地理信息系统(GIS)、疫病知识、防治建议有机地结合在一起,利用现代通信手段和计算机技术进行信息收集与综合分析,能够对监测地的马铃薯晚疫病信息进行实时监测、预警和诊断。并在马铃薯生长期全程实时监测田间温湿度等环境因子,分析并预测疫病田间流行时间,对农户种植的马铃薯是否需要药剂防治进行科学的预测决策,从而在及时组织预防、降低病害损失方面取得良好的效果。

（5）蚜虫监测预警网络系统的建立

中国科学院动物研究所与有关企业联合，借鉴英国和美国的吸虫塔工作原理，成功研发出国产吸虫塔。在我国东北、华北、华中、华东、西北等地安装了 21 台吸虫塔。初步构建了覆盖我国小麦和大豆主要产区的基于吸虫塔的蚜虫迁移动态的监测预警系统，为其综合防控提供重要的监测数据。初步建成的基于吸虫塔蚜虫预警网络及其试运行结果表明，该网络所获得的数据不仅可以作为蚜虫发生为害预警的重要依据，为早期制定和布置防控措施提供依据，而且同时也可以作为其他小型迁飞性害虫的测报预警的重要手段，该网络系统将为我国包括蚜虫在内的小型迁飞性害虫的早期预警和指导防控做出重要贡献。

（三）关键技术有重大突破

1. 小麦条锈病菌源区勘界和异地测报技术

以中国农业科学院植物保护研究所陈万权研究员研究组为牵头单位的全国小麦锈病和白粉病研究协作组，通过多年的协作攻关，在中国小麦条锈病菌源区勘界、异地测报以及生态治理技术体系应用和成效等方面取得了重大创新与突破。明确了全国小麦条锈病大区流行的关键因素，构建了以小麦条锈病菌源基地秋季菌源数量为基础、结合小麦品种布局和气候发生趋势分析的病害发生趋势中长期异地测报技术体系，准确率达到 100%。《小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系的构建与应用》成果获得了 2012 年国家科技进步奖一等奖。

2. 植物病毒控制技术

针对近年来暴发的南方水稻黑条矮缩病毒病，全国南方水稻黑条矮缩病联防联控专家组深入云南、贵州、湖南、江西、广西、广东、福建、江苏、浙江、安徽、河北等省自治区建立试验示范基地，开展了南方水稻黑条矮缩病以及其他病毒病害如水稻锯齿叶矮缩病、水稻黑条矮缩病和玉米粗缩病的防控技术开发和集成研究。考虑我国各地具体的种植习惯和病害发生情况，将物理和生态防治技术、种子处理技术、秧田阻断虫源技术（异地育秧技术、秧田覆网防虫技术）等单项技术与水稻全程免疫防控技术进行有机的组装和集成。经全国南方黑条矮缩病重灾区云南施甸、隆川、湖南浏阳、江西大余、贵州荔波、湖南江华、广西桂林多点千亩田连片大面积示范应用，总结出“虫病兼治、免疫激活、区域治理”的水稻病毒病防控技术，对传媒害虫传播的水稻病毒病的防控效果良好，达到了病害有效控制和农药减量使用的目的。

针对柑橘病毒病害，中国农业科学院柑橘研究所周常勇研究员团队建立微量快速核酸模板制备技术和茎尖脱毒效果早期评价技术，解决了短时隔监测果树病毒技术难题，脱毒进程由以往的 3 年缩短为 1 年；建立了全套柑橘病毒类病害分子检测技术体系、同时可检测 10 种病害的基因芯片，完成了 12 万余样次快速检测量，结合 99 个苗圃和采穗圃，年育苗能力达 1.15 亿株，其中柑橘无病毒容器苗繁育技术被农业部列为全国 10 大农业主推技术；同时构建了柑橘无病毒三级良繁技术体系，保障了产业发展用种安全；筛选出对柑

橘衰退病毒 (*Citrus tristeza virus*, CTV) 有保护作用的弱毒疫苗, 区试后可经三级良繁体系推广应用。上述成果获 2012 年度国家科技进步奖二等奖。

3. 生物防治技术

近年来, 在国家的重视与支持下, 生物防治技术研发工作取得重大突破, 在防控农作物病虫害中, 发挥了重要作用。并获得国家多项成果奖励: 由华南农业大学教授徐汉虹主持的“鱼藤酮生物农药产业体系的构建及关键技术集成”、福建农林大学关雄教授主持的“细菌农药新资源及产业化新技术新工艺研究”、中国农业大学王琦教授主持的“芽胞杆菌生物杀菌剂的研制与应用”获 2010 年国家科学技术进步奖二等奖。同时在获得 2011 和 2012 年国家科技进步二等奖的成果中, 由福建农林大学尤民生教授主持的“十字花科蔬菜主要害虫灾变机理及其持续控制关键技术”、湖南人文科技学院柏连阳教授主持的“水田杂草安全高效防控技术研究与应用”, 生物防治研究与应用技术都是该两项成果的主要研究和应用内容。可见生物防治的功能已得到植保界的广泛认可, 并将其作为绿色防控不可缺少的组成部分。

(1) 昆虫天敌的研究与应用

国内至今研究较多、利用较成功的寄生蜂种类有: 赤眼蜂、平腹小蜂、实蝇茧蜂、管氏肿腿蜂、花角蚜小蜂、周氏啮小蜂、丽蚜小蜂、斑潜蝇茧蜂、蚜茧蜂、缨小蜂等。应用寄生蜂控制重要害虫的生物防治对象主要有 20 多种, 如橘小实蝇 (*Bactrocera dorsalis*)、荔枝蝽 (*Tessaratoma papillosa*)、美洲斑潜蝇 (*Liriomyza sativae*)、南美斑潜蝇 (*Liriomyza huidobrensis*)、美国白蛾 (*Hyphantria cunea*)、烟粉虱 (*Bemisia tabaci*)、松突圆蚧 (*Hemiberlesia pitysophila*)、玉米螟 (*Ostrinia fumacalis*)、椰心叶甲 (*Brontispa longissima*)、烟蚜 (桃蚜) (*Myzus persicae*) 等。近年来, 福建农林大学对橘小实蝇的寄生蜂阿里山潜蝇茧蜂、布氏潜蝇茧蜂、长尾潜蝇茧蜂及切割潜蝇茧蜂在进行了系统生物学和生态学研究基础上, 现可大批量人工培养以上 4 种寄生蜂并应用于田间释放。

在捕食螨的研发方面, 从 2009 年开始, 通过捕食螨资源调查, 已采集捕食螨数十万头, 190 余种, 制作玻片标本 12000 多片, 发现植绥螨科捕食螨 2 新种——鼎湖山新小绥螨和崆峒山真绥螨。筛选出 17 种捕食螨品种。同时较为集中的对叶螨的捕食螨捕食功能反应、温度对功能反应的影响、不同温度下的实验种群生命表以及苹果园中叶螨、镰螯螨和芬兰真绥螨三者间的时空动态进行了研究。通过对蓟马的捕食螨研究, 表明用以防治西方花蓟马的主要捕食螨品种有巴氏新小绥螨、胡瓜新小绥螨、剑毛帕厉螨、少毛钝绥螨和栗真绥螨等。并对其捕食作用、对为害大棚茄子的西方花蓟马及白粉虱的控制作用进行了研究。徐学农等 (2012) 提出在植株上释放巴氏新小绥螨控制蓟马的初孵若虫、在土表释放剑毛帕厉螨控制蓟马入土化蛹的老熟若虫及蛹、挂放黄、蓝板诱杀蓟马的成虫, 组成对蓟马的几个虫态的全方位的立体防控技术, 已达到很好的控制蓟马危害的效果。粉虱的捕食螨研究, 除了发掘本土的粉虱捕食螨资源以及开发已有品种对粉虱捕食的新用途外, 中国农业科学院植物保护研究所 2012 年从荷兰引进了斯氏钝绥螨。目前正在评价其与中国

本土捕食螨如巴氏新小绥螨、拟长毛钝绥螨等间的兼性捕食作用。同时国内有关科研单位,还对植物线虫的捕食螨和木虱的捕食螨开展了研究,取得较好的研究进展。在捕食螨饲养与规模化生产及纯品获得技术研究方面,根据捕食螨的食性,可用花粉、粉螨及叶螨进行捕食螨的饲养与规模化生产,目前已通过两个捕食螨的饲养地方标准:分别是福建省地方标准——捕食螨生产技术规程及河北省地方标准——巴氏新小绥螨人工繁育技术规程。批量获得捕食螨纯品一直是比较困难的,特别是把捕食螨从饲养介质如麦麸中分离出来。中国农业科学院植物保护研究所建立了成功分离技术,可获得智利小植绥螨纯品。

(2) 生物杀菌剂的研究与创制

近年来,生防芽胞杆菌(*Bacillus* spp.)、食线虫真菌等开发研究取得了显著的成绩。我国利用枯草芽胞杆菌防治植物病害的应用研究达到了世界先进水平,现已开发出一批已进行农药登记的生防作用优良的枯草芽胞杆菌(*Bacillus subtilis*)菌株,如Bs-916、B908、B3、B903、BL03、XM16、BII、PRs5、ZH-2。

利用食线虫微生物资源创制生物杀线虫剂的研究受到普遍重视。食线虫真菌侵染性体壁降解蛋白酶的纯化和基因克隆等方面取得了重大的进展,筛选出1株具有较强杀线虫活性的枯草芽胞杆菌新种*Bacillus nematocida* B16。从微生物和植物资源中已发现了一批结构多样的天然杀线虫小分子化合物,并开展了部分代谢调控和作用机制研究,取得可喜的成绩。

4. 重大入侵昆虫的检测监测新技术

首次创建了重大入侵昆虫DNA条形码鉴定技术与远程比对分析系统,极大地缩短了入侵生物检测的时间。采用DNA条形码通用型引物,通过对靶标DNA片段的序列比对与分析,首次建立了“样品保存→DNA提取→PCR扩增→序列测定→相似性比对→种类确定→二维识别码转换”的DNA条形码鉴定技术。构建了实蝇类DNA条形码识别系统,完成了来自多个国家的实蝇种类鉴定,显著提高了鉴定识别的准确性,缩短了鉴定周期(从10~15d缩至12~48h),可对5属185种具重要经济价值的入侵实蝇害虫进行种类鉴定。构建了蓟马类DNA条形码识别系统,完成了来自5个国家18个西花蓟马地理种群的鉴定,可对3科35属133种具有重要经济价值的蓟马类害虫进行种类识别。

研制的重要入侵生物监测新技术,解决了人工调查存在时空间隙与疫情暴发难以及时发现难题。针对传统野外考察工作中卡片式填写程序繁琐、工作量大且难以定位,对采集数据完整性无法实时掌控,业内数据录入工作量大,数据出错概率高等问题,研发了基于PDA的入侵生物野外数据和图像自动采集仪及实时远程传输软件系统。本系统集成GPS模块、图像采集模块和无线通信模块,实现了入侵生物的基础数据采集、经纬度数据采集、图像数据采集及其实时上传。针对入侵植物病害、入侵节肢动物和入侵植物等,分别制作了普查和标准地调查电子表单共计24套,建立了适用于田间调查的入侵生物野外数据采集软件系统。针对局部发生的毁灭性重大入侵害虫苹果蠹蛾、柑橘大实蝇等可自主扩散或被动传播的问题,将专一性性诱/食诱与红外电子感应、全球定位系统、视频监控、

3G 无线通信、数据访问接口和地理信息系统等技术集成,建立了我国重大入侵害虫实时远程监控的信息采集、处理与发布技术体系,形成了用于大区域无线远程自动识别与监测的设备。

5. 农业生物多样性控制病虫害技术

利用农业生物多样性持续控制作物病虫害,是近年来国内外的研究热点之一。该领域的研究主要是应用生物多样性和生态学原理,利用分子生物技术和其他高新技术,从遗传多样性,物种多样性和生态多样性出发,研究作物的分子、细胞、个体、群体间的相互关联和相互作用阐明农业生物个体之间相互依存、相互制约的基本规律,明确通过农业生物多样性控制病虫害的分子基础及其相互关系,建立品种优化搭配、优化群体种植模式的技术参数、技术标准和规程。生物多样性控制植物病虫害研究,是多学科交叉形成的新研究领域,不仅在理论上具有重要的学术意义,而且实践证明有着十分广阔的应用前景。

(1) 利用遗传多样性种植持续控制作物病害

1) 利用水稻品种多样性控制病害。云南农业大学在利用水稻遗传多样性控制稻瘟病方面进行了深入研究,在完成大量水稻品种遗传多样性分析的基础上,筛选最佳品种搭配组合,在田间进行多样性优化种植。深入研究了不同品种搭配和不同种植模式对稻瘟病的防治效果,开展了水稻多样性混栽田块中稻瘟病菌群体遗传结构、田间稻瘟病菌孢子空间分布、田间发病环境条件等研究。完成了水稻品种抗病基因和候选抗病基因的多样性研究及大量的水稻品种农艺性状、经济性状分析,明确了水稻遗传多样性控制稻瘟病的分子机制和品种优化搭配规律,建立了筛选品种组合的技术体系,筛选了大量的品种组合,完成了田间试验的示范验证。在多年试验研究的基础上,构建了品种混栽的技术参数和推广操作技术规程,建立了利用水稻遗传多样性持续控制稻瘟病的理论和技术体系,探索出了一条简单易行的控制稻瘟病的新途径。

2) 利用小麦品种多样性控制病害。中国农业科学院植物保护研究所利用抗小麦条锈病近等基因系分析不同混合方式的抗病效应,通过不同小麦品系混播对条锈病的防治效果以及抗病基因丰富度对小麦条锈病菌生理小种的影响研究,结果表明,用小麦不同近等基因系品种进行不同的两两组合混播可降低条锈病严重度的日增长率,并能够明显看出混合种植有利于降低优势生理小种的出现频率,促进小麦条锈病菌生理小种的稳定性进化。小麦不同品系/品种组合的间作与不同品系/品种单作的病情曲线面积(AUDPC)比较分析,混作的种植模式下同样对小麦条锈病有控制作用。且不同组合产量和千粒重的比较发现,间作比单作的产量增加,且增产明显;小麦籽粒粗蛋白含量增加,改善了小麦的品质,符合我们在田间筛选合理搭配品种组合重要原则,做到筛选抗病增产组合且提高品质。

3) 利用物种多样性种植持续控制作物病害。在利用物种多样性控制作物病害方面,云南农业大学经过近 20 年的研究,深入开展了不同作物间多样性种植控制作物病害的效应、原理和应用技术等方面的研究,在利用作物多样性控制病害方面取得了明显的进展。一是明确了在农业生态系统中作物品种多样性是调控病害的基本要素;二是明确了作物品

种多样性调控病害的效应和作用；三是建立了作物品种多样性时空优化配置调控病害的应用模式和技术规程，并在生产上大面积推广应用；四是初步解析了作物品种多样性稀释病菌、阻隔病虫害协同作用、诱导抗性和改善农田小气候等物理学、气象学和生物学方面的主要因素，为阐明作物多样性调控病虫害的作用机理打下了良好的基础，为利用作物多样性种植控制病害，增加粮食产量做出了重要贡献。

这些研究从栽培生态角度提出了利用物种多样性时空优化配置控制病害的新途径。通过不同生态区禾本科与豆类、禾本科与薯类等 36 个作物品种搭配的 384 组控制病虫害的试验研究，结果表明对主要病虫害控制效果在 16% ~ 88% 之间，探明了控制效应与作物类型、株高株型、种植方式和时间等因素相关，明确了农田生态系统中作物多样性是控制病虫害流行的重要因素之一，利用物种多样性能够有效控制病害。

(2) 利用作物多样性配置控制作物害虫

农田作物多样性可为捕食性天敌和寄生性天敌提供所需的食物（特别是花蜜和花粉）、避难所和替代寄主等基本资源，使得天敌在害虫种群附近便可得到一切所需，而不需要到很远的地方去寻觅。增加生物多样性可使天敌替代猎物的种群密度增加，亦可增加其他可利用资源的数量。与此同时，可增加替代猎物在作物系统中的存在时间和增加替代猎物种群的空间均匀度，从而使天敌能够在较长时间内留于田地中。因此，利用生物多样性调控昆虫种群达到生态控制害虫，减少危害损失已成为害虫综合治理的重要内容。

云南农业大学进行了玉米与马铃薯多样性种植控制马铃薯块茎蛾、蚕豆与小麦多样性种植控制斑潜蝇、麦长管蚜，甘蔗与大豆、花生、玉米多样性控制甘蔗植株上蓟马及蜘蛛的研究。此外，甘蔗与玉米间作对玉米植株的玉米螟着卵量、茎秆蛀食率、雌穗受害率及收获后百粒虫量均有显著的降低作用，间作田玉米植株平均蛀茎率比玉米单作降低 48.43%，玉米雌穗受害率降低 62.1%。

特定作物的间作或套作，能干扰害虫赖以寻找寄主的视觉或嗅觉刺激，从而影响了害虫对寄主植物的定向；通过利用较大或较高的非寄主植物作为有效的隐藏寄主植物的屏障，从而增加了害虫定殖的难度。例如，Altieri 和 Doll 利用高秆植株玉米作为屏障来保护豆类植株使其不受害虫的侵害。间作套种适宜作物也可改变生境内的微环境和害虫的运动行为，致使害虫从寄主植物中迁出，导致寄主植物上的害虫下降。福建农林大学开展了不同蔬菜对小菜蛾的行为影响研究。小菜蛾对小白菜、芥蓝、番茄和辣椒这四种蔬菜的行为不同。小白菜植株对小菜蛾雌虫具有较强的引诱力，芥蓝次之，其次是番茄、辣椒。

此外，作物多样性的农田中，寄主植物的挥发性次生物质、背景、色彩、形状以及植物表面结构等对昆虫的取食、产卵、聚集及交配行为都会产生不同的影响。如大豆玉米间作提高了赤眼蜂对棉铃虫卵的寄生率、玉米—大豆—番茄混作提高了赤眼蜂种群密度。

(3) 立体种养控制作物害虫

复合立体种植模式具有复杂的结构、化学环境以及综合小气候。云南农业大学研究发现，在云南元阳梯田立体气候条件下，白背飞虱在传统地方水稻品种上聚集原因存在差异，白脚老粳、白皮糯、车甲谷、过沙谷、红脚老粳、冷水谷、慢车红略、糯谷、香谷、

小谷、月亮谷 11 个传统品种上个体间呈相互吸引，而在阿佩谷、黄皮糯、老皮谷、花谷与早谷品种上个体间表现为相互排斥。浙江大学、华南农业大学以延续了 1200 年历史的稻鱼系统为研究范例，揭示物种之间的正相互作用是物种多样性维持农业系统稳定的重要机理，研究结果以封面论文的形式在 *PNAS* 上发表。这篇论文研究了农业生物多样性降低水稻生产对农药和化肥的依赖程度，进一步研究发现，由于生物之间（稻和鱼）的相互作用可降低病虫害的发生。同时，生物之间（稻和鱼）互补利用氮素，是维持土壤肥力和降低化肥使用的原因。

此外，果园合理种植覆盖作物除了可以提高营养吸收水平、改善土壤物理结构和土壤湿度外，还具有抑制杂草生长、保护天敌，提高天敌对害虫的控制作用等良好的功效。如苹果园种植白香草木樨可明显增加天敌拟长毛钝绥螨和中华草蛉的数量，降低了山楂叶螨种群数量；苹果园中交替刈割方式可使有益昆虫保留在树下的覆盖植物中，避免二斑叶螨的暴发；苹果园以 3:3:1 的比例种植黑麦草、三叶草和苜蓿后，可有效保护苹果棉蚜的主要天敌如草蛉，而提高对苹果棉蚜的控制作用。

三、植物保护学学科国内外研究进展比较

（一）植物病毒学

国内科学家在植物 RNA 沉默机制及其组分的功能研究，以及病毒沉默抑制子去甲基化功能解析方面，取得了有国际竞争力的研究成果，多篇论文发表于 *Plant Cell*、*PLoS Pathogens* 等国际一流期刊。针对 RDV、RSV、RBSDV、SRBSDV 和 TYLCV 等病毒，国内科学家在病毒分子检测、病毒运动蛋白的功能鉴定等方面病毒功能基因研究方面的研究水平也与国际持平。但在深入的蛋白功能细节研究，尤其是如何与介体细胞、植物细胞内组分互作，协同完成功能仍是下一步研究的重点，相对来讲，国内在此方面仍有探索、发展空间。在介体传病毒的作用机制方面，以昆虫组织解剖为基础揭示了多个重要病毒在昆虫体内循环机理，研究特色明显，在国际上具有一定显示度，但仍需以介体传病毒视为昆虫病毒，从而借鉴昆虫病毒研究领域的研究内容开展工作。在病毒致病机制研究方面，建立了植物互作蛋白筛选体系，并陆续开展了工作，解析其在致病过程中的作用，但从基因、蛋白、小 RNA、组织、器官等不同层面解析病毒基因、病毒小 RNA、蛋白及病毒粒子本身如何导致植物病害发生的研究工作方面与国际前沿仍有一定差距。

（二）植物抗病虫功能基因组学

我国基本形成了一支以中青年为主的植物抗病虫功能基因组学研究队伍，并做出了具有较高国际显示度的、较为系统的研究工作，在基础研究方面与国际上的差距正在缩小。

在抗虫基因工程、病原细菌及卵菌效应蛋白调控植物生理代谢、植物基础防卫反应和系统获得性抗性的调控机制、水稻抗病虫基因的克隆与功能解析、植物激素与抗病性的相互关系、广谱持久抗性的分子机制、表观遗传机制在植物抗病过程中的作用机制、病原微生物及昆虫组学研究、病毒沉默抑制子的功能分析、人工合成 miRNA 抗病毒新机制等多个领域做出了一流研究成果，多篇论文在 *Science*、*Nature*、*Cell Host & Microbe*、*PNAS*、*The Plant Cell* 等高水平杂志上发表。但与欧美等发达国家相比，我国在植物抗病虫功能基因组学的整体水平仍存在较大差距。

（三）昆虫化学生态学

昆虫化学感受特性及分子机理研究，国外主要集中在果蝇和蚊类等模式昆虫上，而国内在主要昆虫类群上都有所体现；同时国内外研究存在以下相同问题：多数化学感受蛋白的功能尚无鉴定；嗅觉化学感受研究多，味觉研究相对较少；分子生物学等研究较多，形态学和解剖学等研究相对较少；昆虫化学感受较少提出具有重大创新性的理论和发现；多数研究尚为基础研究，距离实践应用，防治害虫和利用益虫上还有一段距离。

我国研制成功的重要害虫的性信息素已有近百种，为科研人员研究和应用昆虫性信息素防治害虫提供了可靠的保障。国际上在昆虫信息素的分离、鉴定、合成和利用方面，已形成了非常完整的体系，而我国对于昆虫信息素的分离和鉴定，与国际上差距不大，但在合成和利用方面存在明显不足；同时，我国存在重研究、轻应用的倾向，没有形成产学研相结合的良好机制和氛围，信息素产品研发和田间应用明显不足。

我国目前对于植物信息化合物作用机理、行为影响方面的研究，可以说与国际上差距不大，但总的来说系统性不够，许多研究停留在表面上，有些只是粗提物的生测，很难在机理和应用上提高水平。在植物信息化合物对昆虫生理和行为研究方面，我国大部分实验室利用的都是触角电位技术和嗅觉仪，只有个别实验室有风洞，这限制了对于信息化合物功能的准确认识，也不能为化合物的田间应用探索准确的剂量和浓度。与昆虫性信息素一样，我国对于植物化合物的很多研究，只是以研究为主，田间应用方面还有很大差距。

我国大量研究围绕有害生物为害后植物信息化合物的生物合成途径的关键酶及相关基因的变化，在其调控机理方面与国外的研究还存在较大差距，但我国结合农业害虫综合治理技术，在植物挥发物对昆虫行为调控的研发与应用方面，开展了相关研究工作。目前生态调控及行为调控应用研究与国际水平相当。但在基础研究的系统性及自主知识产权的产品开发方面落后于发达国家。

（四）生物防治学

1. 天敌昆虫生防技术的集成和大规模应用的配套技术缺乏研究

寄生蜂研究我国经过多代科技人员的努力，整体水平基本达到国际先进，某些领域已

达国际领先。然而，与发达国家相比，天敌昆虫生物防治技术实际应用于害虫控制仍有相当的差距，无论应用的天敌种类和应用的广度较北欧和北美一些国家低得多。

2. 昆虫消化酶抑制剂国内外同处在起步阶段

我国此领域研究队伍还需扩大，对昆虫消化酶的生理生化基础研究与发达国家有差距，需重视立项，组织科研队伍，赶上发达国家，为新一类杀虫剂——昆虫消化酶抑制剂创制奠定基础。

3. 芽胞杆菌的研究与制剂品种和应用规模

与发达国家相比仍有差距。美国迄今已有 3 株枯草芽胞杆菌和 1 株解淀粉芽胞杆菌获得环保局（EPA）商品化或有限商品化生产应用许可，可防治蔬菜、樱桃、葡萄、葫芦和胡桃的白粉病、霜霉病、疫病、灰霉病等病害。解淀粉芽胞杆菌作为杀菌剂登记的同时，因其具有促进植物生长功能而登记为植物生长调节剂。德国将解淀粉芽胞杆菌生防菌株 FZB42 用于微生物肥料；澳大利亚开发了对麦类和胡萝卜立枯病以及其他土传病害具有很好防治和增产作用的枯草芽胞杆菌 A-13。

4. 研发以各种效应子为主要成分的诱抗剂

近年来以各种效应子为主要成分的诱抗剂研发已成为当前国际杀菌剂创制备受关注的研究领域。国际几家大的农化公司已经相继开发出了诱抗剂产品，如 Messenger、Oxycom、KeyPlex、Actigard、NCI、Chitosan 等。我国已登记的有自主知识产权的诱抗功能生物农药产品主要有氨基寡糖素、脱落酸、激活蛋白等少数产品，由于诱抗剂是一类新产品，在我国目前尚处在开辟市场阶段，要赶上和超过国际先进水平还需在应用基础研究和高效制剂创制上加大力度。

5. 我国的食线虫微生物研究已进入先进行列

但成果转化产品并大面积多作物应用尚需努力。发达国家商品生物杀线虫剂的研制与应用较我国先进。1978 年国际上就开发成功由 *A.robusta* 菌种研制而成的第一个生物杀线虫剂商品，1995 年南非 BCP 公司注册了 Pl Plus 的产品，该产品主要利用淡紫拟青霉防治香蕉、马铃薯、烤烟以及柑橘等重要经济农作物的病原线虫害。在国内，刘杏忠等（1991）报道了定殖于大豆孢囊线虫的真菌有 15 个属，并开展了用淡紫拟青霉制成的控制大豆孢囊线虫包根剂（SRBP）大面积田间示范，但至今国内还只有此菌的一个菌剂品种，其市场份额还很有限。

（五）入侵生物学

目前，国际上许多国家包括澳大利亚、南非、美国、加拿大和日本等以及欧洲的一些

国家均制定了一系列的行动计划和研究项目，并予以长期稳定的资助。如澳大利亚外来入侵物种研究的行动计划——海洋入侵物种研究，欧洲生物入侵管理的行动计划（包括欧洲2010年生物多样性指标计划、欧盟第六框架计划综合工程——大尺度生物多样性风险评估及评估方法检验、外来植物入侵对地中海岛屿生态系统的危害研究、欧洲外来入侵物种目录等），南非外来入侵植物地图数据库项目，美国生物入侵管理的行动计划（包括入侵者数据库系统、水生外来物种研究项目、新英格兰州外来入侵植物地图计划、德国外来物种潜在入侵性鉴别评估和风险管理等），加拿大生物入侵和扩散研究网络项目，以及日本生物入侵管理的行动计划——西南部岛屿瓜实蝇根除计划等。这些行动计划和项目主要针对外来入侵物种对生物多样性、生态系统的影响及其风险预警和风险管理等方面开展了大量的科学研究，建立了外来入侵物种数据库并形成了共享机制。

鉴于外来生物入侵日益严峻的发展态势，2003年、2009年科技部通过“973”计划，连续两期立项分别开展“农林危险生物入侵机理与控制基础”和“重要外来物种入侵的生态影响机制与监控基础”研究；“十一五”期间，科技部通过科技支撑计划，在创建农林外来入侵生物的防控技术体系及发展有效的预防预警、监测检测、应急处理和区域减灾等应用技术研究方面，给予了重点支持；2007年科技部通过基础性工作专项，开展了“中国外来入侵物种及其安全性考察”；与此同时，国家自然科学基金委员会也对外来入侵生物的预防与控制等方面予以了一定资助。在这些项目的支持下，我国生物入侵研究在入侵物种种群形成与扩张机制、生态适应与进化机制以及重要入侵物种对土著种的竞争排斥机制与置换效应、预警和监控技术基础等方面取得了突破性的进展和成果，上述研究成果已在 *Science*、*Biological Invasions*、*Plant Cell*、*New Phytologist*、*Molecular Ecology* 等国际权威刊物上发表，为我国入侵生物的防控提供了重要的科学理论和技术方法支撑，具备了在这一新领域与国际一流水平同等对话与交流的能力。

然而，就国外生物入侵学科研究的发展趋势而言，入侵生物的检测和监测手段及其自动化水平尚有待提高，高度危险的潜在的外来有害生物的检测方法和标准尚未形成体系，还远远不能满足维护国家安全、应对国内突发事件的实际需求；持久的对国内外疫情调查、风险分析以及疫情数据库管理等方面尚有待进一步完善和加强；利用转基因技术控制入侵害虫的研究刚刚起步，与国外研究还存在相当大的差距。

（六）植物病虫害监测预警学

目前国际上在农作物生物灾害的监测方面，“3S”（遥感、地理信息系统和全球定位系统）技术、生态环境建模分析和计算机网络信息交换技术的应用开展了较为深入的研究，并已经初步应用于农作物病虫害的监测与治理。主要发展趋势是利用昆虫雷达、卫星遥感等开展农作物病虫害的遥感监测，获得田间农作物病虫害发生危害的动态数据。在准确及时监测的基础上，通过地理信息系统分析，结合人工智能、模型和专家系统，开展病虫害发生危害的预警和防治决策；通过计算机网络信息系统和电视预报系统等进行信息发布，

以指导农业生产上的病虫害防治。

我国在农作物病虫害监测预警研究和应用的许多方面已经取得了突破性进展。利用“3S”技术、生态环境建模分析和计算机网络信息交换技术,结合各种地理数据,如病虫害发生的历史数据和作物布局及气象变化与预测等众多相关信息,采用空间分析、人工智能和模拟模型等手段和方法,开展系统和科学的分析,在此基础上进行预测预报和防治决策,将农作物病虫害的监测预警提高到一个新的高度。同时,逐步从人工调查向自动化和信息化发展,使其监测预警的结果更加准确可靠。

总体说来,我国在农作物病虫害监测预警研究和应用的许多方面与国外先进水平相比,尽管起步比较晚,但其研究水平已基本与国际先进水平接轨,当前严峻的生物灾害形势和农业可持续发展的重大需求,迫切需要进一步加强这方面的研究工作。

(七) 农业生物多样性控制病虫害技术

目前国际上对生物多样性的研究热点主要表现在:生物多样性变化与生态系统功能、生物多样性和生态系统服务的价值评估、生物多样性与气候变化、生物多样性的长期动态监测、生物多样性的评价指标。从国内外研究现状来看,众多学者在生态系统服务功能的理论框架、评估技术与方法和案例研究等方面做了较为全面的探索,并已经开始进行生态系统服务功能形成和变化机制及其驱动力的研究。但是,农业复合种植系统的服务功能研究甚少,大多研究主要针对单一生态系统进行。云南农业大学朱有勇院士团队近年来进行的农业生物多样性控制病虫害的研究,创新点突出,一是阐明了降雨高峰与病虫害发生高峰的叠加规律,并利用物种多样性优化配置消减叠加效应,显著降低病虫害危害和促进增产;二是明确了物种多样性控制病虫害的基本原理,利用物种多样性时空合理配置等方法,凸显了物种多样性对病虫害稀释阻隔及相互制约等生态功能,有效地减缓病虫害流行;三是探明了物种根际互作过程的主要机理,并利用物种合理配置促进营养利用,增加生物固氮,增强作物抗逆性;四是集成物种多样性时空优化配置要素,构建控制病虫害促进增产的技术体系。发展绿色植保,缓解农药不合理使用状况,是我国植保行业重要的研发领域。这些研究顺应了绿色植保发展的方向,得到了同行专家学者的认同,国内同行评价认为,此项研究为应用生物多样性促进粮食安全提供了成功范例,国际上尚无类似系统和规模化的成功研究。

四、植物保护学学科发展趋势及展望

(一) 植物病毒学

在未来几年,结合高通量测序的小RNA分析技术、转录组分析技术、蛋白质组质谱

分析技术等新技术,开展大规模、高通量的研究工作,将为植物病毒学科研究发展注入新的活力。如高通量测序为发现大量植物体内不为人所知的新病毒提供了契机,也使得解析病毒来源 siRNA 功能以及植物内源 miRNA 在植物病毒侵染过程中的作用成为可能。以水稻病毒及其介体昆虫、番茄斑萎病毒及其介体、双生病毒及其介体为主要对象,汇集昆虫学家、病毒学家和植物学家形成多学科交叉创新研究团队,开展介体昆虫—病毒—寄主植物三者间互作关系的研究,将是未来国内植物病毒学科研究的重要内容。另外,从病毒—寄主植物互作的角度解析病毒对寄主生理和生化代谢及蛋白翻译等的影响和调控,阐明病毒致病机制;以 RNA 沉默为切入点解析植物参与抗病毒侵染过程的抗性机制,也是植物病毒学科需持续深入研究的内容之一,也是制定有效的防控手段的基础。

(二) 植物抗病虫害功能基因组学

作为植物科学最具前沿性和应用性的领域之一,植物抗病虫害功能基因组学的研究已经为作物抗病虫害分子育种工作做出了令人瞩目的实际贡献。面向农作物病虫害日益严重的现实,面向保障国家粮食安全的战略需求和学科深入发展的需要,本领域需要进一步凝练研究方向,争取在重大的抗病虫害机制上取得突破。以水稻、小麦等重要农作物的病虫害为主要研究对象,系统开展其基因组与功能基因解析研究,为深入研究病虫成灾与调控机制,以及病虫害控制新理论与新方法奠定基础信息;综合运用基因组学、转录组学、蛋白质组学、生物信息学等现代生命科学理论,以及包括基因工程技术、转基因技术、RNA 干扰技术等在内的现代生物技术,系统深入研究重要农业病虫害的免疫防御、生长发育、抗逆性(抗农药、抗极端气温等)等生命活动本质的机制,为病虫害成灾机制的揭示以及培育兼具广谱、持久抗性和高产、稳产特性的作物优良新品种提供理论依据。

(三) 昆虫化学生态学

以我国重要经济昆虫家蚕和重要农业害虫棉铃虫等为研究对象,系统开展嗅觉和味觉基因挖掘和功能鉴定工作,并深入揭示嗅觉和味觉识别的机制,为深入开发重要资源昆虫和控制重要农业害虫的猖獗为害提供理论基础。应用转基因技术研究植物与昆虫相互作用的机理。鼓励更多实验室开展昆虫信息素合成途径的研究,并把研究成果应用到害虫防治中。在研究和应用机制上,加强国内同行间的合作与交流,加强生物学家和化学家的合作,形成发现现象—提取鉴定化学物质—生物测定—有效化合物的合成—行为测定—田间应用的良性循环,进一步推动该领域的研究。

(四) 生物防治学

1) 加强我国生物防治的基础研究和应用基础研究。要注重天敌与害虫的互作机制、

农田食物网作物—害虫—天敌间的信息网与通讯机制、天敌控害作用的评价方法研究；注重寄生蜂的寄生生理生化机理研究，探究寄生蜂在寄生过程中的寄生因子的特殊生理功能，以这些活性物质为资源研制新型生防制剂或转基因作物，为害虫生物防治开辟新的途径提供科学依据。

2) 重视我国捕食螨的营养生理与生殖生理研究、人工饲料配方和高效率饲养猎物等规模化生产技术研究、大面积释放简易技术等研究。将捕食螨发展为一种天敌产品，像北美和北欧一些国家可大量应用于生产，尤其应用于控制温室园艺作物的小型吸汁性有害生物如叶螨、蓟马、粉虱、蚜虫等。

3) 加强芽胞杆菌遗传改良研究。增强其抗菌活性和扩大抑菌谱，提高定殖水平和防效，创制高效、多功能的新芽胞杆菌生物菌剂，拓展更大的农药市场。

4) 重视植物免疫诱抗剂生物药物的研究与创制，推动生物农药升级换代和推动行业的发展。目前诱抗剂的产品相对稀少，尚不能满足绿色产品生产的需求。我国与发达国家在植物免疫诱抗剂生物农药的基础研究和制剂创制水平还都处在同一起跑线上，我国已有一支植物免疫诱抗剂生物农药的研究队伍，加之可开发为植物疫苗的生物资源丰富，此产业大有发展的空间。

5) 应用现代研究技术加深微生物对线虫作用的分子机制的研究。随着基因测序技术的发展，基因组学、转录组学和蛋白组学等新技术在食线虫微生物研究中的应用日益广泛和深入，这些新方法和新技术的应用，将有助于微生物对线虫作用的分子机制的深入揭示，为高效的线虫生物防控产品的创制与应用提供理论基础。

(五) 入侵生物学

针对我国目前入侵生物学基础研究与应用研究以及基础设施的薄弱环节，还需要加强以下几方面的研究与建设。

1) 全面开展外来入侵物种的普查与安全性考察。在全国范围内有计划地在不同生态系统中开展外来入侵物种的普查工作，摸清家底，明确我国外来入侵物种的种类、分布、生存环境、危害特性、传播扩散的途径与方式以及对经济与生态影响的效应与特征。

2) 建立完整的数据库系统及其信息共享平台。结合我国的国情、已入侵物种的状况、潜在危险性物种入侵的趋势等，全面收集与整合入侵生物信息，构建入侵生物信息数据库系统及其共享技术平台，提升我国入侵物种预防、控制与管理水平。

3) 建设严格的隔离检疫安全设施、完善检疫制度。针对有意识引进的生物引种，需要完善和建立林业、农业、渔业引种的国家级检疫隔离基地，不同部门建立授权的专门检疫实验室及大型野外隔离检疫设施；同时，规范引种的制度体系，严格审批程序，加强后续监督与管理。

4) 建立监测预警网络体系与技术平台。针对已传入的危险性入侵生物需要建立长期

的野外监测点、前沿扩散点，实时监测其扩散动态，逐级上报，形成监测预警的网络体系及共享平台。

5) 建设国家级生物入侵专门研究机构体系。在农业领域，建设集规模化、系统化、自动化和安全性于一体的高标准的外来入侵生物的国家级研究中心，以及配备齐全的基础设施。

(六) 植物病虫害监测预警学

随着“3S”技术、图像识别、分子生物学技术等相关学科如空气生物学、生物气象学、数学模型的不断发展，大大促进了病虫害的监测预警学科的发展，一些技术如GPS技术、GIS技术、孢子捕捉技术已普遍的应用于病虫害调查和研究中，遥感（包括雷达）技术也已显现它广阔的应用前景，而且随着卫星和雷达分辨率的提高和高分辨率卫星如Quickbird、IKONOS、GeoEye等应用的广泛性，可实现对植物病虫害整体的、实时的和动态监测和分析，特别是近年来实时定量PCR分子检测技术和物联网技术的发展，为病虫害的早期监测和预警提供了强有力的工具。因此未来的植物病虫害的监测和预警，将具备微观和宏观的双重手段，这样才能全面提高对病虫害的监测预警准确性，尽管国内的一些研究单位或实验室已在这方面做了一些工作，但总体来说目前这些新技术在生产上应用还比较薄弱，今后还应加强这方面的工作，以提高我国植物病虫害监测和预警的水平。

(七) 农业生物多样性控制病虫害技术

近年来，农业生物多样性学科领域的研究的重点之一，是揭示生物与环境之间以及生物之间所发生的物质循环、能量流动和信息传递。对生物多样性与生产力，多样性与稳定性，多样性与可持续性的研究也逐步增多。结合我国农业生产实际和特点，以主要农作物为研究对象，尤其是结合作物多样性栽培进行，对从基因、群体、生态到景观四个不同层面进行生物多样性变化与生态系统功能的分析，不仅对于促进农业生物多样性理论的发展有重要作用，而且能够将应用技术的研发和集成创新有机结合，形成具有我国特色的研发体系。从利用作物多样性调控病虫害到提高土壤肥力，提高作物生产力，发展可持续农业等亟须解决的关键问题，近年来都越来越受到国内外高度重视。此外，从化感作用方面研究农业生物多样性控制作物病虫害的机理也成为研究热点，化学物质是如何在利用多样性种植系统中影响寄主和病原物，植物与病原物、害虫之间的化学感应又是如何启动和作用？探索其中的关键问题和机理以及进一步拓展农业生物多样性控制病虫害的应用将是今后该学科发展的方向。

参考文献

- [1] Chen Q, Chen H, Mao Q, et al. Tubular structure induced by a plant virus facilitates viral spread in its vector insect [J]. PLoS Pathogens, 2013, 8 (11): e1003032.
- [2] Duan C G, Fang Y Y, Zhou B J, et al. Suppression of Arabidopsis ARGONAUTE1 Mediated Slicing, Transgene-Induced RNA Silencing, and DNA Methylation by Distinct Domains of the Cucumber mosaic virus 2b Protein [J]. Plant Cell, 2012, 24: 259-274.
- [3] Jia D, Guo N, Chen H, et al. Assembly of the viroplasm by viral non-structural protein Pns10 is essential for persistent infection of rice ragged stunt virus in its insect vector [J]. J Gen Virol, 2012, 93: 2299-2309.
- [4] Ren B, Guo Y Y, Gao F, et al. Multiple functions of Pns10 encoded by Rice dwarf virus Pns10 in suppressing systemic RNA silencing [J]. Journal of Virology, 2010, 84: 12914-12923.
- [5] Shen Q T, Liu Z, Song F M, et al. Tomato SLSnRK1 protein interacts with and phosphorylates β C1, a pathogenesis protein encoded by a geminivirus betasatellite [J]. Plant Physiology, 2011, 157 (3): 1394-1406.
- [6] Yang X, Xie Y, Raja P, et al. Suppression of methylation-mediated transcriptional gene silencing by β C1-SAHH protein interaction during geminivirus-betasatellite infection [J]. PLoS Pathogens, 2011, 7 (10): e1002329.
- [7] Zhang H, Zhao L, Liu S, et al. Tm-2² Confers Different Resistance Responses against Tobacco mosaic virus Dependent on Its Expression Level [J]. Mol. Plant, 2012, doi: 10.1093/mp/sss153.
- [8] Zhang H M, Yang J, Chen J P, et al. A blackstreaked dwarf disease on rice in China is caused by a novel fijivirus [J]. Arch Virol, 2008, 153: 1893-1898.
- [9] Zhang Z, Chen H, Huang X, et al. BSCTV C2 attenuates the degradation of SAMDC1 to suppress DNA methylation-mediated gene silencing in Arabidopsis [J]. Plant Cell, 2011, 23: 273-288.
- [10] Zhou G H, Wen J J, Cai D J, et al. southern rice black-streaked dwarf virus: a new proposed Fijivirus species in the family Reoviridae [J]. Chinese Science Bulletin, 2008, 53 (23): 3677-3685.
- [11] Liu T, Liu Z, Song C, et al. Chitin-induced dimerization activates a plant immune receptor [J]. Science, 2012, 336: 1160-1164.
- [12] Lv Q, Xu X, Shang J, et al. Functional analysis of Pid3-A4, an ortholog of rice blast resistance gene *Pid3* revealed by allele mining in common wild rice [J]. Phytopathology, 2013.
- [13] Du B, Zhang W, Liu B, et al. Identification and characterization of *Bph14*, a gene conferring resistance to brown planthopper in rice [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2009, 106: 22163-22168.
- [14] 宋福平, 黄大昉, 张杰, 等. 一种人工合成的对鞘翅目害虫高毒力的 Bt cry8 基因序列 [P]. 国家发明专利, 2007, ZL200410009807.8.
- [15] Xue J, Zhou Z, Song F, et al. Identification of the minimal active fragment of the Cry1Ah toxin [J]. Biotechnol Lett, 2011, 33: 531-537.
- [16] 束长龙, 苏慧琴, 宋福平, 等. 苏云金芽胞杆菌 cry9E 基因, 蛋白及其应用 [P]. 国家发明专利, 2011, ZL200910241555.4
- [17] 宋福平, 郎志宏, 张杰, 等. 对鞘翅目害虫高效的苏云金芽胞杆菌菌株和基因 [P]. 国家发明专利, 2007, ZL200410009808.2.
- [18] Song F, Peng Q, Brillard J, et al. A multicomponent sugar phosphate sensor system specifically induced in *Bacillus cereus* during infection of the insect gut [J]. FASEB J, 2012, 26: 3336-3350.
- [19] Du L, Qiu L, Peng Q, et al. Identification of the promoter in the intergenic region between *orf1* and *cry8Ea1* controlled by Sigma H factor [J]. Appl Environ Microb, 2012, 78: 4164-4168.
- [20] Yang H, Wang P, Peng Q, et al. The *cry1Ac* gene is weakly transcribed in non-sporulating *Bacillus thuringiensis* cells [J]. Appl Environ Microb, 2012, 78: 6466-6474.

- [21] Yang J, Peng Q, Chen Z, et al. Transcriptional Regulation and Characteristics of a Novel N-Acetylmuramoyl-l-Alanine Amidase Gene Involved in *Bacillus thuringiensis* Mother Cell Lysis [J]. *J Bacteriol*, 2013, 195: 2887-2897.
- [22] Liu G, Song L, Shu C, et al. Complete genome sequence of *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* strain HD73 [J]. *Genome Announcements*, 2013, 1: e0008013.
- [23] Zhang YF, Huang LQ, Ge F, et al. Tarsal taste neurons of *Helicoverpa assulta* (Guenée) respond to sugars and amino acids, suggesting a role in feeding and oviposition [J]. *J Insect Physiol*, 2011, 57: 1332-1340.
- [24] Yu Y, Zhou S, Zhang S, et al. Fine structure of the sensilla and immunolocalisation of odorant binding proteins in the cerci of the migratory locust, *Locusta migratoria* [J]. *J Insect Sci*, 2011, 11: 50.
- [25] Guo H, Huang LQ, Pelosi P, et al. Three pheromone-binding proteins help segregation between two *Helicoverpa* species utilizing the same pheromone components [J]. *Insect Biochem Mol Biol*, 2012, 42: 708-716.
- [26] Sun YL, Huang LQ, Pelosi P, et al. A lysine at the C-terminus of an odorant-binding protein is involved in binding aldehyde pheromone components in two *Helicoverpa* species [J]. *PLoS ONE*, 2013, 8: e55132.
- [27] Zhang S, Wei J, Kang L. Transcriptional analysis of *Arabidopsis thaliana* response to lima bean volatiles [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7: e35867.
- [28] Zhou G, Wang X, Yan F, et al. Genome-wide transcriptional changes and defence-related chemical profiling of rice in response to infestation by the rice striped stem borer *Chilo suppressalis* [J]. *Physiol Plant*, 2011, 143: 21-40.
- [29] Lu J, Ju HP, Zhou GX, et al. An EAR-motif-containing ERF transcription factor regulates herbivore-induced signaling, defense and resistance in rice [J]. *Plant Journal*, 2011, 68: 583-596.
- [30] Qi J, Zhou G, Yang L, et al. The chloroplast-localized phospholipases D alpha4 and alpha5 regulate herbivore-induced direct and indirect defenses in rice [J]. *Plant Physiol*, 2011, 157: 1987-1999.
- [31] Xin Z, Yu Z, Erb M, et al. The broad-leaf herbicide 2, 4-dichlorophenoxyacetic acid turns rice into a living trap for a major insect pest and a parasitic wasp [J]. *New Phytol*, 2012, 194: 498-510.
- [32] Tong X, Qi J, Zhu X, et al. The rice hydroperoxide lyase OsHPL3 functions in defense responses by modulating the oxylipin pathway [J]. *Plant J*, 2012, 71: 763-775.
- [33] 陈学新, 任顺祥, 张帆, 等. 天敌昆虫控害机制与可持续利用 [J]. *应用昆虫学报*, 2013, 50 (1): 9-18.
- [34] Fanrong Zeng, Xiaojing Wang, Jinjie Cui, et al. Effects of a New Microbial α -Amylase Inhibitor Protein on *Helicoverpa armigera* Larvae [J]. *J. Agric. Food Chem.*, 2013, 61 (9): 2028-2032.
- [35] Zhao YY, Liu F, Yang G, You MS. PsOr1, a potential target for RNA interference-based pest management [J]. *Insect Molecular Biology*, 2011, 20: 97-104.
- [36] 陈霞, 张艳璇, 季洁, 林坚贞. 9 种农药对黄瓜新绥蚜若蚜和卵的影响 [J]. *中国生物防治学报*, 2011b, 27: 43-49.
- [37] 罗楚平, 王晓宇, 陈志谊, 等. 枯草芽胞杆菌 Bs916 中脂肽抗生素 Bacillomycin L 的操纵子结构及生物活性 [J]. *中国农业科学*, 2010, 43 (22): 4624-4634.
- [38] 张薇, 杨秀芬, 邱德文, 等. 激活蛋白 PeaT1 诱导烟草对 TMV 的系统抗性 [J]. *植物病理学报*, 2010, 40 (3): 290-299.
- [39] Hongyan Zhang, Xiaoming Zhao, Jinli Yang, et al. Nitric oxide production and its functional link with OIPK in tobacco defense response elicited by chitooligosaccharide [J]. *Plant Cell Rep*, 2011, 30: 1153-1162.
- [40] Yang J., Wang L., Ji X., et al. Genomic and proteomic analyses of the fungus *Arthrobotrys oligospora* provide insights into nematode-trap formation [J]. *PLoS Pathogens*. 2011, 7 (9): e1002179.
- [41] 张颖, 李国红, 张克勤. 食线虫真菌资源研究概况 [J]. *菌物学报*. 2011, 30 (6): 836-845.
- [42] 乔玮娜, 万方浩, 张爱兵, 闵亮, 张桂芬. DNA 条形码技术在田间常见蓟马种类识别中的应用 [J]. *昆虫学报*, 2012, 55 (3): 344-356.
- [43] 田雪亮, 茆振川, 陈国华, 谢丙炎. 松材线虫与伴生微生物的生态关系 [J]. *应用生态学报*, 2011, 22 (3): 810-815.
- [44] 万方浩, 严盈, 杨国庆, 杨瑞. 入侵生物学学科形成与发展. 见: 万方浩, 谢丙炎, 杨国庆等 著. 入侵

- 生物学 [C]. 北京: 科学出版社. 2011, 3-53.
- [45] 万方浩, 褚栋, 谢丙炎, 郭建英, 杨国庆. 中国生物入侵管理的发展战略与行动计划. 见: 万方浩, 谢丙炎, 杨国庆等著. 入侵生物学 [C]. 北京: 科学出版社. 2008, 250-268.
- [46] 王瑞, 万方浩. 国外生物入侵管理的行动规划. 见: 万方浩, 谢丙炎, 褚栋等编著. 生物入侵: 管理篇 [C]. 北京: 科学出版社. 2008, 97-114.
- [47] 于文清, 刘万学, 桂富荣, 等. 外来植物紫茎泽兰入侵对土壤理化性质及丛枝菌根真菌 (AMF) 群落的影响 [J]. 生态学报, 2012, 32 (22): 7027-7035.
- [48] Chen SJ, Lu F, Cheng JA, Jiang MX, Way MO. Identification and biological role of the endosymbionts *Wolbachia* in rice water weevil (Coleoptera: Curculionidae) [J]. *Environmental Entomology*, 2012, 41 (3): 469-477.
- [49] Li JM, Su YL, Gao XL, et al. Molecular characterization and oxidative stress response of an intracellular Cu/Zn superoxide dismutase (CuZnSOD) of the whitefly, *Bemisia tabaci* [J]. *Archives of Insect Biochemistry & Physiology*, 2011, 77 (3): 118-133.
- [50] Li ZM, Li ZH, Wang FX, Lin W, Wu JJ. TBIS: a web-based expert system for identification of Tephritid fruit flies in China based on DNA barcode [C]. CCTA 2010: In: Computer and Computing Technologies in Agriculture, Part III, IFIP AICT, 2011, 346: 563-571.
- [51] Niu HT, Zhao LL, Min Lu, Zhang S, Sun JH. The ratio and concentration of two monoterpenes mediate fecundity of the pinewood nematode and growth of its associated fungi [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7 (2): e31716.
- [52] Xie M, Wan FH, Chen YH, Wu G. Effects of temperature on the growth and reproduction characteristics of *Bemisia tabaci* B-biotype and *Trialeurodes vaporariorum* [J]. *J Appl Entomol*, 2011, 135: 252-257.
- [53] Xie W, Yang X, Wang SL, et al. Comparison of the gene expression profiles of thiamethoxam-resistant and susceptible B-biotype *Bemisia tabaci* [J]. *Journal of Insect Science*, 2012, 12: 46
- [54] Zhang GF, Wan FH. Suitability changes with host leaf age for *Bemisia tabaci* B biotype and *Trialeurodes vaporariorum* [J]. *Environmental Entomology*, 2012, 41 (5): 1125-1130.
- [55] Chapman J.W., Drake V. A., Reynolds R.D. Recent insights from radar studies of insect flight [J]. *Annual Review of Entomology*, 2011, 56: 337-356.
- [56] Chapman J.W., Nesbit R.L., Burgin L.E., et al. Flight orientation behaviors promote optimal migration trajectories in high-flying insects [J]. *Science*, 2010, 327 (5966): 682-685.
- [57] Chapman J.W., Reynolds D.R., Hill J.K., et al. A seasonal switch in compass orientation in a high-flying migrant moth [J]. *Current Biology*, 2008, 18 (19): R908-R909.
- [58] Xueren Cao, Xiayu Duan, Yilin Zhou, Yong Luo. Dynamics in concentrations of *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* conidia and its relationship to local weather conditions. and disease index in wheat [J]. *Eur J Plant Pathol*, 2012, 132: 525-535.
- [59] Xueren Cao, Yong Luo, Yilin Zhou, Xiayu Duan, Dengfa Cheng. Detection of powdery mildew in two winter wheat cultivars using canopy hyperspectral reflectance [J]. *Crop Protection*, 2013, 45: 124-131.
- [60] 蒋春先, 齐会会, 孙明阳, 等. 2010年广西兴安地区稻纵卷叶螟发生动态及迁飞轨迹分析 [J]. 生态学报, 2011, 31 (21): 6495-6504.
- [61] 蒋月丽, 武予清, 段云, 等. 吸虫塔诱捕的昆虫种类及对麦蚜的监测效果研究 [J]. 应用昆虫学报, 2011, 48 (6): 1708-1714.
- [62] 齐会会, 张云慧, 程登发, 等. 褐飞虱 2009 年秋季回迁的雷达监测及轨迹分析 [J]. 昆虫学报, 2010, 53 (11): 1256-1264.
- [63] 齐会会, 张云慧, 蒋春先, 等. 广西东北部稻区白背飞虱早期迁入虫源分析 [J]. 中国农业科学, 2011, 44 (16): 3333-3342.
- [64] 张云慧, 张智, 姜玉英, 等. 2012 年三代黏虫大发生原因初步分析 [J]. 植物保护, 2012, 38 (5): 1-8.
- [65] Leung H., Zhu Y.Y., Imelda Revilla-Molina, et al. Using genetic diversity to achieve sustainable rice disease management [J]. *Plant Disease*, 2003, 87: 1155-1169.
- [66] Li C., He X., Zhu Y. et al. Crop Diversity for yield increase [J]. *PLoS ONE*, 2009, 4 (11): E8049.1-7.

- [67] Matian, W.S., Crop strength through diversity [J]. Nature, 2000, 406: 681-682.
- [68] Picasso VD, Brummer EC, Liebman M, et al. Crop species diversity affects productivity and weed suppression in perennial polycultures under two management strategies [J]. Crop Sci., 2008, 48: 331-342.
- [69] Trenbath B R. Intercropping for the management of pests and diseases [J]. Field Crops Research, 1993, 34: 381-405.
- [70] Zhu Y Y, Wang Y Y, Chen H R, et al. Conserving Traditional Rice Varieties Through Management For Crop Diversity [J]. Bioscience, 2003. 53 (2): 158-162.
- [71] Zhu Y Y, Chen H R, Fan J H, et al. Genetic diversity and disease control in rice [J]. Nature, 2000. 406: 718-722.
- [72] 朱有勇主编. 遗传多样性与作物病害控制 [M]. 北京: 科学出版社, 2007.
- [73] 李正跃, 朱有勇主编. 生物多样性与害虫综合治理 [M]. 北京: 科学出版社, 2010.
- [74] 朱有勇主编. 农业生态环境多样性与作物响应 [M]. 北京: 科学出版社, 2011.
- [75] 骆世明主编. 农业生物多样性利用原理与技术 [M]. 北京: 化学工业出版社, 2010.

撰稿人: 吴孔明 陈万权 倪汉祥 文丽萍

专题报告

植物病毒学学科发展研究

一、引言

病毒是最简单的生命个体，只编码有限的几个或十几个蛋白质，为完成其生命周期，需要借助寄主细胞内的物质、能量系统。因而，以植物病毒为研究对象的科学研究不但可了解病毒自身是如何在植物体内和传播介体体内完成生命过程、进而导致病害的发生和流行，同时，以此为切入点还有助于进一步了解植物体内的某些未知的生命现象。早在1928年植物学家在用烟草环斑病毒进行攻毒实验时就发现，只有最初侵染的下部叶片有感病症状，而上部叶片似乎对病毒侵染具有免疫性，这种“恢复”现象，现在被称为“病毒诱导的基因沉默”。

正因为植物病毒的生命过程依赖于寄主的物质、能量系统，使得控制植物病毒增殖即意味着对正常细胞同样会造成影响，因而植物病毒病害被称为植物“癌症”，造成我国重要粮食作物、经济作物和果树产品严重经济损失。近年来，植物病毒病害发生严重，据不完全统计，2012年水稻病毒病害的发病面积累计在2000万亩（1亩=667平方米，下同）左右，土传小麦病毒病在我国华北、华东、西南等沿长江中下游麦区常年发生约3000万亩，2008年山东、江苏、安徽三省玉米粗缩病发生面积即达1200余万亩，造成严重粮食损失；蔬菜方面，番茄病毒病害在浙江年发生面积达30万亩，年经济损失超过10亿元；在“中国蔬菜之乡”的山东寿光市，2009年有10万~12万亩番茄因病毒病害严重减产甚至绝收；据各地植保部门的不完全统计，番茄病毒病害在我国的年发生面积超过300万亩，在未来的几年内，该病发生面积可能会以年增20%的速度在我国华东、华中、华南、华北以及西南广大地区急速蔓延，并有可能向东北和西北番茄种植区急速扩散，严重威胁我国产值近千亿元的番茄产业。更需要注意的是，随着气候变化、耕作制度和种植品种的改变，一些新病害可能会逐步出现，如南方水稻黑条矮缩病作为一种近年突发性新病害，在全国主要稻区迅速蔓延扩散。该病经白背飞虱而不是灰飞虱传播，序列分析表明该病毒是一种新病毒，命名为南方水稻黑条矮缩病毒（*South Rice black-streaked dwarf virus*, SRBSDV）。该病在2004—2008年间发病面积很小，仅在海南、广东局部发生，但在2009—2010年发病面积急剧扩大，在全国达到1700万亩。而在2011—2012年

又迅速回落到 400 万亩左右。对该病害的发生与防控仍需各级管理、科研、生产部门的持续关注。

植物病毒病害的严峻形势需要植物病毒学科的发展以为病害控制提供理论依据和技术支撑。近年来,国内众多科研工作者以上述重要植物病毒为研究对象开展了系列研究工作,并取得重要进展,本报告重点概述近年来我国植物病毒学研究取得的主要进展,并探讨与国际相关学科的差距及未来发展方向。

二、植物病毒学科发展现状

国内植物病毒学科工作者针对包括上述病原在内多种植物病毒,利用现代分子生物学技术手段,围绕植物病毒分子生物学、病毒基因功能、病毒致病机制、病毒—介体—寄主互作、植物抗病毒机制和病害防控研究开展了卓有成效的工作,研究水平持续提升,取得系列重要进展。同时,在科技部、农业部等各级部门的大力支持下,一些国家级创新体系和创新团队脱颖而出,成为植物病毒学科创新发展的动力源泉。

(一) 植物病毒分子生物学与检测技术研究

明确病毒基因组序列及其遗传变异特点,是开展深入基础研究和应用研究的必需工作,也为病毒的分子检测提供支撑。以往已对主要的植物病毒的基因组序列及其变异特点有了较明确的理解。近年来,科研人员在水稻突发病害——南方水稻黑条矮缩病的病原确定上取得重要进展,在其他研究难度较大的土传小麦病毒和一些果树病毒的基因组及其变异、进化特点方面也取得一系列进展。

南方水稻黑条矮缩病在 2008—2010 年间突然大暴发,但当时对于其病原并不清楚。浙江省农业科学院陈剑平研究员课题组与华南农业大学周国辉教授课题组合作首次完成了南方水稻黑条矮缩病毒中国分离物(SRBSDV)全基因组序列;同时与越南农业科学院植保所合作对越南分离物进行了系统的鉴定,研究结果表明 SRBSDV 的 10 条 dsRNA 基因组片段,可编码 13 个开放阅读框(ORF),这些编码蛋白与同属病毒对应的蛋白质在序列上有不同程度的同源性,根据病毒 RdRp 和 CP 所作的进化树分析结果支持 SRBSDV 是斐济病毒属的一个新成员的结论。这为后续开展病害检测、防治提供了重要的理论依据。

中国农业大学韩成贵教授课题组围绕侵染葫芦科、十字花科和藜科等植物马铃薯卷叶病毒属病毒种类进行分子鉴定、全基因组序列测定和侵染性 cDNA 克隆的构建等研究工作。研究发现马铃薯卷叶病毒属(*Polerovirus*)新病毒 4 种,分别为甜瓜蚜传黄化病毒(MABYV)、丝瓜蚜传黄化病毒(SABYV)、甘蓝黄化病毒(BrYV,存在 A 基因型和 B 基因型)和豌豆温和褪绿病毒(PMCV),其中甜瓜蚜传黄化病毒(MABYV)已被 ICTV 正式承认为该属一个新种;发现病毒新株系 3 个,分别为南瓜蚜传黄化病毒中国株(CABYV-

CN)、甜菜西方黄化病毒内蒙株(BWYV-IM)、甜菜西方黄化病毒北京株(BWYV-BJ, 存在A基因型和B基因型)。同时,发现侵染葫芦科作物的蚕豆病毒属新病毒1种;发现麝香石竹潜隐病毒属新病毒1种。

苹果茎沟病毒(*Apple stem grooving virus*, ASGV)是常见的侵染果树的潜隐性病毒之一。西北农林科技大学吴云锋教授课题组测定了苹果茎沟病毒(ASGV)中国陕西分离物的全基因组,明确ASGV陕西分离物基因组与GenBank中已有序列的同源性在80.1%~86.3%之间;利用外壳蛋白基因进行系统发育分析发现全世界的ASGV分离物主要分为三个组群:第一个组群主要由中国、日本、印度、巴西与韩国的分离物组成;第二个组群全部来自中国;第三个组群大部分来自中国,同时也有来自美国;这些结果表明ASGV分离物的系统进化与地理关系不大。

苹果褪绿叶斑病毒(*Apple chlorotic leaf spot virus*, ACLSV)也是常见的果树病毒,导致树势减弱,产量降低,品质下降。西北农林科技大学吴云锋教授课题组分析了陕西不同地区ACLSV的分子变异情况,明确病毒变异规律及株系分类情况,能够有效地用于病毒防控和诊断,并且为病毒种群的流行和进化提供相关信息。完成了来源于我国梨树的2个ACLSV分离物的全基因组序列测定与分析。对来源于沙梨的ACLSV分离物的CP基因进行了序列分析,结果表明该病毒的CP基因及编码蛋白在分子及血清学特性上存在明显的分化,可分为4种RFLP(EcoRI/SacI)类型(I、II、III和IV),其中I和II是主要类型。核苷酸序列和推导编码的氨基酸序列的相似性分别为87.3%~100%和92.7%~100%。但在系统进化树中,所有砂梨分离物均聚集为一簇,并形成两个亚簇(A和B)。血清学分析表明,A和B亚簇分离物的重组外壳蛋白在血清学反应上存在差异。对CP的抗原决定簇进行预测表明,9个抗原决定簇中有6个在A亚簇和B亚簇的分离物之间发生了特异变化。

华中农业大学王国平教授课题组对来源于我国梨树的苹果茎痘病毒(*Apple stem pitting virus*, ASPV)的分子生物学特性进行了系统研究,通过对该病毒的CP和MP基因序列分析,揭示了ASPV高度的分子多态性,各分离物的CP和MP基因序列相似性分别为72.3%~99.5%和75.1%~99.9%,在CP基因中存在连续的插入和缺失现象。在系统进化树中分别聚为6个和4个分支,其系统发育关系与寄主来源存在一定的相关性,其中B和C组以来源于苹果的分离物为主,A组则以来源于梨的分离物为主。对来源于葡萄的葡萄卷叶相关病毒(*Grapevine leafroll-associated virus*, GLRaVs)GLRaV-1、GLRaV-3和葡萄病毒A(*Grapevine virus A*, GVA)的分子特性进行了系统的比较分析,SSCP分析的结果显示,这些病毒各分离物内多存在高度变异的分子变种。GLRaV-3的CP基因核苷酸序列相似性为89.9%~100%,在系统进化树中聚为6个组,其中2个组(6和7)为在我国的GLRaV-3分离物中首次发现,由组1与组2或组1和组3的分子变种间重组形成,并鉴定出该病毒CP基因的重组热点区域。

另外,山东农业大学植物病毒室研究了马铃薯Y病毒(*Potato Virus Y*, PVY)、芜菁花叶病毒(*Turnip mosaic virus*, TuMV)、甘蔗花叶病毒(*Sugarcane mosaic virus*, SCMV)

和烟草脉带花叶病毒 (*Tobacco vein banding mosaic virus*, TVBMV) 等的株系划分和群体变异情况。

基于植物病毒分子生物学的发展,近年来,以免疫技术、多重 PCR 技术、LAMP 技术为主的病毒检测技术体系快速发展。其中,浙江大学周雪平教授团队建立的基于单克隆抗体的 20 种病毒检测体系在全国多地广泛使用,促进了病原的快速鉴定。同时,黑龙江省农业科学院白艳菊研究员等针对我国马铃薯生产上主要 6 种病毒 (PVX、PVY、PVS、PLRV、PVA、PVM),利用免疫技术制备病毒抗血清,在国内首家研制成拥有自主知识产权的试剂盒,实现了批量生产和大面积推广应用。

在类病毒的鉴定、变异、致病机理分析方面,中国农业科学院李世访研究员课题组、周常勇研究员团队和华中农业大学王国平教授课题组对园艺作物上的类病毒病害开展了广泛研究,并以此为基础建立了多种检测技术。

(二) 植物病毒基因功能研究

病毒只编码有限的几个或十几个蛋白质,解析这些编码蛋白基因的功能是了解病毒如何在植物体内复制、扩散、进而致病的手段之一。近年来,国内科研工作者针对重要植物病毒的基因功能开展了细致的工作,并取得重要进展。

北京大学李毅教授课题组研究了水稻矮缩病毒 (*Rice dwarf phytoereo virus*, RDV) Pns10 蛋白抑制系统性 RNA 沉默的机制。发现 Pns10 能够抑制由正链 mRNA 所诱导的局部和系统性的 RNA 沉默,增强病毒在侵染叶片中的复制或者其 RNA 稳定性,加速病毒的系统性侵染,能使病毒进入茎尖分生组织。推测 Pns10 通过结合带有 2 个 3' 端突出核苷酸的双链 siRNA 来干扰侵染组织对沉默信号 siRNA 的识别,并引起下游 RDR6 表达的下调,从而抑制基因沉默。这些实验结果极大地加深了我们对双链 RNA 病毒所编码的基因沉默抑制子的发挥沉默功能的机制的理解,同时也进一步证实结合 siRNA 和干扰 RDR6 的表达是各种病毒基因沉默抑制因子发挥作用的普遍机制。研究结果发表于 *J Virology*。

RDV 是一种由昆虫持久增殖型传播的植物病毒。李毅教授课题组研究发现长期保存于植物寄主中的 RDV 在 *S2* 和 *S10* 基因上逐渐积累了无义突变,从而不再表达编码蛋白,并完全丧失了传播能力;与之相反,保存在昆虫细胞中六年的 RDV 仍然保存了完整的、具有蛋白编码功能的基因组。因此,*S2* 编码的 P2 蛋白和 *S10* 编码的 Pns10 蛋白在两个寄主系统中受到不同选择压的筛选,而且在植物中积累的突变在昆虫中是有害的。此外,通过昆虫细胞或昆虫个体的筛选能够排除在植物中积累的有害突变,纯化得到野生型的病毒。结合以前的研究:① RDV 在昆虫中能够经卵传播而在植物中不能经过种子传播;②引起植物的严重病症而不引起昆虫的病症。推论 RDV 早期是一个昆虫病毒,而后在昆虫的取食过程中暂时进入植物体内,但不能在植物体内复制;最后取得了在植物中复制的工具并演化成了现代的可以在植物细胞中复制并在植物体内进行系统运动的 RDV。而对与 RDV 同属的病毒水稻瘤矮病毒 (*Rice gall dwarf virus*, RGDV) 的研究发现,长

期保存在水稻中的 RGDV 也逐渐降低了对昆虫细胞的侵染效率，进而失去了传播到水稻中的能力。对提纯病毒粒子的结构蛋白分析显示在传播缺陷型 RGDV 中次要外壳蛋白 P2 丢失；基因组序列分析显示编码 P2 蛋白的 S2 基因突变为缺失干扰型 RNA (defective interference RNA, DI RNA)。进一步分析显示 DI RNA 的积累量与病毒在植物中保存的时间成正比。而 VCM 的筛选能够排除 DI RNA，从而得到野生型的病毒。综上所述，当病毒保存在昆虫介体中时，全长的有蛋白编码功能的 S2 在群体中占有绝对优势，传播到水稻中后，DI RNA 以其高复制效率逐渐积累，并取代了全长 S2 的位置，成为优势群体。全长的 S2 作为昆虫选择壁垒的记忆残留在病毒准种中可以维持数年。研究结果发表于 *J Virology*。

RDV Pns6 蛋白是该病毒的运动蛋白，根据 Pns6 能互补马铃薯 X 病毒编码的 25K 蛋白的运动功能的结果，推测 Pns6 具有和 25K 蛋白类似的生化活性。李毅教授课题组检测 Pns6 的 ATP 酶、RNA 结合和 RNA 解旋酶 (helicase) 活性表明，Pns6 具有 ATP 酶活性，该活性依赖于 Mg^{2+} ，但不依赖于 Ca^{2+} ；GKS 模体的突变显著降低了 Pns6 的 ATP 酶活性，该保守序列和 ATP 酶活性相关；缺失突变体的活性检测显示，所有含有 M3 段（即第 296 ~ 514 位氨基酸）的突变体都具有 ATP 酶活性，同时 M1 段（即第 1 ~ 200 位氨基酸）也具有 ATP 酶活性；Pns6 具有 RNA 结合活性，可以和双链 RNA 以序列非特异的方式结合，而和单链 RNA 结合时具有序列选择性， Mg^{2+} 存在能严重影响 Pns6 和单链 RNA 的结合，这是首次在植物呼肠孤病毒属中发现运动蛋白具有序列特异 RNA 的结合特性，也是少有的植物病毒中与 RNA 特异结合的例子；对 Pns6 进行 helicase 活性检测表明，Pns6 不具有显著的 helicase 活性。推测 Pns6 在水稻矮缩病毒的细胞间运动过程中，特别是早期侵染过程中，极可能以特异结合病毒 mRNA 保守序列的方式形成核酸蛋白复合体，并通过 ATP 酶活提供运动动力，在此过程中可能与病毒或者宿主其他蛋白一起作用，运动到胞间连丝的位置，Pns6 改变胞间连丝释放限度，可能在 Mg^{2+} 的协助下，解开 RNA 和蛋白的复合体，从而将病毒 mRNA 释放到新的细胞中，从而开始病毒新一轮的复制、转录、翻译和传播。Pns6 的多功能性暗示其有可能在病毒的复制、转录、翻译等过程中参与作用。研究结果发表于 *PLoS ONE*。

在其他水稻病毒基因功能研究方面，福建农林大学魏太云教授课题组研究了水稻齿叶矮缩病毒 (*Rice ragged stunt virus*, RRSV) 在其介体白背飞虱体内的侵染循环周期，明确 RRSV 编码的非结构蛋白 Pns10 病毒在介体内侵染过程中负责形成 viroplasm 的基质的最小病毒组分，是病毒的复制关键因子。福建农林大学吴祖建教授课题组鉴定出水稻条纹病毒 (*Rice stripe virus*, RSV) 编码的非结构蛋白 p2 是病毒的另一个沉默抑制子，与水稻的 RNAi 通路上的 OsSGS3 因子有特异性的互作关系。中国农业科学院李为民博士课题组发现水稻条纹病毒 (*Rice stripe virus*, RSV) 编码的运动蛋白 pc4 是一个导致症状加重的致病因子；扬州大学梁昌镛博士课题组发现 pc2 蛋白在昆虫细胞内裂解为两个多肽，暗示其可能在昆虫体内执行某种未知功能。

土传小麦病毒自根部侵入后能否快速复制并进行细胞间扩散是致病力表现强弱的一个

重要因素，为了研究土传小麦病毒长距离系统性运输的特点，浙江省农业科学院陈剑平院士课题组利用免疫荧光技术结合共聚焦电子显微技术分析了小麦花叶病毒（*Chinese wheat mosaic virus*, CWMV）从根进入韧皮部、木质部经筛管、导管进行快速长距离运输，发现病毒在凯氏带附件积累最多。分析 CWMV 编码各蛋白氨基酸序列同源性及各病毒蛋白的高级结构发现 CWMV RNA 3' 端编码的 37K 蛋白可能具有运动蛋白的能力。利用嵌合体病毒证实了 37K 蛋白可以支持 PVX 运动缺陷型病毒的细胞间运动；同时观察到 37K 帮助大分子物质进行的细胞间扩散；37K 与 eGFP 融合蛋白的亚细胞定位显示 37K 定位于胞间连丝上，并且在细胞质中可形成许多与内膜相关的聚集体。利用两种不同的蛋白质-蛋白质互作研究技术，分别验证了 37K 蛋白与果胶甲基酯化酶（pectin methylesterases, PME）存在直接的相互作用。37K 蛋白是一个具有两个跨膜结构域的蛋白。跨膜结构域缺失突变体及点突变体分别印证了这两个跨膜结构域对 37K 功能的影响：破坏任何一个跨膜结构域，37K 都不能再支持病毒细胞间运输。并且跨膜结构域的缺失或突变改变了蛋白质的拓扑结构，影响了 37K 与 PME 的互作。研究结果发表于 *Molecular Plant Pathology* 和 *Virology*。

马铃薯 X 病毒（*Potato virus X*, PVX）p25 蛋白由病毒基因组 ORF2 所编码，与 ORF3 和 ORF4 编码的蛋白同称为 TGB 蛋白（分别为 TGBp1, TGBp2 和 TGBp3）。TGB 蛋白参与病毒运动，是病毒运动蛋白。不管是病毒感染后表达，还是 p25 单独表达，它都可以在细胞内形成 rod-like 结构，目前人们对于该结构的功能尚不清楚。浙江省农业科学院陈剑平研究员课题组的研究表明，rod-like 结构实际上是由丝状（filament-like, FL）结构构成，并且可能是由单分子的 p25 相互作用装配而成。进一步分析发现，FL 的装配依赖于细胞的微丝骨架系统，而不依赖于微管系统。突变体分析表明，所有运动功能缺失、沉默抑制功能保留的突变体都不形成 FL 结构；所有运动功能缺失、沉默抑制功能也缺失，但可通过添加异源沉默抑制蛋白恢复运动功能的突变体都可形成 FL 结构，而所有运动功能缺失、沉默抑制功能也缺失，并且不能通过添加异源沉默抑制蛋白恢复运动功能的突变体都不能形成 FL 结构。这些结果说明 FL 结构可能是 p25 运动功能所必需的结构。同时发现，TGBp2 和 TGBp3 蛋白能够被募集到 FL 结构上。这些研究结果表明 p25 蛋白在细胞内形成的 FL 结构是其运动而非其沉默抑制功能所必需，加深了人们对于 p25 功能的理解。研究结果发表于 *PLoS ONE*。

大蒜 X 病毒（*Garlic virus X*, GarVX）隶属线状病毒科葱 X 病毒属，是该属代表性病毒。以往国内外研究仅对其进行了序列分析和种类鉴定，关于其功能基因的认识都是通过相近病毒属推测而来。浙江省农业科学院陈剑平研究员课题组通过共聚焦显微镜观察了 GarVX 阅读框 3 编码 P11 蛋白在本氏烟表皮细胞中的定位，融合了 GFP 或 RFP 的 P11 能在内质网上形成清晰的颗粒结构。进一步观察发现，p11-RFP 的颗粒能在胞质和细胞外周运动，并能通过胞间连丝扩散到相邻的细胞中。通过酵母双杂交和双分子荧光互补鉴定了一个与 P11 互作的未知功能的 17kD 的蛋白。P17 融合 GFP 显示，它定位于本氏烟表皮细胞的核仁中；然而当与 GarVX p11 共表达时，P17 的定位发生变化，但是它的定位变化并

没有改变 P11 的运动。这是首次针对该属病毒开展功能研究，鉴定了该病毒的运动蛋白，加深了人们对于该属病毒的认识。研究结果发表于 *Molecular Plant Pathology*。

（三）植物病毒致病机制研究

中国番茄黄曲叶病毒 TYLCCNV 基因组 DNA 在病毒侵染的植物中普遍发生甲基化，通过对病毒全基因组的甲基化水平测定，浙江大学周雪平教授课题组研究发现甲基化主要集中于病毒的启动子区；但当双生病毒 TYLCCNV 与病毒的卫星 DNA 共同侵染时，卫星 DNA 能够显著降低 TYLCCNV 全基因组的甲基化水平；进一步分析发现卫星 DNA 能够有效抑制 TGS，并使本氏烟中转录水平沉默的 GFP 转基因表达，而卫星 DNA 抑制 TGS 主要由其编码的 β C1 蛋白发挥作用； β C1 还能回复 TGS 本氏烟中转录水平沉默的 GFP 转基因的表达，能够激活拟南芥中 F-box 等内源表观沉默位点的表达，并显著降低拟南芥基因组的甲基化水平。进一步的研究表明， β C1 能够在体内与甲基循环中的关键酶 S-腺苷高半胱氨酸水解酶 (SAHH) 互作， β C1 与 SAHH 互作后能够使 SAHH 的活性降低 80% 左右。SAHH 是甲基循环过程中参与甲基化介导的 TGS 的核心组分， β C1 通过与 SAHH 的互作来降低 SAHH 的活性，从而达到抑制甲基化和 TGS 的目的。该研究对诠释作物抵御双生病毒侵染及双生病毒逃避作物防御的分子机制具有重要意义，并为植物抗病毒提供了新理论和新策略，结果发表于 *PLoS Pathogens*。

中科院微生物研究所郭惠珊研究员课题组与中国科学院遗传与发育生物学研究所谢旗研究员课题组合作，发现甜菜曲顶卷叶病毒 (BSCTV) 的沉默抑制子 C4 蛋白过表达上调一个编码泛素连接酶的基因 *RKP* 并导致了植物不正常的细胞分裂；表明病毒沉默抑制子还能通过调控植物的细胞周期以利于病毒自身的复制侵染。另一方面，植物也具备应答病毒侵染的防御体系，研究发现，植物侵染 BSCTV 后上调 *LSBI/GDU3* 基因而诱导 SA 途径与抗病相关的基因的表达获得抗性。最近的研究发现，BSCTV 的另一沉默抑制子 C2 蛋白，与 S-腺苷甲硫氨酸脱羧酶 1 (SAMDC1) 互作，催化 SAM 脱羧成 dcSAM，减少甲基化供体而干扰 DNA 甲基化介导的基因沉默。

利用酵母双杂交系统，中国农业大学范在丰教授课题组证明马铃薯 X 病毒的衣壳蛋白 (PVX CP) 能与本生烟质蓝素 (plastocyanin) 前体发生互作。免疫共沉淀和双分子荧光互补实验证明这种互作可以在体内发生。酵母双杂交和双分子荧光互补实验证明只有转运肽和 PVX CP 互作。双分子荧光互补实验中的黄色荧光表明，质蓝素前体和转运肽与 PVX CP 的互作均发生于叶绿体的表面，这与质蓝素的定位一致。为了揭示这种互作的意义，我们检测了 PVX 侵染后质蓝素 mRNA 和蛋白水平的变化。结果表明 PVX 侵染不能明显地改变质蓝素的表达 / 积累水平，因此推测质蓝素可能在 PVX 的侵染循环中起作用。PVX CP 可以在病毒侵染叶片的叶绿体各部分中检测到，但在叶绿体中未检测到 PVX 基因组 RNA。这些结果表明 PVX CP 在细胞质中编码，然后在叶绿体蛋白的协助下进入叶绿体。为了验证这个假设，我们用病毒诱导的基因沉默技术 (VIGS) 沉默质蓝素的表达。沉默

后的烟草表现出黄化,可能是质蓝素表达水平的降低抑制了光合作用。PVX 侵染质蓝素沉默的烟草后, PVX CP 在叶绿体中的积累量减少, 症状减轻。叶绿体进入实验结果表明只依赖质蓝素前体 PVX CP 不能进入叶绿体。以上结果表明, 质蓝素前体有助于 PVX CP 在叶绿体的定位以及症状的形成。研究结果发表于 *Mol. Plant Microbe Interact.*

(四) 病毒—介体—寄主互作研究

福建农林大学魏太云教授课题组系统研究了水稻矮缩病毒 (*Rice dwarf virus*, RDV) 在其传毒介体叶蝉细胞内的侵染循环过程。RDV 随介体叶蝉口针、食道到达滤室的腔道, 随后病毒外壳蛋白 P2 可能通过识别并结合滤室上皮细胞上的专化性受体后以内吞作用进入细胞开始复制。与病毒复制相关蛋白的 RDV 编码的非结构蛋白 Pns6、Pns11 和 Pns12 聚集形成病毒原质 (viroplasm) 的基质, 提供病毒复制和装配的场所。在 viroplasm 周边装配完成的成熟的病毒粒体通常分布于多重膜状囊泡和 RDV 编码的非结构蛋白 Pns10 装配形成的小管结构 (Pns10 小管) 中。RDV 可利用包裹病毒的 Pns10 小管沿着叶蝉培养细胞膜突起—肌动蛋白纤维构成的丝状伪足在细胞间扩散。在叶蝉带毒虫中, 病毒进入叶蝉滤室上皮细胞复制后主要是通过包裹病毒的 Pns10 小管顺着上皮细胞的微绒毛扩散到邻近的细胞, 病毒接着利用 Pns10 小管顺着细胞膜上的微绒毛扩散到前肠、中肠、后肠等器官, 证实了 RDV 同样可以利用这类包裹病毒的小管在介体肠道细胞间安全扩散, 表明 Pns10 蛋白是介体传毒所必需的, 属于病毒编码的介体传毒关键因子。上述研究阐明了 RDV 在介体叶蝉体内扩散的机制, 结果发表于 *PLoS Pathogens*。

南方水稻黑条矮缩病毒 (*Southern rice black-streaked dwarf virus*, SRBSDV) 所致病害近年来在我国南方稻区暴发流行。魏太云教授课题组研究表明该病害可能由白背飞虱、而不由灰飞虱传播。通过组织解剖结合免疫荧光技术, 研究明确了 SRBSDV 仅限于在灰飞虱中肠上皮细胞内存在, 而不能有效扩散到血淋巴进入唾液腺是灰飞虱不是 SRBSDV 有效传毒介体的机制。这在组织水平上阐明了 SRBSDV 经白背飞虱而不经灰飞虱传播的原因。

周雪平教授课题组发现 TYLCCNV 伴随的卫星 TYLCCNB 是双生病毒与介体烟粉虱建立互惠互作关系所必需的。通过表达谱测序和 qRT-PCR 发现 TYLCCNV 和 TYLCCNB 共同侵染能抑制烟草的茉莉酸 (jasmonic acid, JA) 防御途径; 利用病毒诱导的基因沉默 (VIGS) 或转基因下调 JA 途径有利于烟粉虱的存活, 通过外源涂抹茉莉酸甲酯 (MeJA) 或转基因上调 JA 途径则不利于烟粉虱的存活; 进一步发现 TYLCCNB 所编码的 β C1 蛋白是影响植物防御途径变化从而使得介体昆虫和病毒建立互惠关系的关键因子, 从而揭示了植物防御信号途径介导的介体昆虫和病毒建立互惠关系的重要机制。结果发表于 *Molecular Ecology*。

除了利用植物内源 miRNA 或同源蛋白的相互干扰, 病毒还编码各式各样的沉默抑制子, 干扰或抑制寄主的抗病 RNA 沉默。郭惠珊研究员课题组研究发现 CMV-2b 主要定位

于植物的细胞核仁中，并鉴定了 CMV-2b 的核仁定位信号 (NoLS)；还发现 CMV-2b 具有结合长 / 短双链 RNA (dsRNA) 以及结合 AGO 蛋白的不同结构域。CMV-2b 和 AGO 蛋白的体外互作不需要 dsRBD 结构域，有意思的是，CMV-2b 的核仁定位是体内 2b-AGO 互作所必需，且其体内互作改变 CMV-2b 和 AGO 蛋白的细胞核定位。进一步的研究发现，CMV-2b 蛋白通过结合 dsRNA，而不是 AGO 蛋白，来实现其体内的抑制子活性；证明了体内抑制 RNA 沉默和 DNA 甲基化都不依赖于 2b-AGO 的相互作用。研究结果发表于 *The Plant Cell*。该研究为 CMV-2b 和 RNA 沉默途径的关键效应 AGO 蛋白的互作生物学意义提出了新的思考和研究思路。

研究还发现，能被病毒侵染诱导的寄主 RDR1 基因具有类似病毒 RNA 沉默抑制子的活性，RDR1 不干扰依赖 RDR6 的 siRNA 的产生，但干扰 RDR6 介导的基因沉默和抗病毒沉默效应。RDR6 抗病毒基因沉默特别是防止病毒系统侵染中起关键的作用。病毒通过诱导 RDR1 而抑制同源蛋白 RDR6 介导的抗病毒 RNA 沉默，而本明烟（一种烟草植物）则通过 RDR1 自发失活突变，获得了更有效的依赖 RDR6 的抗病毒沉默效应，体现了植物长期以来与病毒互作自然选择下的一种共进化。研究论文发表于国际植物学研究领域顶级杂志 *The Plant Cell*。

RNA 沉默是植物体天然的抗病毒防御体系，病毒基因组 RNA 会受到植物 RNA 沉默机制的作用而产生病毒 RNA 来源的 siRNA (vsiRNA)。浙江省农业科学院陈剑平研究员课题组利用高通量测序技术，分析了水稻体内 RSV 来源的 siRNA 序列特点，发现 vsiRNA 主要是 21nt，占到了 RSV siRNA 的 45%，说明 RNA 沉默机制中负责切割产生 21nt siRNA 的 DCL4 是作用于 RSV 基因组的主要 DCL；进一步分析发现，RSV siRNA 序列富含 GC，但却包含高 G 含量和低 C 含量两个相反的过程；同时，在 RSV siRNA 的起始切割位点 A/U 起始的序列远远多于 G/C 起始的序列，也说明 DCL 在切割产生 siRNA 时，对切割位点的碱基具有选择性，这是首次对水稻病毒开展病毒来源 siRNA 研究。同样利高通量测序技术，周雪平研究员课题组测定了双生病毒侵染的番茄和烟草组织中的 siRNA，鉴定了 50 多万条双生病毒来源的 siRNA，分析了双生病毒来源的 siRNA 的大小、碱基组成和在病毒基因组上的分布情况，并且利用实验手段对相关结果进行了验证。研究绘制的双生病毒来源的 siRNA 的精细分布图为深入了解植物防御病毒侵染机制提供了基础。研究结果发表于 *PLoS ONE*。

病毒侵染会影响寄主体内内源 miRNA 的表达变化，李毅教授课题组分析水稻条纹病毒 (*Rice stripe virus*, RSV)、水稻黑条矮缩病毒 (*Rice black-streaked dwarf virus*, RBSDV) 和水稻矮缩病毒 (*Rice dwarf virus*, RDV) 三种不同的植物病毒侵染宿主后，宿主小 RNA 表达谱的变化，发现了受病毒诱导的植物内源的 miRNAs 和 siRNAs，从而第一次证明了植物基因沉默系统还能以间接的方式抵抗病毒的侵染。首先，通过小 RNA 的深度测序及相关数据分析，比较了 RDV 感染，RSV 感染和健康对照水稻的小 RNA 的表达谱。发现在 RSV 侵染的水稻中，许多保守家族的 miRNA 序列会特异性的积累；某些产生于保守 miRNA 前体上的 phased miRNA 和某些 phased siRNA 也会特异性的积累。用

实验的方法证明了这些新发现的小 RNA 会特异的受 RSV 侵染的诱导,同时,这些诱导表达的小 RNA 还可以下调靶基因的表达。但是 RDV 侵染的水稻则没有发现同样的现象。通过芯片数据及实时荧光定量 PCR 证明,RSV 侵染能诱导 OsAGO2 和 OsAGO18 的上调表达,但是 RDV 侵染则只诱导 OsRDR1 表达的上调。说明在 RSV 侵染水稻中,miRNA, phased miRNA 和 siRNA 的积累很可能同 AGO2 和 AGO18 的诱导相关。研究结果发表于 *PLoS Pathogens*。

同样分析水稻条纹病毒 (*Rice stripe virus*, RSV) 侵染后水稻 miRNA 表达变化,浙江省农业科学院陈剑平研究员课题组同样发现内源 miRNA 表达谱的改变,并且从丰度较高的 sRNAs 中发现 20 个 sRNA 具有典型的前体二级结构,可能是水稻新 miRNA。这些候选新 miRNA 均能够通过 RT-PCR 克隆获得,其中 4 个候选的新 miRNA 已通过 Northern blot 检测到,说明这些 miRNA 可在水稻体内产生。分析这些新 miRNA 在 RSV 侵染前后的表达水平发现 2 个 miRNA 表达下调,5 个表达上调;对这些 miRNA 进行靶基因分析发现部分靶基因参与了植物抗病过程,结果表明这些新 miRNA 可能在病毒侵染过程中起一定作用。研究结果发表于 *PLoS ONE*。

(五) 植物抗病毒机制研究

Rubisco 小亚基是叶绿体重要组分,清华大学刘玉乐教授课题组发现 Rubisco 小亚基是一个新的与 ToMV 运动蛋白互作的蛋白,参与烟草花叶病毒组病毒的运动、植物对病毒侵染的敏感性,并涉及 Tm-2² 介导的极端病毒抗性,这是第一个报道的 Tm-2² 抗病毒信号途径中的信号分子。第一次发现病毒抗性基因 Tm-2² 这一典型的极端抗病基因在转基因植物中也能产生典型的伴随超敏反应的抗病性,并发现两种不同的抗病类型(典型的抗病性与极端抗病)本质上仅由于基因表达水平不同引起。

以伴随有卫星 DNA 的中国番茄黄曲叶病毒 (TYLCCNV) 为研究对象,周雪平教授课题组解析了植物抵御双生病毒侵染的分子机制。利用 TYLCCNV 的致病蛋白 β C1 为诱饵,采用酵母双杂交技术从番茄 cDNA 文库中筛选到与 β C1 蛋白互作的寄主因子 SlSnRK1;通过转基因过量表达及反义表达发现,SlSnRK1 参与了病毒的防卫反应; β C1 蛋白能被 SlSnRK1 蛋白磷酸化,并且磷酸化的主要位点为 33 位的丝氨酸和 78 位的苏氨酸;33 位和 78 位磷酸化位点突变后的 β C1 突变体侵染植物后发病延迟,症状减弱,并且在植物体内病毒 DNA 的积累量明显下降。该研究表明,番茄 SlSnRK1 蛋白通过与 TYLCCNV 的致病蛋白 β C1 的互作并磷酸化 β C1 而减弱病毒对植物的危害。研究结果发表于 *Plant Physiology*。

依赖于 RNA 的 RNA 聚合酶 (RNA-dependent RNA polymerase, RDR) 基因家族广泛存在于酵母,真菌,线虫,植物等物种中,它是基因沉默通路中的重要成员,参与多种 siRNA 的产生。李毅教授课题组从水稻中花 11 品种中克隆到了 *OsRDR6* 基因的全长 ORF 序列,将其转化到拟南芥 *rdr6-11* 突变体中,观察 *OsRDR6* 基因是否能互补 *AtRDR6* 的

功能。结果显示, *OsRDR6* 基因能恢复 *rdr6-11* 的异常发育表型, 参与拟南芥中 ta-siRNA 的产生, 并下调其靶基因 *AtARF3* 和 *AtARF4*。*OsRDR6* 基因还能参与 CMV vsiRNA 的产生。我们将 *OsRDR6* 的反义序列转化水稻中花 11, 得到了特异性降低了 *OsRDR6* 基因表达水平的转基因水稻。结果发现, 转基因水稻中 *OsRDR6* 基因表达的降低并没有影响水稻 TAS3siRNA 的产生, 转基因水稻对 RSV 和 RDV 都表现出更加敏感, 病症相比野生型更严重, 同时也积累了更多的病毒基因组 RNA。RDV vsiRNA 的积累量在 *OsRDR6* 表达降低的转基因水稻中少于野生型水稻中的积累量, 说明 *OsRDR6* 基因也能参与 vsiRNA 的产生。我们的研究表明 *OsRDR6* 基因的功能与 *AtRDR6* 基因功能非常类似, 都能参与 ta-siRNA 的产生, 介导植物发育的调节, 但是 *OsRDR6* 基因对病毒的抗性相比 *AtRDR6* 更加广泛, 它的表达量降低使水稻对双链 RNA 病毒和负链 RNA 病毒都更加敏感。结果发表于 *Virus Research*。

郭惠珊研究员课题组对黄瓜花叶病毒 (*Cucumber mosaic virus*, CMV) 卫星 RNA 小 RNA 的生物学活性和功能进行进一步的研究, 发现一个卫星 RNA 的小 RNA (satsiR-12) 靶向 CMV RNA 的 3'UTR, 引发了植物依赖 RNA-dependent RNA Polymerase 6 (RDR6) 的抗病毒沉默作用; 而 CMV-2b 蛋白对这种由 satsiR-12 介导的依赖 RDR6 的下调病毒 RNA 作用具有抑制效应; 突变和野生型病毒的竞争性实验进一步证实了, 在 CMV 自然感染的条件下, 卫星 RNA 的小 RNA 参与了 RNA 沉默调控辅助病毒 RNA 的表达。研究结果发表于 *Journal of Virology*。该研究在国际上首次直接证明了病原来源的小 RNA 参与调控病毒 RNA 的生物学功能, 揭示了寄主—辅助病毒—卫星 RNA 在 RNA 沉默层面上复杂的互作调控机制。

植物在激发抗病 RNA 沉默通路的同时, 如何保护自身活跃编码基因的正常表达而不被同时沉默抑制, 是众多重要命题之一。郭惠珊研究员早期建立了一个可诱导的植物基因沉默系统, 通过表达一个可诱导的外源沉默序列 (exo-IR) 诱导植物内源基因的沉默, 用于研究植物沉默信号的扩散和由信号诱导的 RNA 沉默 (非自主性沉默) 研究。最近她带领课题组利用该可诱导沉默系统, 研究了植物内源基因非自主性 RNA 沉默, 发现植物内源 PDS 基因的沉默只局限于局部被诱导的组织和极少的系统叶片, PDS 的沉默不能传递到整个植株。DRD1-Pol V 介导的 DNA 甲基化 (RdDM) 以及甲基化的传递及其相关 siRNA 的产生、漂移等, 都只作用于外源 exo-IR, 而不作用于内源 PDS 转录本; 在 DRD1-Pol V 甲基化系列突变体中, PDS 沉默表型增强。研究结果揭示了植物通过依赖于 DRD1-Pol V 的 RdDM 途径, 加强 exo-IR 的自我沉默, 从而限制了内源基因的非自主性沉默。研究论文发表于 *The Plant Journal*。研究揭示了植物对编码基因正常表达自我保护的调控机制; 同时解释了为什么通常利用 dsRNA 序列作为内源编码基因的沉默诱导子, 但不能完全达到预期沉默效果的普遍现象。

Rop 在细胞内多种途径中起信号开关作用, 同时也参与植物防卫反应。玉米 Rop 家族共有 9 个成员, 然而其大多数的生物学功能尚不清楚。范在丰教授课题组以 ZmRop1 为研究对象, 探索其在 SCMV 侵染玉米过程中的可能作用。半定量 RT-PCR 和实时 RT-PCR

的方法检测 SCMV 侵染后玉米接种叶和系统叶中 ZmRop1 表达变化结果表明, 在病毒侵染的早、中期, ZmRop1 在接种叶中上调表达或保持不变, 在系统叶片中则下调表达, 而在侵染晚期, 在 SCMV 侵染的玉米叶片中上调表达。对可能参与抗病防卫反应的 ZmRop4 和 ZmRop9, 以及与 ZmRop1 高度同源的 ZmRop8 在病毒侵染后的表达情况的检测结果表明, ZmRop4 在侵染早期的接种叶中上调, 其他 ZmRop 的 mRNA 水平在整个侵染阶段基本保持不变。在玉米原生质体中瞬时过量表达 ZmRop1 抑制了 SCMV 在玉米原生质体中的复制, 瞬时表达 ZmRop1 的组成型有活性的突变体 ZmRop1CA 对 SCMV 复制的抑制作用更为明显; 而瞬时表达没有活性的突变体 ZmRop1DN 促进了 SCMV 的复制。在玉米品种 Va35 中, 利用雀麦花叶病毒 (BMV) 侵染性克隆, 通过病毒介导的基因沉默 (VIGS) 作用抑制玉米细胞中 ZmRop1 的表达。在沉默 ZmRop1 的玉米植株上, BMV 的症状表现更为严重。在沉默 ZmRop1 的植株和对照植株上接种 SCMV 或另一种侵染玉米的病毒——白草花叶病毒 (PenMV) 之后, 与未沉默 ZmRop1 的对照植株相比, 系统花叶症状更为严重, 并且促进了病毒的积累, 因此沉默 ZmRop1 有利于 SCMV 或 PenMV 在玉米上建立系统侵染。此外, 在本生烟 (*Nicotiana benthamiana*) 植株中异原表达 ZmRop1, 可抑制亲缘关系较远的马铃薯 X 病毒 (PVX) 的侵染。因此, 推测 ZmRop1 可能参与了植物的抗病毒防卫反应。研究结果发表于 *Molecular Plant Pathology*。

(六) 植物病毒控制技术

针对近年来暴发的南方水稻黑条矮缩病毒病, 农业部高度重视, 成立全国南方水稻黑条矮缩病联防联控专家组指导全国病害防控。以程家安教授为组长, 陈剑平院士、宋宝安教授、周益军研究员为副组长的专家组深入病区、联合各级部门开展了全方位的病害防控工作, 在云南、贵州、湖南、江西、广西、广东、福建、江苏、浙江、安徽、河北等省、自治区建立试验示范基地, 开展了南方水稻黑条矮缩病以及其他病毒病害如水稻锯齿叶矮缩病、水稻黑条矮缩病和玉米粗缩病的防控技术开发和集成研究。考虑我国各地具体的种植习惯和病害发生情况, 将物理和生态防治技术、种子处理技术、秧田阻断虫源技术 (异地育秧技术、秧田覆网防虫技术) 等单项技术与水稻全程免疫防控技术进行有机的组装和集成。经全国南方黑条矮缩病重灾区云南施甸和隆川、湖南浏阳和江华、江西大余、贵州荔波、广西桂林多点千亩田连片大面积示范应用, 总结出“虫病兼治、免疫激活、区域治理”的水稻病毒病防控技术, 对传媒害虫传播的水稻病毒病的防控效果良好, 达到了病害有效控制和农药减量使用的目的。

小麦品种抗病性强弱对土传小麦病毒病发生流行具有重要的影响。但是小麦土传病毒病具有致病株系复杂, 抗病品种缺乏并且品种抗病性容易丧失等特点。而生产中新品种的培育和推广又常常忽略了对小麦病毒病抗病性评价, 导致有些感病品种在病区大面积种植, 促进了病害的蔓延和流行。浙江省农业科学院陈剑平研究员课题组连续 3 年选择了江苏省扬州地区、河南省驻马店地区及山东省烟台地区、荣成地区土传小麦病毒病常发区、重

病区进行了抗病品种鉴定与筛选。所用品种为资源品种及各省的主要栽培品种共 765 个, 其中 684 个品种为抗病性鉴定的重复检测。结果显示, 针对不同地区病原小种, 品种的抗病性表现很大差异, 仅有 8 个品种在河南、山东、江苏三地均表现抗病, 说明各地致病株系差异较大, 因而在不同病区使用针对该病区的抗性品种才能有效控制病害。根据近几年土传小麦病毒病在我国发生分布的现状, 陈剑平研究员课题组在河南、山东两省内病害频发区分别建立了以种植抗病品种为主, 结合适当晚播、返青期追施或叶面喷施氮肥等农事操作为辅的小麦土传病毒病防控示范田。防控示范区的土传病毒病发病率有效控制在 5% 以下, 而对照区的发病率达到 75% 以上。示范区的展示极大地促进了病区抗病、防病意识, 对周围农户起到了很好的示范作用。

针对玉米粗缩病, 山东农业科学院尚佑芬课题组提出了以种植抗、耐病品种, 麦收后直播玉米、辅以药剂防治的综合防控技术。通过电台、广播、视频及印制玉米粗缩病防治的网页材料, 多种形式在各试验点向农户宣传推荐抗、耐病品种, 进行品种选用指导、合理布局; 大力推广麦收后直播玉米的方法(冬春气候变化影响灰飞虱越冬代发育进程和 1 代灰飞虱的发生历期, 同时也影响冬小麦的成熟期, 连续 4 年的灰飞虱调查和播期试验证明, 1 代灰飞虱的发育时期与小麦后期的生长基本同步), 只要是在麦收后播种, 即可明显减轻粗缩病危害; 筛选出 3 ~ 5 种防治灰飞虱、粗缩病的药剂, 配合使用, 防病效果显著。

中国农业科学院柑橘研究所周常勇研究员团队创新建立微量快速核酸模板制备技术和茎尖脱毒效果早期评价技术, 为深入研究弱毒系交叉保护等机理提供了方法保障, 解决了短时隔监测果树病毒技术难题(Zhou et al., 2012), 脱毒进程由以往的 3 年缩短为 1 年; 建立了全套柑橘病毒类病害分子检测技术体系、同时可检测 10 种病害的基因芯片, 完成了 12 万余样次快速检测量, 结合 99 个苗圃和采穗圃, 年育苗能力达 1.15 亿株, 其中柑橘无病毒容器苗繁育技术 2008 年被农业部列为全国 10 大农业主推技术。由中国农业科学院柑橘研究所牵头构建了柑橘无病毒三级良繁技术体系, 保障了产业大发展用种安全。同时该所针对防治柑橘衰退病毒(*Citrus tristeza virus*, CTV)茎陷点强毒株需要, 从全国采集的 4000 余个 CTV 样品中筛选出少量有保护作用的弱毒疫苗, 区试后可经三级良繁体系推广应用。上述成果获得 2013 年国家科技进步奖二等奖。

开发多种抑制或阻断植物病毒复制、运用各环节的单项技术可为绿色、安全、综合的防控手段提供技术储备, 而化工、生化、分子生物学技术的发展使得此类单项技术的开发成为可能。贵州大学宋宝安教授团队以烟草花叶病毒(*Tobacco mosaic virus*, TMV)作为研究模型, 合成具有抗病毒活性的手含杂环的吡唑衍生物, 并作为小分子探针, 通过荧光光谱、紫外波谱等方法(在核酸-小分子化合物互作中的光谱学研究中, 引入花青素染料), 研究吡唑衍生物作用于 TMV 组分中特异性的结合位点, 并计算动力学方程和小分子化合物与大分子结合的亲和常数, 发现了吡唑衍生物 4-L 通过与 TMV CP 特异性结合, 阻止了病毒的复制, 为开发新型抗病毒制剂奠定了基础。同时他们针对植物水杨酸(salicylic acid, SA)抗病信号途径中的关键分子, 建立基于 Western Blotting 和间接-ELISA

的抗病毒免疫激活剂的筛选方法,和基于 real time PCR 的基因定量筛选方法;发现自主创制的抗病毒免疫激活剂——毒氟磷,可诱导植物细胞壁受体蛋白——HrBP 表达上调,激活细胞内水杨酸信号转导通路,使植物产生系统性获得性抗性,并且这种诱导活性与经典免疫激活剂-S-甲基苯并-噻二唑-7-硫代羧酸酯[S-methyl benzo thiadiazole-7-carbothioate(benzothiadiazole),BTH] 和外源性 SA 相比,激活诱导 PR 基因表达出现时间早、维持作用时间长的特点,有望成为新型免疫激活剂,提高植物病毒抗性。

基因沉默技术自报道以来一直成为研究热点, dsRNAs 介导的植物病毒基因沉默在理论、沉默机制等方面积累了许多研究结果,可是像 dsRNAs 在防治昆虫和治疗人类疾病方面进行针对性应用的鲜见报道。湖南省农业科学院刘勇研究员团队利用 dsRNAs 的稳定特性,结合摩擦接种、高压喷雾或者纳米材料吸附等方法,将目的 dsRNAs 送入植物细胞,结果表明能够高效诱导目的病毒的基因沉默;同时证实了不同 dsRNAs 混合介导多种病毒基因沉默的可能,相关研究结果为 dsRNAs 作为分子疫苗在大田应用提供可能。

针对果树病毒,华中农业大学王国平教授课题组以沙梨为主要研究材料,系统地开展了病毒脱除技术研究,建立了适合耐热性不同的梨品种的病毒脱除技术体系,包括热处理、热处理与化学处理相结合及超低温处理技术,也可有效实现脱毒种苗的获得。

利用转基因手段获得抗病毒番木瓜一直是番木瓜病毒病害防控的有效手段,华南农业大学在华南地区番木瓜环斑病毒(PRSV)株系广泛调查的基础上,确立了优势株系 Ys,将 Ys 株系的 CP 基因、复制酶基因(Replicase, Rep) 等进行了克隆,通过农杆菌共培养转化方法将病毒基因转化入了番木瓜组织,获得了质优丰产的高抗番木瓜环斑病毒的转基因品系“华农 1 号”。在完成系列转基因植物安全性评价的基础上,2010 年获得在我国番木瓜适生区生产应用的安全证书。自 2006 年在广东省应用以来,“华农 1 号”品系对番木瓜环斑病表现出了很高的抗性,至今为止,转基因番木瓜植株在田间种植期间没有任何症状表现,而且至少可以种植 2 年以上,因此在华南地区种植面积已达 50% 以上。这是我国继夏威夷之后成功应用转基因技术控制水果病毒病害的一个范例。

(七) 创新体系和创新团队现状

农业部启动了农业部重点实验室的分类管理体系,众多植物病毒学科相关实验室和试验站统一归口管理,将极大促进植物病毒学科的协同创新。同时,科技部的国家重点实验室、省部共建国家重点实验室培育基地建设体系也为植物病毒学科发展提供了平台提升的机会,先后有涉及植物病毒学科在内的西北农林科技大学“旱区作物逆境生物学国家重点实验室”和浙江省农业科学院“浙江省—科技部共建植物有害生物防控国家重点实验室培育基地”陆续启动建设。队伍建设方面,浙江省农业科学院陈剑平院士团队获批国家重点领域创新团队以及农业部“植物病毒与病害防控生物技术”创新团队;浙江大学周雪平教授获批教育部“水稻重要病害的成灾机理和持续控制”长江学者创新团队和农业部“作物病害成灾与控制”创新团队;中国农业科学院周常勇研究员获批建设教育部“柑橘主要病虫害

持续控制基础研究”创新团队和农业部“重要柑橘病害防控基础研究”创新团队；湖南省农业科学院刘勇研究员获批建设农业部“园艺作物病虫害防控技术”创新团队。值得一提的是，近年来由农业部和财政部主导的现代农业产业技术体系建设，吸收众多植物病毒学家加入其中，分别成为针对不同植物如水稻、小麦、玉米、蔬菜、果树等病毒病害防控的岗位科学家，对他们的科研工作给予稳定支持。从长远来看，这样的举措对于促进科学家专注于科研工作、弱化目前科研评价体系的负面作用、提升自主创新能力有重要推动作用。

三、本学科国内外研究进展比较

1. 国外科学家均以本土重要植物病毒为研究对象

在本学科，国内外科研工作者均以本地造成严重经济损失的植物病毒病害为研究对象开展基础和应用研究。如水稻 RSV、RDV、RBSDV、SRBSDV 等在中国、日本、韩国、越南等东亚、南亚国家危害严重，因而这些国家开展工作也较多；而大麦梭条花叶病毒（BMSV）、马铃薯帚顶病毒（PMTV）、番茄丛矮病毒等在欧洲广泛存在，相关研究也在英、法等国开展深入。一些世界性病害如 TMV、CMV、TYLCV 等则在各国均有研究。这体现了植物病毒学科以农业生产中存在的实际问题为导向的研究特征，也体现了科学技术为实际生产服务的理念。

2. 国内学科部分研究具国际水准，但整体仍与国际前沿有差距

国内科学家在基因沉默介导的植物抗病毒机制研究方面，无论是在植物 RNA 沉默机制及其组分的功能研究方面，还是在病毒对抗沉默的沉默抑制子去甲基化功能解析研究方面，都取得了有国际竞争力的研究结果，多篇论文发表于 *Plant Cell*、*PLoS Pathogens* 等国际一流期刊。针对 RDV、RSV、RBSDV、SRBSDV 和 TYLCV 等病毒，国内科学家在病毒分子检测、病毒运动蛋白的功能鉴定等方面病毒功能基因研究方面的研究水平也与国际持平，但在深入的蛋白功能细节研究，尤其是如何与介体细胞、植物细胞内组分互动，协同完成功能仍是下一步研究的重点，相对来讲，国内在此方面仍有探索、发展空间。在介体传病毒的作用机制方面，以昆虫组织解剖为基础揭示了多个重要病毒在昆虫体内循环机理，研究特色明显，在国际上具有一定显示度，但仍需以介体传病毒视为昆虫病毒，从而借鉴昆虫病毒研究领域的研究内容开展工作。在病毒致病机制研究方面，建立了植物互作蛋白筛选体系，并陆续开展了工作，解析其在致病过程中的作用，但从基因、蛋白、小 RNA、组织、器官等不同层面解析病毒基因、病毒小 RNA、蛋白及病毒粒子本身如何导致植物病害发生的研究工作方面与国际前沿仍有一定差距。另外，初步研究已表明，植物内源 miRNA 在植物病毒侵染过程中发生变化，关于这些变化对病毒病害发生的生物学意义尚有待于深入研究。

四、本学科发展趋势与对策

1. 结合最新技术，开展大规模、高通量的研究工作

结合新技术进行拓展性工作各学科持续保持生命力的源泉。近年来，基于高通量测序的小 RNA 分析、转录组分析，基于质谱的蛋白质组分析，为开展植物病毒分子生物学、植物基因功能及其互作研究提供了有力手段。如高通量测序为发现大量植物体内不为人所知的新病毒提供了契机，也使得解析病毒来源 siRNA 功能以及植物内源 miRNA 在植物病毒侵染过程中的作用成为可能。总之，以高通量测序为主的新技术的发展，将在可预期的未来对于植物病毒学科的发展持续发挥重要作用。

2. 植物病毒介体传播机制

很多重要粮食作物病毒均由昆虫介体传播，如我国水稻上的水稻条纹病毒、水稻黑条矮缩病毒、南方水稻黑条矮缩病毒、水稻矮缩病毒等，均由介体昆虫叶蝉或稻飞虱传播。以往研究主要集中于病毒本身或其与作物的互作方面，缺乏植物病毒学家和昆虫学家的紧密合作，对昆虫为什么传播病毒，昆虫怎么传播病毒并如何将病毒传至后代，病毒为什么需要昆虫介体传播，以及病毒感染后怎么引发介体昆虫与寄主植物互作关系等问题开展细致工作。未来几年，汇集昆虫学家、病毒学家和植物学家，形成多学科交叉创新研究团队，以水稻病毒及其介体昆虫、番茄斑萎病毒及其介体、双生病毒及其介体为主要对象，借鉴昆虫病毒研究模式，针对上述问题开展介体昆虫—病毒—寄主植物三者间互作关系研究，将是国内植物病毒学科研究的重要内容之一，会对我国植物病毒学科的发展产生深远的影响，并逐步形成国际优势与特色。

3. 病毒致病机制

病毒的生命周期离不开寄主，病毒自身功能的实现势必会对寄主造成不利影响，而寄主本身存在的防御体系也会作用于病毒。从病毒—寄主植物互作的角度解析病毒对寄主生理和生化代谢及蛋白翻译等的影响和调控，解析病毒在对抗植物 RNA 沉默机制过程中的作用细节，探求病毒对植物体内更多抗性途径的规避、抑制策略，是下一步阐明病毒致病机制的有效手段。这其中可能涉及包括小分子、基因、蛋白、细胞、组织等不同水平的互作。针对不同层面，以生物学思维分析双方的互作关系，解析植物病毒致病机制，是下一阶段需持续开展的研究工作。

4. 植物抗性机制

病毒进入一个未受侵染的植物细胞后，植物也会利用自身防御系统包括目前已发现的抗性基因和 RNA 沉默系统抵抗病毒的侵染。在这种防御与反防御的相互作用和长期共

进化中,植物也进化有不同的抗病策略。同样,从病毒—寄主植物互作的角度,利用基因组和比较基因组、小RNA高通量测序, RNA干扰等技术,结合拟南芥、短柄草和水稻等模式材料,解析植物参与抗病毒侵染过程的策略,可能是抗性基因,也可能是对病毒侵染有抵抗作用的代谢途径,是植物病毒学科需持续深入研究的内容之一,也为采取有效的防控手段提供新的遗传策略和理论支撑。

参 考 文 献

- [1] Cao Y Y, Shi Y, Li Y Q, et al. Possible involvement of maize Rop1 in the defence responses of plants to viral infection [J]. *Molecular Plant Pathology*, 2012, 13 (7): 732-743.
- [2] Chen Q, Chen H, Mao Q, et al. Tubular structure induced by a plant virus facilitates viral spread in its vector insect [J]. *PLoS Pathogens*, 2013, 8 (11): e1003032.
- [3] Chen H, Zhang Z, Teng K, et al. Up-regulation of LSB1/GDU3 affects geminivirus infection by activating the salicylic acid pathway [J]. *Plant J*, 2010, 62 (1): 12-23.
- [4] Dong L, Liu M, Fang Y Y, et al. DRD1-Pol V-dependent self-silencing of an exogenous silencer restricts the non-cell autonomous silencing of an endogenous target gene [J]. *Plant J*, 2011, 68, 633-645.
- [5] Du P, Wu J G, Zhang J Y, et al. Viral infection induces expression of novel phased MicroRNAs from conserved cellular MicroRNA precursors [J]. *PLoS Pathogens*, 2011, 7 (8): e1002176.
- [6] Du Z, Xiao D, Wu J, et al. p2 of rice stripe virus (RSV) interacts with OsSGS3 and is a silencing suppressor [J]. *Mol Plant Pathol*, 2011, 12: 808-814.
- [7] Du Q S, Duan C G, Zhang Z H, et al. DCL4 targets Cucumber mosaic virus satellite RNA at novel secondary structures [J]. *J Virol*, 2007, 81, 9142-9151.
- [8] Duan C G, Fang Y Y, Zhou B J, et al. Suppression of Arabidopsis ARGONAUTE1-Mediated Slicing, Transgene-Induced RNA Silencing, and DNA Methylation by Distinct Domains of the Cucumber mosaic virus 2b Protein [J]. *Plant Cell*, 2012, 24: 259-274.
- [9] Ji X, Qian D, Wei C H, et al. Movement protein Pns6 of Rice dwarf phytoevirus has both ATPase and RNA binding activities [J]. *PLoS ONE*, 2011, 6 (9): e24986.
- [10] Jia D, Chen H, Mao Q, et al. Restriction of viral dissemination from the midgut determines incompetence of small brown planthopper as a vector of Southern rice black-streaked dwarf virus [J]. *Virus Res*, 2012, 167: 404-408.
- [11] Jia D, Chen H, Zheng A, et al. Development of an insect vector cell culture and RNA interference system to investigate the functional role of fijivirus replication protein [J]. *J Virol*, 2012, 86: 5800-5807.
- [12] Jia D, Guo N, Chen H, et al. Assembly of the viroplasm by viral non-structural protein Pns10 is essential for persistent infection of rice ragged stunt virus in its insect vector [J]. *J Gen Virol*, 2012, 93: 2299-2309.
- [13] Jia M A, Li Y Q, Lei L, et al. Alteration of gene expression profile in maize infected with a double-stranded RNA fijivirus associated with symptom development [J]. *Molecular Plant Pathology*, 2012, 13 (3): 251-262.
- [14] Jiang L, Qian D, Zheng H, et al. RNA-dependent RNA polymerase 6 of rice (*Oryza sativa*) plays role in host defense against negative-strand RNA virus, Rice stripe virus [J]. *Virus Research*, 2012, 163: 512-519.
- [15] Lai J, Chen H, Teng K, et al. RKP, a RING finger E3 ligase induced by BSCTV C4 protein, affects geminivirus infection by regulation of the plant cell cycle [J]. *Plant J*, 2009, 57: 905-917.
- [16] Liu L, Zhang Y, Tang S, et al. An efficient system to detect protein ubiquitination by agroinfiltration in *Nicotiana benthamiana* [J]. *Plant J*, 2010, 61 (5): 893-903.

- [17] Pu Y Y, Kikuchi A, Moriyasu Y, et al. *Rice Dwarf Viruses* with dysfunctional genomes generated in plants are filtered out in vector insects: implications for the origin of the virus [J]. *J Virol*, 2011, 85: 2975–2979.
- [18] Shen Q T, Liu Z, Song F M, et al. Tomato SlSnRK1 protein interacts with and phosphorylates β C1, a pathogenesis protein encoded by a geminivirus betasatellite [J]. *Plant Physiology*, 2011, 157 (3): 1394–1406.
- [19] Ren B, Guo Y Y, Gao F, et al. Multiple functions of Pns10 encoded by Rice dwarf virus Pns10 in suppressing systemic RNA silencing [J]. *Journal of Virology*, 2010, 84: 12914–12923.
- [20] Shen M, Xu Y, Jia R, et al. Size-Independent and Noncooperative Recognition of dsRNA by the Rice Stripe Virus RNA Silencing Suppressor NS3 [J]. *J Mol. Biol*, 2010, 404 (4): 665–679.
- [21] Zhang T, Luan J, Qi J, et al. Begomovirus–whitefly mutualism is achieved through repression of plant defenses by a virus pathogenicity factor [J]. *Molecular Ecology*, 2012, 21 (5): 1294–1304.
- [22] Wang Q, Yang J, Zhou G H, et al. The complete genome sequence of two isolates of Southern rice black-streaked dwarf virus, a new Fijivirus [J]. *Journal of Phytopathology*, 2010, 158: 733–737.
- [23] Yang X, Xie Y, Raja P, et al. Suppression of methylation-mediated transcriptional gene silencing by β C1–SAHH protein interaction during geminivirus–betasatellite infection [J]. *PLoS Pathogens*, 2011, 7 (10): e1002329.
- [24] Yang X, Wang Y, Guo W, et al. Characterization of small interfering RNAs derived from the geminivirus/betasatellite complex using deep sequencing [J]. *PLoS ONE*, 2011, 6 (2): e16928.
- [25] Yan F, Zhang H, Adams M J, et al. Characterization of siRNAs derived from Rice stripe virus in infected rice plants by deep sequencing [J]. *Arch Virol*, 2010, 155: 935–940.
- [26] Ying X B, Dong L, Zhu H, et al. RNA-dependent RNA polymerase 1 from *Nicotiana tabacum* suppresses RNA silencing and enhances viral infection in *Nicotiana benthamiana* [J]. *Plant Cell*, 2010, 22, 1358–1372.
- [27] Zhang C, Pei X, Wang Z, et al. The Rice stripe virus pc4 functions in movement and foliar necrosis expression in *Nicotiana benthamiana* [J]. *Virology*, 2012, 425 (2): 113–121.
- [28] Zhang H, Zhao L, Liu S, et al. Tm-2² Confers Different Resistance Responses against Tobacco mosaic virus Dependent on Its Expression Level [J]. *Mol. Plant*, 2012, doi: 10.1093/mp/sss153.
- [29] Zhang H M, Yang J, Chen J P, et al. A blackstreaked dwarf disease on rice in China is caused by a novel fijivirus [J]. *Arch Virol*, 2008, 153: 1893–1898.
- [30] Zhang Z, Chen H, Huang X, et al. BSCTV C2 attenuates the degradation of SAMDC1 to suppress DNA methylation-mediated gene silencing in *Arabidopsis* [J]. *Plant Cell*, 2011, 23: 273–288.
- [31] Zhao J, Liu Q, Zhang H, et al. The Rubisco Small Subunit Is Involved in Tobamovirus Movement and Tm-2²-Mediated Extreme Resistance [J]. *Plant physiology*, 2013, 161 (1): 374–383.
- [32] Zhou G H, Wen J J, Cai D J, et al. southern rice black-streaked dwarf virus: a new proposed Fijivirus species in the family Reoviridae [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2008, 53 (23): 3677–3685.
- [33] Zhu H, Duan C G, Hou W N, et al. Satellite RNA-derived small interfering RNA satsiR-12 targeting the 3' untranslated region of Cucumber mosaic virus triggers viral RNAs for degradation [J]. *J Virol*, 2011, 85: 13384–13397.

撰稿人：陈剑平 燕 飞

植物抗病虫害功能基因组学 学科发展研究

一、引言

作物病虫害是危害世界粮食安全的主要威胁之一。我国每年由于病虫害所致的农作物损失巨大。随着品种种植的单一化、气候变化、病原物变异以及外来生物入侵等因素影响，新的病虫害不断出现，传统病虫害发生规律发生改变，使得病虫害的防治遭遇了更大的挑战。近年来，越来越多的研究证明植物也存在与动物类似的先天免疫反应（innate immunity），能主动激活抗性机制从而防御病虫害的入侵。因此，如何通过提高植物自身的抗性来控制病虫害的危害一直是植物病理学家和昆虫学家探讨的热点问题。近年来，随着植物病理学和昆虫学与分子生物学、生物化学、生物信息学以及基因组学等学科的交叉融合，我国科学家在植物抗病虫害功能基因组学学科研究理论体系的构建、抗性机制的揭示以及研究技术的改进和革新等方面均取得了许多突破，成为植物抗病虫害领域的重要研究力量。

本报告概述了 2011—2013 年我国植物抗病虫害功能基因组学学科在抗病虫害基因资源发掘，植物抗病虫害基因工程技术，抗病虫害转基因植物的安全性评价发展研究的现状，并介绍该学科的发展前景和展望。

二、本学科近年的发展现状

（一）抗病虫害基因资源发掘

1. 抗病相关基因

（1）植物激素与抗病性的相互关系

茉莉酸（JA）是一种植物激素，参与调控植物的免疫（抗病）反应，可以抑制植物

的生长。赤霉素 (GA) 是促进植物生长的激素, 是第一次绿色革命的靶标。中国科学院上海植物生理生态研究所何祖华课题组与美国密歇根州立大学合作发现, 在水稻中通过 RNA 干扰的方法下调茉莉酸的信号途径, 可以使水稻快速生长, 株高和粒长明显增加; 茉莉酸可以使赤霉素信号的关键抑制子 DELLA 蛋白 SLR1 累积, 因此植株矮化; 当茉莉酸信号减弱时, SLR1 蛋白快速降解, 因此植株快速生长。模式植物拟南芥的茉莉酸信号突变体也有赤霉素相关的表型, 过量表达茉莉酸信号的关键抑制子 JAZ 能使植物表现为赤霉素超敏感的表型; 像在水稻中一样, JA 也可以使拟南芥的 DELLA 蛋白累积, 说明在双子叶和单子叶植物中抗病与发育的交互作用调控机制是保守的。该研究成果对于抗病及高产协调的农作物设计育种提供了思路。

WRKY 转录因子在调控植物对病原物侵染的防卫反应中起着重要的作用。中国农业大学郭泽建课题组的发现 *WRKY30* 基因在水稻受水杨酸 (SA) 和 JA 处理后迅速上调表达, 过量表达 *WRKY30* 转基因株系同时增强了对水稻纹枯病和稻瘟病的抗性。检测发现过量表达 *WRKY30* 的转基因植株通过激活 JA 合成相关基因 *LOX* 和 *AOS2* 来提高内源的 JA 含量, 以及启动病程相关基因 *PR3* 和 *PR10* 的表达以调控抗病防卫反应, 表明 JA 在 *WRKY30* 介导的水稻抵御真菌病害侵染中起关键作用。

有证据表明 IAA 可以导致细胞壁松弛, 从而使水稻更易遭受病原物的侵染。华中农业大学王石平课题组发现编码吲哚乙酸氨基化合成酶的 GH3-2 基因介导水稻对水稻白叶枯病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Xoo)、细菌性条斑病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzacola*, Xoc) 以及稻瘟病菌 (*Magnaporthe grisea*) 的广谱抗性。水稻白叶枯病菌、细菌性条斑病菌和稻瘟病菌等病原物可以分泌 IAA 来诱导水稻在被侵染部位产生 IAA 使细胞壁松弛, 从而导致水稻更易遭受病菌侵染。而水稻中的 GH3-2 可以在病原物侵染过程中被激活, 并通过催化形成具有抑制细胞壁松弛蛋白表达功能的 IAA-氨基酸连接物使 IAA 钝化, 从而抑制病原诱导的 IAA 积累使得水稻产生基础抗性。他们预测 GH3-2 将在培育具有广谱抗性的水稻中得以广泛应用。

(2) 泛素化途径相关蛋白对稻瘟病的广谱抗病性的调节

泛素蛋白酶体途径 (ubiquitin-proteasome system, UPS) 是一类在植物生长、发育和激素应答系统中起重要作用的转录后修饰蛋白降解途径。最近的研究表明, 在生物和非生物胁迫中, UPS 对植物抗性反应调控也起了重要的作用。浙江大学宋凤鸣课题组和中国科学院上海植物生理生态研究所何祖华课题组合作, 通过对稻瘟病和其他防卫激素诱导得到水稻基因进行表达谱分析, 分离获得一个受稻瘟病和防卫激素诱导的锌指蛋白 *OsBB11* (BLAST AND BTH-INDUCED 1)。通过比较 *Osbb11* 突变体和转基因 *OsBB11* 过表达植株对稻瘟菌的表型分析, 发现 *OsBB11* 参与对稻瘟病菌不同生理小种的广谱抗病反应。体外研究表明 *OsBB11* 具有 E3 连接酶的活性。*OsBB11* 蛋白的过量表达细胞中呈现更高的过氧化氢水平和细胞壁增厚, 而插入功能缺失突变体的表型呈相反趋势。这些结果暗示 *OsBB11* 可能通过调节细胞壁而增强抗病能力。该项研究为明确 E3 连接酶如何参与抗病过程提供了新的证据, 并且为稻瘟病广谱抗病性的遗传操作提供了新的线索。

AvrPiz-t 是水稻广谱抗稻瘟病基因 *Piz-t* 相对应的稻瘟菌效应蛋白, 中国农业科学院植物保护研究所王国梁课题组发现, 稻瘟菌效应蛋白 AvrPiz-t 通过调控水稻泛素连接酶 APIP6 抑制水稻的 PTI (PAMP-triggered immunity) 过程。AvrPiz-t 与一个 RING 类型的 E3 泛素连接酶 APIP6 互作并降解 APIP6。APIP6RNAi 转基因植株抗病性鉴定表明 APIP6 是水稻 PTI 过程的正调控因子。该项研究揭示了泛素蛋白酶体途径参与水稻稻瘟菌互作中的一种新作用机制, 为深入研究水稻—稻瘟菌互作的分子机制提供了新线索。

(3) 植物基础防卫反应和系统获得性抗性的调控机制

在与病原菌的长期抗争过程中, 植物进化形成复杂的先天性免疫系统。PTI 是植物的第一道免疫防线, 而植物的抗性蛋白 (R) 可识别病原菌的毒性蛋白, 引发强烈的免疫反应。PAMP 受体下游有一条重要的 MAPK 级联信号通路: MEKK1-MKK1/MKK2-MPK4。已有的研究表明, *mekk1*, *mkk1/2* 和 *mpk4* 突变体均表现出自身免疫激活和细胞死亡的表现, 但机制尚不明朗。北京生命科学研究所以张跃林课题组利用 *mkk1/2* 突变体背景下进行了抑制子的正向遗传筛选, 发现了两个重要的突变体 *summ1* 和 *summ2*。其中 SUMM2 蛋白具有核苷酸结合位点和富含亮氨酸重复结构 (NB-LRR)。MEKK1-MKK1/MKK2-MPK4 蛋白激酶通路负调控由 SUMM2 所介导的免疫反应, 并同时正调控植物的基础免疫反应。植物病原菌假单胞丁香杆菌的毒性蛋白 HopAI1 能够抑制植物 MPK4 的蛋白激酶活性, MPK4 激酶活性的抑制又导致 SUMM2 所介导的免疫反应的激活。这些结果表明, SUMM2 作为一个抗性蛋白起作用, 一旦病原菌通过毒性蛋白阻断植物 MEKK1-MKK1/MKK2-MPK4 蛋白激酶通路, SUMM2 被激活并启动相应的免疫反应。而另一个突变体 *suum1* 不仅可以抑制 *mkk1/2* 的免疫反应和细胞死亡, 而且可以抑制 *mekk1* 和 *mpk4* 的表型。通过图位克隆发现 SUMM1 编码 MEKK2 蛋白, 该蛋白是一个典型的 MAP Kinase Kinase Kinase。SUMM1 可以与 MPK4 相互作用, 并且在体外可以被 MPK4 磷酸化。SUMM1 过量表达可以激活植物的抗病反应和细胞死亡, 而这些反应又依赖于 NB-LRR R 蛋白 SUMM2。表明 MEKK1-MKK1/MKK2-MPK4 蛋白激酶通路负调控由 MEKK2 所介导的免疫反应, 而一旦该激酶通路被阻断, MEKK2 的激活可引起 SUMM2 介导的免疫反应。该课题组还通过突变体筛选发现植物中 MOS14 (modifier of *snc1-1*, 14) 介导的 SR 蛋白的入核对于这两个 R 基因的正确剪接以及它们在植物中介导的免疫反应是非常重要的。

中国科学院遗传与发育研究所周俭民课题组与清华大学柴继杰课题组合作在 *Science* 杂志上发表了题为 “Chitin-Induced Dimerization Activates a Plant Immune Receptor” 的文章。该研究成果证明了植物先天免疫受体蛋白 AtCERK1 识别病原菌、激活免疫反应的生化机理。植物的天然免疫是植物免疫系统的重要组成部分。在植物的细胞膜上存在多种模式识别受体, 通过识别病原体上的一些共有的、保守的分子基序 (即 PAMPs), 引发先天免疫反应。真菌病原体细胞壁的主要组分几丁质是 β -1,4 连接的 N-乙酰氨基葡萄糖的多聚物, 可以作为一种 PAMP 刺激植物产生免疫反应。CERK1 被证明是几丁质在拟南芥中的受体, 是一种胞外含有三个串联的 LysM 结构域的 LysM 类型受体激酶。通过多种生化和功能分析以及结构生物学实验, 发现当植物宿主细胞感受到几丁质时, 植物细胞膜上的 CERK1

通过胞外 LysM 结构域二聚化来完成配体感应,使其胞内结构域磷酸化并激活下游防卫反应信号通路。该项研究阐明了 CERK1 识别几丁质的分子机制和结合几丁质后的激活机制,为理解植物免疫调控及其他受体激酶的作用方式提供了一个宝贵的模型。

(4) 植物表观遗传抗病机制

组蛋白的甲基化、泛素化和乙酰化等翻译后修饰在生命体中具有十分重要的作用。其中,组蛋白的乙酰化和去乙酰化与转录调节密切相关。由表观遗传介导的寄主对病原菌的抗性是目前国际上植物与病原菌互作研究领域的一个热点问题。OsHDT701 是水稻中去乙酰化酶 HD2 亚家族的成员之一。中国农业科学院植物保护研究所王国梁课题组发现,OsHDT701 受稻瘟病菌侵染及 PAMPs 处理诱导表达。OsHDT701 沉默和过量表达转基因植株抗病性鉴定结果表明,OsHDT701 是水稻 PTI 过程的负调控因子。据深入的研究发现,OsHDT701 通过抑制组蛋白乙酰化水平及 PTI 相关基因的表达,负调控对稻瘟病菌 PAMP 诱导 PTI 的抗性。该研究揭示了组蛋白去乙酰化酶参与水稻抗病的一种新作用机制,也将为农作物病害防控策略提供新思路。

(5) 水稻锌指类蛋白对水稻白叶枯病抗性的调节

由水稻白叶枯病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Xoo) 引起的水稻白叶枯病是水稻生产上的一大毁灭性灾害。含有三个保守半胱氨酸和一个组氨酸结构域 (CCCH) 的锌指蛋白是锌指蛋白家族中重要的一类蛋白。尽管在水稻基因组中已经被证实含有至少 67 个 CCCH 型的锌指蛋白基因,但其功能仍知之甚少。华中农业大学王石平教授课题组发现水稻中的一个 CCCH 型锌指蛋白——C3H12 参与了水稻对水稻黄单胞水稻致病变种的侵染调控。C3H12 可以正调控水稻对水稻黄单胞水稻致病变种的抗性,而且其功能可能依赖于 JA 途径。该锌指蛋白包含五个典型的 CX (8) -CX (5) -CX (3) -H 锌指结构域,C3H12 激活后可以部分增强水稻对 Xoo 的抗病性,并伴随着水稻中 JA 的积累,以及 JA 信号基因在水稻中的表达。相反,敲除或抑制 C3H12 后会导致水稻对水稻黄单胞水稻致病变种的敏感性增加,同时伴随着 JA 水平以及 JA 基因表达水平的下降。C3H12 与较小的抗水稻黄单胞水稻致病变种的数量性状基因座位于相同位置,而且在数量性状基因座中随机挑选的抗性增强的植株与 C3H12 表达水平增强的群体相关联。研究表明 C3H12 蛋白定位于细胞核中,并且在体外有结合核酸的功能。

(6) NBS-LRR 类抗病基因的分选及植物抗病中的作用机理研究

NBS-LRR 是一类在植物中含有双螺旋结构的核酸结合位点和具有富含亮氨酸重复序列的蛋白。在已经分离到的植物的 R 基因中,绝大部分都含有 NBS-LRR 结构,因此 NBS-LRR 类基因的分选和鉴定一直是抗病研究中热点。华南农业大学潘庆华课题组明确了稻瘟病抗性基因 Pik 是 Pik 位点 (位于水稻 11 号染色体长臂上) 上五个经典的等位基因之一,并且对中国许多稻瘟菌分离物具有高度持久抗性,具有 NBS-LRR 结构的 *Pik-1* 和 *Pik-2* 的协同作用对 Pik 抗性的表达是必须的,推测 Pik 可能是人工驯化后在 Pik 位点出现的新等位基因。他们也从一种广泛种植的抗稻瘟病品种 Er-Ba-Zhan (EBZ) 及其衍生出的对稻瘟病具有广谱抗性的栽培品种鉴定出另一个抗病基因 *Pi50 (t)*, 该基因被锁定在一

段包含有 Pi2/Pi9 的长为 53kb 的序列上。对 Pi2/Pi9 上 4 个 NBS-LRR 功能基因的 LRR 结构域进行序列比较发现 *EBZ* 等位基因与 Pi2/Pi9 上已知的其他等位基因不同。该课题组克隆的另一个水稻稻瘟病抗性基因 *Pik-p* 被定位在水稻 11 号染色体长臂的 *Pik* 位点。在该区域还有 4 个 *NBS-LRR* 基因。对带有 *Pik-p* 基因的 cv. K60 进行研究发现 2 个候选 NBS-LRR 基因 (*KP3* 和 *KP4*) 在 cv. K60 中有表达。利用 RNA 干扰进行功能缺失实验证明 *KP3* 和 *KP4* 对 *Pik-p* 功能是必需的; 利用回补测试进行的功能获得实验证明单独的 *KP3* 或 *KP4* 不能行使 *Pik-p* 功能, 只有两者同时引入时才能表达抗性。这些基因的分离和鉴定将有利于抗性育种。

通过对两个基因组已经测序的水稻品种的 NBS-LRR 基因家族进行比对, 中国科学院遗传与发育研究所朱立煌课题组克隆得到一个具有稻瘟菌抗性的 NBS-LRR 蛋白质 *Pid3*。对 *Pid3* 的一个同源物 *Pid3-A4* 的功能分析表明, *Pid3-A4* 编码的蛋白与 *Pid3* 蛋白有 99.03% 的序列相似性, 仅有 9 个氨基酸存在差异, 在野生水稻中, *Pid3-A4* 组成性表达, 而且其表达并不由稻瘟病菌 Zhong-10-8-14 的侵染所诱导。在转基因植物中, 与 *Pid3* 相比, *Pid3-A4* 对一系列稻瘟病菌 (包括在四川稻田中盛行的稻瘟病菌) 分离物表现出独特的抗病谱。因此, *Pid3-A4* 可以在抗稻瘟病菌品种的选育中, 尤其是在中国西南地区品种的选育中得以广泛应用。

(7) 番茄抗叶霉病调控基因的鉴定和功能分析

番茄与叶霉菌 (*Cladosporium fulvum*) 互作是研究 ETI (效应分子触发的植物免疫反应, effector-triggered immunity) 抗性的模型互作系统。浙江大学蔡新忠课题组建立了基于抗性或 HR 差异表达基因或蛋白分离技术以及随后的基因沉默分析技术的抗病调控基因分离技术体系。分别采用 cDNA-AFLP 和蛋白质组学技术比较分析了 Cf-4 和 Cf-9 下游信号传导途径, 克隆了 Cf-4 和 Cf-9 介导的过敏性坏死产生前后差异表达的 *ACE* (*Avr/Cf elicited*) 基因片段 282 个, 鉴定了差异表达蛋白质 65 个, 并采用基因沉默技术分析了这些 *ACE* 基因的抗病作用, 发现其中 7 个 *ACE* 基因在番茄抗叶霉病中起重要作用, 揭示了 *PIP1*、天冬酰胺合成酶 (Asparagine synthetase) 基因 *ASN*、胰蛋白酶抑制子基因 *Mir*、SIPK 类蛋白激酶基因 *f4*、小 GTP 结合蛋白基因 *b16* 和新型转录因子 *ASR4* 等在 Cf-4 介导 HR 中的重要作用。这些结果增进了对植物 ETI 抗病性分子机理的理解, 也为番茄抗病分子育种提供基因资源。

(8) 非寄主抗性调控基因的挖掘和利用

植物非寄主抗性 (nonhost resistance) 是指一个植物种对一个微生物种的所有菌株均表现抗性的现象。因为非寄主抗性的存在, 植物可以有效抵抗绝大多数潜在病原物的侵染, 成为绝大多数潜在病原物的非寄主 (nonhost)。非寄主抗性是最普遍、广谱、持久和强烈的抗病性表现形式, 因而在植物保护上具有巨大应用潜力, 近年来正受到人们越来越广泛的关注。浙江大学蔡新忠课题组对水稻白叶枯病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Xoo) 和细菌性条斑病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzacola*, Xoc) 非寄主抗性机理开展了研究, 明确了本氏烟 (*Nicotiana benthamiana*) 和水稻白叶枯病菌系统是一个典型的非

寄主抗性互作体系。水稻白叶枯病菌(Xoo)悬浮液浸润本氏烟植株叶片,在浸润部位迅速产生特异性组织坏死,组织内的Xoo细菌繁殖迅速受到强烈抑制,Xoo菌液处理导致活性氧的迅速积累,并诱导一组防卫相关基因的表达。进一步采用TRV诱导的基因沉默(gene silencing)技术分析了120多个采用组学等技术鉴定获得的抗性产生前后差异表达基因。一共筛选获得了16个对Xoo非寄主抗性中起重要作用的调控基因。这些基因包括涉及Ca²⁺浓度稳定和信号传导途径基因、信号传导相关GTP结合蛋白基因、抗病识别相关基因以及功能未知的基因。该研究首次揭示了Ca²⁺浓度稳定和信号传导途径等基因对非寄主抗性的重要调控作用。

2. 抗虫相关基因

目前报道的抗虫基因根据来源主要分三类,植物源、动物源和微生物源抗虫基因。植物源抗虫基因主要为蛋白酶抑制和凝集素基因;动物源抗虫基因主要是节肢动物来源的蜘蛛毒素基因、蝎毒素基因和寄生蜂源抗虫基因;微生物抗虫基因主要是来自苏云金芽孢杆菌(*Bacillus thuringiensis*)的杀虫晶体蛋白和营养期杀虫蛋白基因。

(1) 植物源抗虫基因资源发掘

1) 蛋白酶抑制剂。植物源的抗虫基因中,蛋白酶抑制剂是一个大家族,包括丝氨酸蛋白酶抑制剂、巯基蛋白酶抑制剂和金属羧基肽酶抑制剂,最为常见的是丝氨酸蛋白酶抑制剂,广泛存在于麦类种子、豆类、马铃薯及番茄中。害虫为了应对蛋白酶抑制剂的作用,消化食物时使用多种蛋白酶或超量表达某种蛋白酶。近年的研究主要集中在重组蛋白酶抑制剂上,利用定点突变或融合蛋白的方法,提高蛋白酶抑制剂的活性,并试图增加抑制剂的特异性。

蛋白酶抑制剂与*Bt*基因组合使用可以延缓害虫抗性的产生,拥有很大的应用前景。有研究将3种*Bt*蛋白(Cry1Ac、Cry1Ab和Cry1Ca)分别与包括大豆胰蛋白酶抑制剂的7种蛋白酶抑制剂混合,对甜菜夜蛾(*Spodoptera exigua* Hiibner)幼虫的活性都表现出协同增效作用,并且蛋白酶抑制剂的浓度越高,增效作用越明显。但由于蛋白酶的非特异性,对食草动物蛋白酶、食物链中其他生物的蛋白酶和植物的蛋白酶都可能有一定的抑制作用,从而对农业系统内的非靶标生物产生副作用。

2) 凝集素基因。植物凝集素广泛存在并且种类繁多,特别是它所具有的对多种单糖和寡聚糖的专一性结合能力,使其在植物抗虫基因工程研究中具有较大的应用潜力。克隆自蜡梅的凝集素基因*CpLEC*转化烟草,显著抑制了蚜虫群体增长率,并表现出较好的蛴螬抗性,危害指数显著低于非转基因对照植株。将韭莲(*Zephyranthes grandiflora*)的凝集素*zga*基因转入烟草,对烟蚜的群体抑制率达到77.9%;克隆自龟背竹(*Monstera deliciosa*)的凝集素*mda*基因在烟草中表达,对烟蚜的群体抑制率达到74%。半夏的(*Pinellia ternata*)凝集素基因*pta*是首次报道的对烟粉虱(*Bemisia tabaci*)有活性的凝集素基因,该基因在烟草中表达,对烟蚜的群体抑制率达到89%~92%,对烟粉虱的群体抑制率达到91%~93%,棉铃虫、烟芽夜蛾(*Heliothis virescens*)和甜菜夜蛾的死亡率达

100%。植物源的凝集素不仅对鞘翅目有活性，对同翅目的许多刺吸式害虫也有毒杀活性，因此可以用于抗刺吸式害虫的转基因作物研究。但有些植物凝集素对哺乳动物有毒性反应，需要通过筛选、改良获得安全的抗虫凝集素基因，以满足刺吸式害虫防治的需求。

3) 抗褐飞虱基因。水稻是我国最重要的粮食作物之一，褐飞虱是水稻生产中的首要害虫。20世纪60年代以来，全世界科学家从水稻栽培种和野生稻转育材料中鉴定出了20多个抗褐飞虱基因位点，但一直没有克隆到这些基因，水稻抗虫性的分子机理也不甚明了。武汉大学何光存课题组与国内同行合作，经14年研究，成功从水稻中分离了抗褐飞虱基因 *BPh14*，这是国际上应用图位克隆法分离得到的第一例水稻抗虫基因。*Bph14* 的表达在褐飞虱侵染之后激活了水杨酸信号传导通路，诱导韧皮部细胞的胼胝质沉积以及胰蛋白酶抑制剂的产生，因此降低了褐飞虱的取食、生长速率和寿命，从而使水稻免受危害。

(2) 动物源抗虫基因资源发掘

1) 蝎毒素肽。目前，已有200个富含硫的蝎毒素肽被克隆，大小在3.3~9.0kD，含有3~6个二硫键，对鳞翅目、鞘翅目、直翅目、双翅目、半翅目等多种昆虫有杀虫活性，但是仅有10个毒素肽被证明对脊椎动物无害。1996年，首个蝎毒素肽被导入烟草，之后又相继转入棉花、白杨等植物，不论是由组成型强启动子驱动，还是组织特异的启动子驱动，目标害虫都能达到75%~100%的死亡率。蝎毒素肽和Bt杀虫晶体蛋白的作用机制不同，不会产生拮抗作用；而且杀虫晶体蛋白使昆虫上皮细胞裂解，使蝎毒素易于接近血腔。

2) 寄生蜂源抗虫基因资源发掘。寄生蜂是重要的害虫天敌资源，在害虫自然控制中发挥着重要作用。寄生蜂之所以能够有效的控制寄主害虫，主要是因其雌成蜂所携母性活性因子或其幼虫分泌物在寄生过程中发挥了重要功能。综合国内外有关20余种内外寄生蜂的研究结果可知，其活性因子包含有毒液、多分DNA病毒、类病毒颗粒、卵巢蛋白、畸形细胞和幼虫分泌物等。如何有效结合现代生物技术（如植物转基因、RNA干扰、微生物基因改良等）使寄生蜂所携带的活性因子在植物害虫防治中确实发挥有效的作用，已成为植物保护领域的研究热点之一。

目前，国内有关寄生蜂源抗虫基因的研究仍处于候选基因资源的发掘和功能研究阶段，尚未将其真正用于转基因抗虫植物的培育。浙江大学叶恭银课题组研究结果表明，蝶蛹金小蜂 (*Pteromalus puparum*) 毒液可以通过抑制其寄主清道夫受体基因的表达，从而削弱寄主的细胞免疫反应。此外，该寄生蜂毒液还可通过抑制寄主C型凝集素基因的表达，从而系统性的干扰寄主先天免疫反应。同时，其血细胞及脂肪体中具有重要生理功能的相关基因的表达以及血浆中的蛋白组成均会被其毒液所影响。因此，作为蝶蛹金小蜂主要的活性因子，毒液能够有效的调控寄主重要的生理过程。蝶蛹金小蜂毒液蛋白中的各活性组分的编码基因极有可能作为寄生蜂源抗虫基因的候选，被应用于植物害虫防治。因此，国内学者已就该寄生蜂的毒腺转录组、毒液蛋白质组开展了系统研究，目前已完成该蜂的毒腺转录组测序及毒液蛋白质组分析工作，并克隆获得了一批具有抑制寄主免疫反应

功能的毒液蛋白编码基因,如抑制寄主血淋巴黑化的 pacifastin 蛋白酶抑制剂基因、kazar 型丝氨酸蛋白酶抑制剂基因,抑制寄主血细胞包囊反应的毒液钙网蛋白基因,以及其他一些功能未知的如毒液碱性磷酸酶基因等。与多数其他动物源(如蜘蛛、蝎子等)毒素蛋白不同,蝶蛹金小蜂等内寄生蜂毒液蛋白对脊椎动物神经系统靶标不具有毒性作用,其主要针对的靶标为寄主害虫的先天免疫系统,该靶标与脊椎动物所固有的获得性免疫系统差异较大。这也预示着内寄生蜂毒液具有更好的选择特异性,其可能对脊椎动物包括人等哺乳动物较为安全,具有良好的应用前景。

除蝶蛹金小蜂毒液蛋白以外,国内学者还就其他植物害虫的寄生蜂及其活性因子开展了系列研究,并取得了一定进展。例如,菜蛾盘绒茧蜂(*Cotesia vestalis*)寄生会导致其寄主中肠不同丝氨酸蛋白酶活性下降,这可能与其寄生后寄主中肠丝氨酸蛋白酶基因转录水平下调有关,说明菜蛾盘绒茧蜂雌蜂所携活性因子能够调控寄主的取食消化等重要生理过程。前期研究证据表明,菜蛾盘绒茧蜂的主要活性因子为多分 DNA 病毒,其具有调控寄主免疫反应与生长发育的功能。因此国内学者也就其基因组 DNA 的组成进行了深度测序与分析。鉴于菜蛾盘绒茧蜂寄生后,其畸形细胞在寄生中后期发挥有重要功能,是该时期抑制寄主害虫免疫反应的关键因子。上述研究作为从编码菜蛾盘绒茧蜂活性因子的基因中筛选寄生蜂源抗虫基因奠定了基础。此外,国内学者还就腰带长体茧蜂及其活性因子开展了相关研究。现有结果表明,该蜂寄生可导致其寄主亚洲玉米螟体内酚氧化酶基因的表达,从而影响寄主体内的黑化反应。此外,腰带长体茧蜂胚胎外膜上存在一类凝集素结合蛋白,该蛋白可有效保护寄生蜂卵不被寄主血细胞包囊。综上所述,目前有关寄生蜂源的抗虫基因的发掘与筛选及其功能研究已有较好的进展,这些均为该类型抗虫基因资源的有效利用奠定了理论和物质基础。截至目前,已有科学家将一种编码寄生蜂畸形细胞所表达的分泌蛋白 *TSP14* 的基因成功导入烟草中,室内实验结果表明,与对照相比所获得的转基因烟草对烟芽夜蛾及烟草天蛾(*Manduca sexta*)具有明显的致死和延缓其生长发育的作用。这是迄今为止唯一将寄生蜂源抗虫基因导入植物并使植物获得对害虫抗性的成功案例,但它却预示着将寄生蜂源抗虫基因应用于抗虫转基因植物培育是有可能的。

(3) 微生物源抗虫基因资源发掘

苏云金芽胞杆菌在芽胞期产生一个或多个的杀虫晶体蛋白(Insecticidal crystal proteins),包括晶体蛋白(Crystal protein, Cry 蛋白)和 Cyt 蛋白(Cytolytic protein),它们又被称为 δ -内毒素。但是随着大量新基因的克隆,旧的分类系统逐渐的不能满足精细分类的要求。Crickmore 等于 1998 年提出了新的杀虫晶体蛋白分类方法,该方法是根据氨基酸的相似性进行分类(图 1),将 cry 基因分为四个等级,氨基酸相似性小于 45% 的杀虫蛋白被命名为第一等级,以此类推。截止到 2013 年 6 月,已经发现了 72 大类共计 720 种 Cry 蛋白,其中我国研究者共发现 300 种(http://www.lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/)。由于 *Bt* 基因特异的杀虫活性、对人畜无害、不污染环境,因而在害虫的生物防治中得到了最广泛的应用。

由于转 *Bt* 基因抗虫作物的广泛种植,使得害虫对转基因作物的抗性风险不断上升,

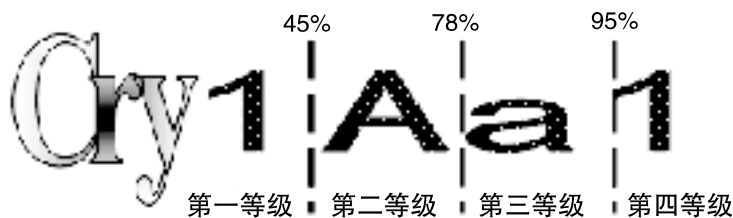


图1 *cry* 基因根据氨基酸同源性分类示意图

因此继续从自然界中分离克隆具有高毒力、且已知基因没有交互抗性的新型 *cry* 基因显得更为重要，克隆新基因的手段也从最初的 PCR-RFLP，发展到现在利用高分辨熔点仪（high resolution melting, HRM）和 Solexa 等新一代测序技术。

RFLP 鉴定方法是 1996 年由台湾学者 Kuo 和 Chak 创立的，该方法是根据已知基因的保守区域，在 5' 和 3' 各设计一个适于一类 *cry* 基因的通用引物，进行 PCR 扩增，产物用一种或两种特异性限制性内切酶消化，从而产生大量的限制性片段，由于点突变、易位、倒位、缺失和转座等变化使得不同基因片段 DNA 碱基发生改变，导致限制性内切酶的识别、切割位点发生变化，这样就会产生不同长度的酶切片段，依照电泳分析所产生的这种差异在判断基因差异的鉴定方法。通过优化 *cry2* 到 *cry10* 的通用引物，能鉴定出第三等级的 *cry* 基因，通过 *cry11* 类基因的 PCR-RFLP 鉴定方法发现了国内第一个模式基因 *cry11e1*。

高分辨熔点系统是医学上专门用于基因突变扫描和基因分型的高通量检测系统，依赖于 PCR 技术的 SNP 分析手段。它根据目标 DNA 的长度、GC 含量及碱基的互补差异、不同 DNA 样品在特定温度范围内的溶解曲线差异，对基因进行分型，其分辨精度可达单碱基差异，5 分钟即可完成 96 孔板 PCR 产物的基因分型，利用 HRM 技术获得了一系列 *cry9* 类和 *vip3* 类新基因。

DNA 测序技术自发明以来一直在推动分子生物学发展方面起着至关重要的作用，罗氏公司的 454 技术、Illumina 公司 Solexa 技术和 AB Life Technologies 公司的 SOLiD 技术的出现标志着第二代测序相继诞生第二代测序技术因其通量高的特点又称作高通量测序技术，主要特点是高准确性，高通量，高灵敏度，用时短和低运行成本等，在 *Bt* 新基因的发掘中起重要作用。

通过分子设计、蛋白质工程等对现有的 *Cry* 毒素进行改造也能获得高毒力 *cry* 基因。对于苏云金芽胞杆菌的改良，几十年来的工作都主要着眼于两个方面：一是基于已知杀虫晶体蛋白结构与功能的关系基础上的设计方案，称为蛋白质的理性设计研究，如定点突变、结构域互换等添加蛋白酶作用位点；二是蛋白质的非理性设计研究，通过对基因的随机突变和基因重组来创造突变库，然后结合高通量的筛选手段来筛选活性改善的突变体，挑出的有益突变基因可以作为下一轮突变的模板，进行多轮突变和筛选，以进一步提高基因的杀虫活性。

中国农业科学院植物保护研究所张杰课题组获得了一系列高活力的杀虫基因，发现并克隆的 Bt *cry* 基因达到 120 个，占国际 *cry* 新基因总数的 14%，包括对鳞翅目害虫高毒力的 *cry1Ah*、*cry1Ie*、*cry2Ah* 和 *cry9Ee* 基因，对鞘翅目高毒力的 *cry8Ea1*、*cry8Fa1*、*cry8Ga1*、*cry8Ha1* 和 *cry8Ia1* 等 12 种 *cry8* 类基因，并开展了微生物代谢调控机制与杀虫蛋白产量、芽胞杆菌芽胞形成机制与晶体形成关系等方面的研究，完成了苏云金芽胞杆菌 HD73 分离物的全基因组测序。在转基因重大专项的支持下，所获的新基因目前正在与国内单位合作开展转基因抗虫水稻、玉米、大豆、马铃薯、草坪草等研究，其中与北京奥瑞金种业股份有限公司合作研制的转 *cry1Ah* 基因玉米已进入生产性实验阶段；与中国农业大学赖锦盛教授合作的转 *cry8Ha*、*cry9Ee* 基因玉米对玉米螟等鳞翅目、蛴螬等金龟科害虫具有较好抗性，已分别完成中间试验阶段；与中国农业科学院作物所王国英教授及北京大北农科技集团股份有限公司合作开展抗鳞翅目及鞘翅目害虫转基因玉米的研究，取得较好的进展，获得了转 *cry1Ie*、*cry9Ee*、*cry8Ea* 等转基因玉米。华中农业大学孙明课题组将 *cry5* 和 *cry6* 基因导入大豆，获得了对大豆孢囊线虫具有抗性的转基因大豆。

（二）植物抗病虫基因工程技术

1. 抗病基因工程技术

植物病害严重影响了经济作物和粮食作物的产量。尽管在病害控制方面有了显著成效，但我国的粮食供应仍然受到病害的严重威胁，目前仍然缺乏有效的防治措施。生产上病害防治常用的方法有农具、土壤消毒，化学防治及用传统育种方法引入抗性基因等，这些方法都带有不同程度的弊端，例如，喷施农药不仅价格高，而且造成严重的环境污染；抗病育种存在资源贫乏，育种周期长等。此外，一些病原物如病毒和稻瘟菌致病性变异频繁，常规育种技术培育的抗病品种不能有效满足生产需求。利用转基因技术提高植物抗病性的方法是对传统抗病方法的一个有力的补充。基因工程技术的发展使得将外源基因导入植物赋予其对病原的抗性成为可能，基因工程方法和技术的应用，开辟了一条培育抗病植物品种的全新而有效的途径。

病毒病是造成农作物减产的重要病害。传统的抗病毒基因工程包括应用外壳蛋白基因、病毒复制酶基因、病毒卫星 RNA 和缺陷型运动蛋白基因等。当前应用最为广泛的是利用发夹结构或反义 RNA 诱导 RNA 沉默。RNA 沉默是真核生物细胞对外源遗传因子的一种特异性的、高效率的防卫机制，外源 RNA 分子入侵能激活细胞内的 RNA 沉默，并通过序列同源性的机制介导胞质 RNA 的降解。自从首次在转基因矮牵牛中发现 RNA 沉默现象以来，已发现 RNA 沉默是真核生物中普遍存在的现象，且与植物的抗病性密切相关。随着研究的深入，人们发现植物中的 RNA 沉默能被编码双链 RNA (dsRNA) 或自我互补的发夹 RNA (hpRNA) 所诱导，人为设计这种类型的遗传结构，如将目标基因的一段或全部 cDNA 设计成含有自我互补 RNA 的反向重复结构，转入植物以后能转录产生 hpRNA，启动植物体内的 RNA 沉默，从而降解 hpRNA 的双链区和与双链同源的内源的 mRNA。目

前,我国已有大量关于利用 dsRNA 技术进行植物抗病毒等方面的报道。amiRNAs(artificial microRNAs)介导的抗病毒转基因策略是近年发展起来的一种新的改良作物抗病性的技术。miRNA 是真核生物中广泛存在的长度为 21 ~ 24nt 的非编码小 RNA(sRNA),由 Dicer 酶剪切具有茎环结构的前体形成,主要在转录后水平调控目标靶基因的表达。植物的 miRNA 与靶 mRNA 配对性很高,主要通过切割靶 mRNA 和抑制蛋白翻译来调控靶基因。科学家根据 miRNA 这一特性,仿造 miRNA 的骨架结构来人工沉默靶基因。这种人工 miRNA 技术已经成为反向遗传学研究基因功能的有效工具,并可能成为改良作物农艺性状和抗逆性的重要手段。已有报道表明,利用 miR159 作为骨架,针对病毒蛋白设计人工 miRNA 并转化拟南芥,转基因植物对病毒具有良好的抗性,即使经过多代繁殖抗病性也不会丧失;同时针对两种病毒内源蛋白设计的人工 miRNA 转基因植物,对两种病毒均有良好的抗病作用,表明利用人工 miRNA 技术改良作物是可行的。

抗真菌和细菌病害基因工程总的来说要落后于病毒病。近年来,随着对植物抗病反应机制及病原菌致病机理的深入研究,抗真菌和细菌病害基因工程也取得了一些突破性进展,发展了一系列的相关的抗病基因工程技术。

植物真菌和细菌病害基因工程首选的最佳目的基因是来自植物自身的抗病基因,现已在玉米、番茄、烟草、亚麻、水稻、小麦和拟南芥中克隆到有关抗病基因。但这种抗性专化性太强,其前景可能有限。另一个策略是利用病原菌无毒基因(Avirulence gene, *Avr*)。病菌的无毒基因可以与特殊的启动子融合导入含相应抗病基因的植物中;或将无毒基因和寄主相应的抗病基因结合在一起,与启动子融合后导入不含抗病基因的植物中。由于使用的启动子受各种非专化性病原菌或其激发子所诱导,所以这种抗性具有广谱性。现已从真菌、卵菌、细菌、病毒等各大类病原物中克隆到至少 60 多个 *Avr* 基因。随着越来越多病原物基因组得到测序和功能分析,更多无毒基因将得到鉴定。目前对 *C. fulvum*、*M. oryzae*、*Rhynchosporium secalis*、*Melampsora lini* 等真菌; *Phytophthora* 属等卵菌; *Pseudomonas syringae*、*Xanthomonas campestris* 和 *X. oryzae* 等细菌的 *Avr* 基因鉴定及其功能分析比较深入。植物受病原物侵染时常产生一些病程相关蛋白(PR 蛋白)进行抵御,几丁质酶和 β -1,3-葡聚糖酶即是其中之一。几丁质和葡聚糖是大多数病原真菌细胞壁的主要成分,在植物中却不存在,由此人们设想可通过导入几丁质酶基因和葡聚糖酶基因来提高植物的抗病性。植物保卫素是植物产生的对一些不同种类病原菌具有毒性的物质,“植保素”的产生与积累是植物体内主要的防御反应之一。至今已从不同科属植物中鉴定了两百多种“植保素”。许多植物中的溶菌酶对病原细菌表现出很强的裂解活性,把外源溶菌酶基因导入植物可获得对细菌病害的抗性,现已获得转 T4 溶菌酶基因的马铃薯植株。在某些植物、微生物及昆虫中存在一些杀菌肽和抗菌蛋白,对一些细菌和真菌具有杀伤和抑制作用。另外还有一些抗菌蛋白,不具催化功能,但可与几丁质特异性结合,从而起到抵御病菌侵入的作用,这类抗菌蛋白称为植物凝集素。目前,发掘新的植物凝集素,探索利用植物凝集素基因来防治病害已成为国内外生物技术工作者新的竞争焦点。

2. 抗虫基因工程技术

2012年,全球转基因作物种植面积达到1.703亿公顷,比2011年的1.6亿公顷增长了6%。转基因作物商业化17年以来,转基因作物种植面积持续增加。但是由于害虫群体容易对单一的杀虫蛋白产生抗性,而且,目前对于刺吸式害虫还没有有效的杀虫蛋白,为了应对这些问题,保证粮食安全,急需研制新的防治策略。

(1) RNA 干扰

从发现外源双链RNA(double-stranded RNA, dsRNA)可以在线虫中引起RNA干扰(RNA interference, RNAi)过程开始, RNAi机制就备受关注。目前,该技术已被用于基因敲除和功能鉴定、癌症治疗等研究,并在植物病虫害防治中显示了巨大的潜力。最初,用RNAi下调某个基因表达,被广泛应用于昆虫基因功能的研究。由于昆虫中没有RNAi过程必须的依赖RNA的RNA聚合酶(RNA dependent RNA polymerase, RdRP),双链RNA不能复制,只能对目标基因的表达产生短时的影响,因此,很多科学家认为RNAi在抗虫转基因植物中的应用是不可行的。一些研究者通过筛选适合的昆虫靶标基因,增加dsRNA在转基因植物中的表达量等,发现外源的dsRNA可以引起昆虫系统性的反应。Baum等人从玉米根虫(*Diabrotica virgifera virgifera*)的cDNA中筛选到290个目标基因,通过喂食相应的dsRNA,发现其中的14个dsRNA在低浓度下就可诱导RNAi反应,导致玉米根虫发育迟缓、死亡,效果最好的是V型ATP酶基因。另一个成功的例子是沉默CYP6AE14基因,该基因编码棉铃虫的过氧化酶Cyt P450,导致棉铃虫对棉子酚敏感,已经在拟南芥、烟草和棉花中得以实现。针对棉铃虫的另一项研究将编码蜕皮激素受体的基因EcR沉默,影响幼虫蜕皮,由于蜕皮激素受体基因的保守性,转dsRNA的烟草对甜菜夜蛾也有较好的抗性。

(2) 利用次级代谢产物防治害虫

植物在受到虫害威胁的时候,正常生长的机体会产生一些次级代谢产物进行防御,近年来有报道利用植物自身的次级代谢产物来防治虫害。将高粱细胞色素氧化酶P450和UDP葡萄糖基转移酶转入到拟南芥中,产生一种氰苷,会在植物损伤部位产生氢氰酸,对跳甲(*Phyllotreta nemorum*)有很好的抗性。将3种甲基转移酶转入烟草中,斜纹夜蛾(*Spodoptera litura*)对产生咖啡碱的烟草叶片出现拒食。转草酸氧化酶(oxalate oxidase)的玉米由于次级代谢途径产生变化,可溶性的酚醛酸(phenolic acids)水平提高,使转基因玉米株系对欧洲玉米螟(*Ostrinia nubilalis*)有较好的抗性。在植物产生的这些刺激代谢产物中,一些是可挥发的并引诱害虫的天敌,以达到防御的目的。转玉米萜合成酶基因TPS10的拟南芥挥发的半萜烯能引诱害虫的天敌寄生蜂,转 β -石竹烯合成酶基因的玉米能挥发半萜烯引诱线虫来对付玉米根叶甲。

(3) 质体表达

外源基因定点整合到叶绿体基因组中,不仅蛋白表达量非常高,又避免了由于外源基因插入造成基因沉默,使植株畸形。质体基因组遵循细胞质遗传,避免了经花粉的扩散。

在叶绿体中表达 Bt 毒素不需要进行密码子优化，表达量可达到叶总蛋白的 3% ~ 5%，而且可以将几个基因设计在一个操纵子中，但是由于该项技术存在很大的难度，仅在烟草、卷心菜和大豆中有成功的报道。如果同时引入原基因组上游的两个开放读码框，可以使蛋白表达量最高可达到可溶性蛋白的 45%，并足以形成晶体，并且有很好的杀虫活性。N 端添加叶绿体转运肽（*chl1* 基因）也能显著提高 Bt 基因的表达量，如促进 *vip3A* 基因在棉花叶绿体中的积累。

（4）融合蛋白

融合蛋白，一些蛋白识别昆虫中肠上的结合位点，增加毒蛋白的结合能力，从而扩大杀虫谱并延缓抗性。Bt 蛋白与蓖麻素无毒的 B-链（non-toxic B-chain of ricin, RB）融合为 BtRB 蛋白，改造的融合蛋白不仅可以与氨肽酶的 N 端或钙黏蛋白结合，而且可以识别特定的糖蛋白位点，从而提高 Bt 蛋白的毒力。比如，转融合 Cry1Ac-RB 的玉米对二化螟（*Chilo suppressalis*）的杀虫活性提高了一倍，转融合 Cry1Ac-RB 的水稻对海灰翅夜蛾（*Spodoptera littoralis*）有杀虫活性。神经肽在环境及昆虫的中肠中都极易降解，与雪花莲凝集素（snowdrop lectin）融合后，雪花莲凝集素作为一种运载分子能携带神经肽穿过昆虫的中肠上皮细胞，到达循环系统如血淋巴细胞。

在真核生物中，口蹄疫病毒 2A 连接肽在第 19 位甘氨酸和第 20 位脯氨酸之间发生自发的剪切作用，而且来自凤仙花种子 LP4 多肽的前九个氨基酸又提供了一个天冬氨酸蛋白酶的酶切位点，将二者融合获得的 LP4/2A 连接肽提高了剪切效率。由 LP4/2A 连接肽序列融合的 *cry1Ah* 基因和 *mG2-epsps* 基因表达量显著高于由 2A 连接肽融合的基因，并且表现出更好的杀虫活性和草甘膦抗性。

（三）植物抗病虫害基因工程进展

随着基因工程技术的不断进步，基因工程技术越来越广泛的应用于植物的抗病育种中去。近年来，通过基因工程技术培育抗病植物已经成为抵抗植物病害的有效手段。

1. 植物抗病基因工程进展

浙江大学周雪平课题组利用黄瓜花叶病毒（CMV）部分复制酶基因和烟草花叶病毒（TMV）部分移动蛋白基因构建的发夹（harpin）结构通过农杆菌介导的遗传转化，获得了对 CMV 和 TMV 免疫的转基因烟草。这些株系遗传稳定，对其 T4 代的抗性测定表明，转基因烟草中检测不到病毒粒子的存在，仅能检测到信号很微弱的 CMV 和 TMV RNA 基因组。转基因烟草中能检测到 24nts 和 21nts 两种类型的 siRNA 的富集，而非转基因烟草在接种前后均检测不到 siRNA。因此转基因烟草的抗性是通过基因沉默降解病毒 RNA 而产生的。同时研究发现转基因烟草在低温（15℃）下对 CMV 或 TMV 仍然具有抗性，基因沉默效率不受影响。

山东农业大学温孚江课题组将 PVY CP 基因人工的划分为 16 段各 50bp 的区段，筛选

并获得 hpRNA 结构的植物表达载体, 将构建的植物表达载体转化烟草 NC89, 对 T1 代抗病性分析发现, 以 PVY CP 基因上的 50bp 序列为茎足以介导宿主植株的基因沉默的产生, 但由于 hpRNA 靶位置的差异产生不同的抗病效率, 靶向于 3' 端 701 ~ 750nt 区段表现最高水平的抗性; 且以 CP 基因 3' 端为靶序列的 hpRNA 转基因植株比以 5' 端为靶序列的植株更能有效地介导对 PVY 的抗性。对转基因植株的 siRNA 表达量的分析表明植株对病毒的敏感程度与 siRNA 积累量之间没有明显的相关性。山东农业大学朱常香和郭兴启课题组还以马铃薯 Y 病毒 (PVY) 的 TGBp1 和马铃薯 X 病毒 (PVX) P25 这两个抑制子基因为靶标设计人工 miRNA (amiRNA), 将构建的 amiRNA 表达载体转化烟草 NC89, 发现人工 miRNA 介导的 RNA 沉默能高效的抑制 TGBp1 和 P25 基因的表达, 从而对 PVY 和 PVX 产生强的抗病性。同时发现, amiRNA 的序列和靶标序列的互补程度, amiRNA 表达的程度以及不同的 miRNA 前体都会影响其介导的抗病性。利用一个串联的 amiRNA 同时表达 TGBp1 和 P25, 他们获得了能同时抵抗 PVY 和 PVX 的转基因烟草。

禾谷镰孢菌 (*Fusarium graminearum*) 引起的赤霉病是世界上危害小麦的毁灭性病害, 而禾谷丝核菌 (*Rhizoctonia cerealis*) 引起的小麦纹枯病是中国小麦生产的主要病害之一。来自萝卜中的防卫素 RsAFP2 是一种富含半胱氨酸的抗真菌的小蛋白质。这种蛋白质在体外实验中能够抑制农业上重要的真菌病原物的生长, 比如禾谷镰孢菌和禾谷丝核菌。中国农业科学院张增艳课题组将克隆的 *RsAFP2* 基因通过基因枪轰击转进中国小麦种 Yangmai 12, 以此来评价这个防卫素在保护小麦免受真菌病害侵害的效力。经由病害程度的测验, 4 个转基因株系 (RA1-RA4) 与未转的 Yangmai 12 植株和空转的植株相比, 转基因株系对禾谷镰孢菌的抗性得到了提高, 其中的两个转基因株系 (RA1 和 RA2) 也表现出对禾谷丝核菌提高了抗性。*RsAFP2* 表达水平与提高的抗性程度有关。表明在转基因小麦中, *RsAFP2* 的表达提高了植株对禾谷镰孢菌和禾谷丝核菌的抗性。

最近一个名为 *BoDFN* 的基因从甘蓝 (*Brassica oleracea* var. *italica*) 中分离。*BoDFN* 的完整编码序列长度为 243bp, 编码 80 个氨基酸。序列对比的结果显示 *BoDFN* 与十字花科植物的基因有很高的同源性, 只有很少的碱基差异。RT-PCR 的结果表明寄生霜霉侵染的叶片中, 此基因的表达有所增加, 特别是在侵染 24 小时和 36 小时表达明显增加。将 *BoDFN* 转化花椰菜, 随机选取了六个转基因系 (T03, T07, T08, T10, T12, and T15) 进行抗病性鉴定, 所有的阳性植株都表现出对寄生霜霉抗性的增加。乙烯反应因子 (ERFs) 在植物生长、发育历程和逆境胁迫中都发挥不同的作用, 而 ERFs 潜在的作用机制, 特别是在非模式植物中的作用仍然了解不多。福建农林大学何水林课题组从白菜的 cDNA 文库分离到一个 ERF 的全长 cDNA。序列比较发现该基因含有一个高度保守的 AP2/ERF 结构域, 两个核定位信号和一个在 C- 末端区域与 ERF 相关的两性抑制基序。这个基序属于 VIIIa 组别的 ERF, 与拟南芥中的 AtERF11 有最高的序列一致性, 被定名为 BrERF11。BrERF11 的转录水平是由外源的水杨酸、茉莉酸甲酯、乙烯利和过氧化氢激发的。BrERF11 的组成型表达增强了感染青枯病菌的转基因烟草的耐受性, 其伴随有过敏性

反应 (HR), 过氧化氢的激增, 以及 HR 途径的重要基因、依赖于水杨酸、茉莉酸的病原相关基因、乙烯合成相关基因等防御相关基因的上调, 以及 CAT1 的下调。表明 BrERF11 可能参与了病原相关的分子模式, 由水杨酸、茉莉酸介导的植物基础抗病性和植物抗病基因及其信号转导, 以及依赖于乙烯的信号转导机制。

中国农业大学罗云波课题组发现过量表达番茄的 *ERF1* 基因能够显著的增加番茄果实对黑根霉菌 (*Rhizopus nigricans*) 的抗性。过量表达 *SIERF1* 基因能显著地增加抗病途径基因 *PR5* 和 *PAL* 等基因的积累。同时也发现, 过量表达 *SIERF1* 基因的果实中, 苯丙氨酸氨裂解酶和几丁质酶等病原真菌抗性途径中的基因表达量显著升高。表明 *SIERF1* 可能是抗病途径中的一个正调控因子, 在番茄中直接调控着乙烯依赖的抗病途径。

台州学院蒋明课题组从蓝花子 (*Raphanus sativus* var. *raphanistroides*) 分离到一个定名为 *RsrSOD* 的锰超氧化物歧化酶基因。*RsrSOD* 基因全长 696bp, 预测编码 231 个氨基酸。推断的氨基酸序列包含四个可能的锰离子结合位点。在花椰菜花叶病毒 35S 启动子的控制下, *RsrSOD* 基因通过根癌农杆菌介导的转化花椰菜, 在转基因株系中接种寄生霜霉 (*Hyaloperonospora parasitica*) 后, *SOD* 基因表达和酶活性都显著地增强, 并对霜霉病具有很高的抗性, 症状完全被控制。

2. 植物抗虫基因工程进展

植物生物技术的最大贡献是创造了转基因抗虫植物, 并将其商业化, 不仅控制了虫害、保证了作物品质, 并且减少了农业对环境的影响。2012 年, 全球转基因作物的种植面积达到 1.7 亿公顷, 而转 *Bt* 基因的抗虫作物占 41%, 并呈现持续的增长态势。我国在植物抗虫基因工程方面也取得了实质性的进展, 不仅拥有一系列具有自主知识产权的高活性杀虫基因, 并针对主要粮食及经济作物害虫相继研发创制了抗虫棉花、玉米和水稻新品种。农业部依法批准发放了转植酸酶基因玉米 “BVLA430101”、转基因抗虫水稻 “华恢 1 号” 及杂交种 “Bt 汕优 63” 的生产应用安全证书, 后者可以专一、高效地控制水稻二化螟、三化螟和稻纵卷叶螟等水稻鳞翅目害虫。

(1) RNA 干扰在植物抗虫基因工程中的应用

RNA 干扰近年发现的一种序列特异的转录后基因沉默现象, 引起广泛的关注。RNAi 机制的发现不仅是基因功能研究的一个突破, 也翻开了抗虫转基因作物研究的新篇章。研究者通过筛选目标害虫的 cDNA 库, 发现可引起昆虫发育迟缓、影响蜕皮, 导致昆虫死亡的靶标基因, 体外喂食可引起靶标基因沉默的 dsRNA, 观察靶标基因沉默的效率及对昆虫的致死情况, 将高效的 dsRNA 转入植物, 培育抗虫转基因植物。目前, 发现的靶标基因有玉米根虫的 V 型 ATP 酶基因、棉铃虫的蜕皮激素受体 *EcR* 基因和编码过氧化酶 Cyt P450 的 *CYP6AE14* 基因等, 已经分别获得转基因拟南芥、烟草和棉花株系, 对棉铃虫表现很好的抗性。

(2) 复合性状抗虫转基因作物

表达多个 Cry 蛋白不仅可以提高转基因作物对目标害虫的活性, 而且也可以起到

延缓害虫产生抗性的作用。甘薯贮藏蛋白 (sporamin) 基因和几丁质酶 *PjChi-1* 基因同时转入油菜, 使 T1 代植株不仅对小菜蛾有杀虫活性, 同时对重要的核盘菌 (*Sclerotinia sclerotiorum*) 病害有很好的抗性。通过花粉管通道法将 *cry1Ac* 基因和雪花莲凝集素基因导入棉花, 获得的抗性植株不仅对棉铃虫表现出高活性, 并显著地降低了棉蚜的数量。在药用植物菘蓝 (*Isatis indigotica*) 中导入 *cry1Ac* 基因和克隆自半夏 (*Pinellia ternata*) 的凝集素 *Pta* 基因对小菜蛾和烟蚜有很好的杀虫活性。

蛋白 Cry1Ab 和 Cry1Ac 在水稻三化螟 (*Scirpophaga incertulas*) 和水稻二化螟 (*Chilo suppressalis*) 中有共同的受体结合位点, 而 Cry1A 类蛋白和 Cry1C 或 Cry2A 没有共同的受体。华中农业大学林拥军课题组通过杂交育种获得纯化的含两种 *cry* 基因 (*cry1A+cry1C*、*cry1Ac+cry1C*、*cry1Ab+cry2A*、*cry1Ac+cry2A*、*cry1C+cry2A*) 的水稻品种, 其中 Cry1Ab、Cry1Ac 和 Cry2A 的表达量与亲本的表达量没有明显的差异, 而 Cry1C 蛋白的含量低于只含有单基因的亲本。这些双 *Bt* 基因水稻品种在实验室中对水稻二化螟有很好的杀虫活性; 在田间条件下对水稻二化螟和稻纵卷叶螟表现出很好的防治效果, 但在施药的情况下, 大部分的双 *Bt* 基因水稻品种与亲本的防治效果并没有明显的差异。

在转基因重大专项的支持下, 中国农业大学赖锦盛课题组研制的转 *cry1Ac* 基因抗虫玉米已经通过农业部审批, 在北京等地开展转基因生物生产性试验, 该转基因品系在田间对玉米螟等鳞翅目害虫表现出很强的抗性。中国农业科学院植物保护研究所等单位所获得的多种 *Bt* 新基因正在用于国内转基因抗虫水稻、玉米、大豆、马铃薯、草坪草等研究, 其中与北京奥瑞金种业股份有限公司、中国农业科学院生物技术研究所合作研制的抗玉米螟等害虫转 *cry1Ah* 基因玉米已进入环境释放实验阶段; 与中国农业大学赖锦盛课题组合作的抗蛴螬转 *cry8Ha* 基因玉米已完成中间试验阶段; 与中国农业科学院作物科学研究所王国英课题组及北京大北农科技集团股份有限公司合作开展抗鳞翅目及鞘翅目害虫转基因玉米的研究, 取得较好的进展。华中农业大学孙明课题组获得的抗线虫转基因大豆也进入田间环境释放阶段。

(3) 转抗虫基因对作物农艺性状及生理特性的影响

转抗虫基因玉米在虫害严重的条件下比非转基因玉米的产量高 13% ~ 23%, 如果虫害较轻, 在产量上就没有明显的差异。华中农业大学黄见良课题组在湖北省通过两年的田间实验发现, 非转基因“明恢 63”和转 *cry2A** 基因的“明恢 63”在产量、生物量及生长激素含量方面都没有明显的差异, 转 *cry1C** 基因的“明恢 63”产量低于非转基因“明恢 63”和转 *cry2A** 基因的“明恢 63”, 主要是由于 *cry1C** 基因的插入导致生长激素含量显著降低。

在转基因作物的开发过程中, 不可避免的获得一些含有非预期性状的个体, 可能是外源基因的插入或是组织培养过程造成的。中国科学院遗传与发育生物学研究所朱桢课题组发现, 组培获得的再生植株与野生型的代谢谱存在十分显著的差异, 而转基因株系与野生型的代谢差异却很小, 说明经过多次的回交可尽量减少由于组织培养带来的差异。

(四) 抗虫转基因植物的安全性评价

随着转基因抗虫作物的全球大面积种植,其作为新的害虫防治手段,与传统的农业害虫防治措施如施用化学杀虫剂和种植传统抗性品种等一样,已经成为害虫综合防治一个重要的组成部分。虽然转基因抗虫作物已在全世界多个国家大规模种植,但其安全问题一直是人们关注的焦点。为了防止转基因生物对人类或生态环境带来不利的影响,在任何转基因作物商业化种植之前,都要经过严格的安全评价。安全评价的内容主要包括:①对消费者的健康影响;②对非靶标生物及生物多样性的影响;③外源基因漂移及其生态后果。

1. 对消费者的健康影响

当前关于人类食用含有转基因生物及其产品的潜在负面影响及安全评价的研究成果表明,转基因植物产品(主要是玉米和大豆)与传统非转基因植物产品的安全性和营养性是一样的。我国的转基因植物食用安全评价体系非常严格,内容涵盖营养学、毒理学、致敏性及结合其他资料进行的综合评价。仅毒理学评价就包括对外源基因表达蛋白的毒理学评价,转基因生物及其产品因基因修饰而改变特性所产生的潜在毒性效应评价(全食品毒理学评价包括亚慢性毒性实验,如果必要,还需参照传统毒理学方法进行其他必要的毒理学实验,如生殖发育毒性、慢性毒性/致癌性评价等),外源蛋白与已知有毒性的蛋白和抗营养成分在氨基酸序列相似性上的特征比较,动物经口毒理学实验(急性毒性实验),外源蛋白在加工过程和胃肠消化系统的稳定性,外源蛋白在可食部位的含量,并结合人群的暴露水平和已有的科学数据,进行食用安全性的评估。可以说,我国的转基因植物食用安全评价原则和技术指标要求涵盖了食品法典委员会等组织颁布的转基因作物食用安全评价指南里的所有内容。

2. 对非靶标生物的影响

经过 20 多年的摸索和积累,目前国际上在转基因作物对农田非靶标生物影响方面已经基本形成了相对完善的分阶段评价体系(tier-testing system)。由于农田有益非靶标生物种类繁多,在评价转基因抗虫作物对非靶标节肢动物影响时,不可能对每个物种进行一一评价。因此,评价转基因作物对非靶标生物的影响,首先要在众多的非靶标生物种类中选择合适的、具有代表性的生物种作为指示生物进行评价。一般情况下,选择指示性生物应遵循以下几个标准:①所选择的受试物种应该具有重要生态功能;②具有美学价值和被鉴定为稀有或濒危的生物物种;③评价转基因植物对非靶标生物的影响,主要关注的是转基因植物对非靶标生物的直接影响,也就是转基因植物表达的外源杀虫蛋白对某生物的直接毒性。因此,在农田系统中较高地暴露于转基因作物外源杀虫蛋白的非靶标节肢动物更应该成为评价对象或被选为指示生物;④重要的经济昆虫,如蜜蜂和家蚕。这些昆虫与人类有着密切的关系,也应该被列为重点评价对象;⑤有关杀虫蛋白的杀虫特性和杀

虫谱的相关信息有助于选择合适的指示性生物，如当评价以鞘翅目害虫为靶标的转基因抗虫作物潜在风险时，应该把鞘翅目非靶标昆虫作为重点评价对象。另外，还需要考虑试验操作上的便利性和可行性。一般来说，易于在实验室饲养，在试验中易于处理和观察的非靶标节肢动物应该被优先考虑作为指示性生物。

用于安全评价的非靶标指示性生物选择后，根据非靶标生物的生物特性及其与转基因植物的关系，制订相应的评价方案，一般首先要求在可控的实验室、玻璃室和温室条件下开展小规模生物学实验，国际上称之为低层次（lower-tier）评价。该评价阶段的主要目的是鉴定转基因植物对受试生物是否具有直接的负面影响，主要开展三方面的试验研究：①纯蛋白饲喂试验（Tier-1 试验）。发展合适的蛋白载体如人工饲料，通过蛋白载体把高剂量的纯杀虫蛋白直接饲喂给受试生物，研究杀虫蛋白对非靶标生物潜在的直接毒性。目前，国际上已发展多个 Tier-1 评价体系，用于对不同非靶标生物种的评价。②转基因植物组织直接饲喂试验。对于可以直接以转基因植物组织如花粉为食的非靶标生物，可以通过建立植物组织直接饲喂试验体系，研究转基因植物对受试生物的直接影响。例如李云河等构建的用花粉—饲料—草蛉成虫的试验体系目前已被广泛用于评价转基因抗虫玉米、水稻和棉花对草蛉的潜在影响。③三级营养试验。对于某些昆虫天敌如瓢虫、蜘蛛和寄生蜂等，可以开展三级营养试验，通过天敌猎物把转基因抗虫植物表达的外源杀虫蛋白传递给受试生物，研究猎物或寄主介导的转基因植物对昆虫天敌的间接影响（prey/host-mediated effects）。风险是由危险和实现这种危险的可能性组成的，两者缺一，风险就不能确立。因此，在转基因作物非靶标生物影响评价中，不但需要鉴定转基因植物外源基因表达物及非预期代谢物是否对受试生物具有毒性（toxicity）影响，还需要弄清该生物暴露于这些化合物的途径和程度（exposure）。在该类试验中需要通过生化试验手段（ELISA & Western-blotting）弄清受试生物暴露于杀虫蛋白的实际浓度，并要追踪检测杀虫蛋白在整个食物链中的传递和生物活性状态，还要明确试验中所采用的猎物或寄主是否因为对杀虫蛋白敏感而受到一定的负面影响，这些信息都是为最终获得可靠的风险结论所需要的。

多数研究者认为，在实验室、温室试验中如果能明确转基因作物对受试非靶标生物的影响就没有必要开展下一阶段的田间试验，但也有一些研究者反对这一观点，认为实验室试验和半实验室试验不能代表田间实际环境，前者的研究结论有待在田间调查试验（field test）中进行进一步的验证。在田间试验中，一般通过调查转基因植物和非转基因亲本植物田非靶标生物种群丰度、密度等参数，评价转基因植物对田间节肢动物的种群动态和生态功能的影响。然而，由于田间生物种群动态受到生物或非生物、直接或间接的多种复杂因素的影响，对商业化释放前转基因作物进行环境安全性评价一般也只能进行小规模、有限年份的田间试验，因此，这种条件下难以检测到生物群体结构的微弱变化，即使发现一些负面或正面的影响，也难以将这种影响与可能的因素联系起来对研究结果进行准确的分析和合理的解释。

转基因作物的出现后，相关研究者开展了大量试验工作，积累了大量研究数据。综合

分析发现：目前在全世界大规模种植的转基因 *Bt* 棉花和 *Bt* 玉米及还未商业化种植的转基因 *Bt* 水稻表达的外源 Cry 杀虫蛋白具有较高的专一性，只对靶标鳞翅目害虫或鞘翅目害虫具有毒性影响。一些实验室研究发现表达 Cry1Ab 蛋白的转基因抗虫玉米对某些非靶标传粉昆虫如斑蝶有毒性影响。事实上，这并不出人意料，蝶类同属于鳞翅目昆虫，本来就在 Cry1 类蛋白的靶标范畴。虽然蝶类幼虫对 Cry1 类蛋白有一定的敏感性，但在田间条件下，帝王斑蝶幼虫暴露于玉米花粉的程度非常低，且 *Bt* 玉米花粉对斑蝶幼虫的毒性较低，*Bt* 玉米的种植对帝王斑蝶种群数量的影响微乎其微。

虽然转 *Bt* 作物表达的 Cry 杀虫蛋白对农田非靶标节肢动物没有直接的毒性影响，但在转基因抗虫作物的长期种植情况下，可能会引起农事操作的改变进而间接影响农田生物群落的结构和群体动态。中国农业科学院植物保护研究所吴孔明研究员带领的研究团队通过对 *Bt* 棉田中重要节肢动物的种群动态的长期监测发现：由于 *Bt* 棉对棉铃虫的有效控制使棉田化学农药施用次数明显下降，而导致了原本在棉田发生不严重的盲蝽象的暴发成为棉田主要害虫；另一方面，农药使用量减少，使得某些捕食性天敌节如瓢虫、草蛉和蜘蛛的种群数量显著上升，棉花伏蚜的自然种群数量由于被捕食而显著降低。同时，这些天敌还从 *Bt* 棉田进入邻近的玉米、花生和大豆等田地，对多种其他蚜虫发挥了自然控制作用。这些研究数据分别于 2010 年、2012 年发表在具有重要国际影响力的 *Science* 和 *Nature* 期刊上，受到国内外相关科学家及一般民众的广泛关注。

3. 基因漂移及其生态后果

按照进化生物学的定义，基因漂移是指遗传物质（一个或多个基因）从某一生物群体转移到另一群体的过程。依照转移介质的不同，可分为花粉介导、种子介导和无性繁殖器官介导的基因漂移。国际上普遍关注的转基因作物的基因漂移是以花粉为介导的外源基因从转基因作物转移到非转基因作物、野生近缘种或杂草群体的现象。

根据花粉介导的基因漂移发生原理和条件，在总结归纳前人研究的基础上，李云河等提出了评价转基因作物外源基因漂移的分阶段程序和方法：①弄清转基因作物与其近缘种是否可以异花授粉、地理分布上是否重叠和开花期是否能相遇。如果发现转基因作物与其近缘种间不能满足以上条件，可以直接得出转基因作物与靶物种间不能发生基因漂移的结论。如果能满足以上条件，则说明转基因作物与其野生近缘种间有可能发生基因漂移，需要开展下一步评估工作。②研究转基因作物与其野生近缘种间的杂交亲和性。只有转基因作物与野生近缘种间有杂交亲和性，二者才能发生杂交。亲和性越高，发生杂交的可能性就越大。如果试验检测发现转基因作物与野生近缘种间没有杂交亲和性，评价工作可以到此终止，否则进入下一步评估。③评估杂交一代的适合度（fitness）。只有携带外源基因的杂交一代有一定适合度，能进一步繁殖后代，并在与野生父（母）本不断回交的过程中完成外源基因的渗入，才能使转入的外源基因在野生近缘种群体中定居和稳定遗传，外源基因成功漂移至野生近缘种。至此，为了评估基因漂移所带来风险大小，还需要进一步开展评估工作。④估算基因漂移的发生频率。最后，根据转基因漂移率，综合分析

各方面影响因素，制定相应的风险管理措施，使转基因作物的风险最低化、利益最大化。

由于基因漂移的过程受多方面因素的影响，如风力、空气温湿度、传粉昆虫密度、转基因作物与近缘种的杂交亲和性等，因此精确计算基因漂移频率非常困难。在研究初期，研究者主要关注单因子对基因漂移率的影响。随着研究的深入，近几年研究者试图建立不同的研究模型，分析多种不同影响因子对基因漂移率的综合影响。譬如，我国卢宝荣教授等用重力玻片法检测了普通野生稻（*Oryza rufipogon*）和栽培稻（*O. sativa*）的花粉散布范围及规律，结合基因流、杂交亲和性和异交率等数据，综合分析影响基因漂移的关键因子，建立了转基因水稻外源基因向野生稻漂移率的估算模型；彭于发研究员带领的研究团队对我国重要稻区野生稻和杂草稻的分布、花期及花粉扩散规律等影响转基因水稻基因漂移的关键因子进行了研究，以高斯烟雨模型（gaussian plume model）为基础，建立了水稻基因飘流模型，并采用我国南方稻区 17 个省份 1029 个气象台站连续 30 年的开花期气象数据作为模型的输入值，并根据农作物种植结构区划，计算了我国南方稻区各县向常规稻、不育系基因飘流的最大阈值距离，绘制了水稻基因飘流距离图谱，为我国转基因水稻的种植和管理提供科学依据和参考。

大量的研究表明：转基因植物与相应非转基因亲本植物之间及转基因植物与其近缘野生种之间发生基因漂移是自然现象，漂移距离和频率与植物种类、与基因接受植物的亲缘关系及自然环境和物候等因素相关。研究转基因植物的基因漂移风险，不仅要明确转基因植物外源基因漂移的距离和频率，更重要的是弄清基因漂移发生的生态后果，并制定相应的监管措施。目前，国际上普遍认同的有效阻止或降低转基因植物外源基因漂移及相关生态风险的措施是：①在转基因植物和潜在的基因接受植物间设立隔离带；②调整作物种植时间，使转基因植物与潜在的基因接受植物的花期错开等。根据不同作物基因漂移的距离及频率，我国的转基因生物安全管理部门也制定了对一些重要转基因作物需要采取的隔离措施和距离，如转基因作物和相应非转基因作物田的隔离距离要求水稻 100 米、玉米 300 米和大豆 100 米等。

三、本学科国内外研究进展比较

多年来，在国家自然科学基金，科技部“973”、“863”计划和科技支撑计划，转基因专项以及农业部公益性行业（农业）科研专项等项目的资助下，我国基本形成了一支以中青年为主的植物抗病虫功能基因组学研究队伍。在过去 10 年间，这些研究队伍做出了具有较高国际显示度的、较为系统的研究工作，在基础研究方面与国际上的差距正在缩小，某些领域已经成为国际研究的前沿。在抗虫基因工程、病原细菌及卵菌效应蛋白调控植物生理代谢、植物基础防卫反应和系统获得性抗性的调控机制、水稻抗病虫基因的克隆与功能解析、植物激素与抗病性的相互关系、广谱持久抗性的分子机制、表观遗传机制在植物抗病过程中的作用机制、病原微生物及昆虫组学研究、病毒沉默抑制子的功能分

析、人工合成 miRNA 抗病毒新机制等多个研究领域做出了一流研究成果。近年来,我国在 *Science*, *Nature*, *Cell Host & Microbe*, *PNAS*, *The Plant Cell* 等高水平杂志上发表具有非常影响力的论文,反映出国内的研究队伍已经逐渐成熟,有能力对学科关键问题攻关并取得突破。

与欧美等发达国家相比,我国在植物抗病虫功能基因组学的整体水平仍存在较大差距。其主要表现为:一是缺乏在国际舞台上具有重大影响的领军人才,能够引领植物抗病虫功能基因组学的专家缺乏;二是研究工作的原创性不强,许多研究工作还处于跟踪效仿国际发展前沿领域、追踪别人研究热点的阶段;三是没有真正将新技术与我国农业生产和学科发展需要有机地结合起来,使得研究工作缺乏我们自己的特色;四是主攻研究方向不够稳定持续,不少研究人员的注意力常常随资助项目发生变化,使得研究领域宽泛,难以形成长期的科研积累和沉淀,因而也难以取得具有特色的创新性成果。

四、本学科发展趋势与对策

选择我国重要农业害虫及其重要天敌,系统开展其基因组与功能基因解析研究,为深入研究害虫成灾与天敌控害作用的机制揭示以及害虫控制新理论与新方法的创新奠定基础信息;综合运用基因组学、转录组学、蛋白质组学、生物信息学等现代生命科学理论,以及包括基因工程技术、转基因技术、RNA 干扰技术等在内的现代生物技术,系统深入研究重要农业害虫及其天敌的遗传、化学行为、免疫防御、生长发育、生殖、抗逆性(抗农药、抗极端气温等)等生命活动本质的机制,为害虫成灾机制的揭示以及害虫控制与天敌利用提供理论依据。在研究角度上,要从原来单一基因功能分析,转向多基因或基因家族的功能分析;另一方面更要关注基因转录与表达的调控研究。可喜的是,我国在家蚕全基因组测序后,由福建农林大学主持的小菜蛾全基因组测序项目组在 *Nature Genetics* 上发表论文,在全基因组测序的基础上,分析了小菜蛾的进化地位、感觉相关基因及解毒作用相关基因,揭示了逆转录转座子和复杂的新陈代谢系统在小菜蛾抗药性发展过程中起关键性作用。小菜蛾基因组是全世界首个公开发布的鳞翅目昆虫原始类型基因组,也是第一个世界性鳞翅目害虫的基因组。中国科学院动物研究所康乐院士研究团队利用近 5 年的时间完成了我国重要迁飞害虫东亚飞蝗全基因组序列测定,虽然结果还没有发表,但是在此基础上,该研究团队开展了飞蝗型变的分子机制研究。近年来发表了一系列高水平研究论文,首先证明了嗅觉感受蛋白基因和多巴胺代谢途径在飞蝗转变的启动和维持过程中起关键作用;其次,该研究组利用蝗虫基因组数据建立了基于 k-mer 的 piRNA 预测方法。东亚飞蝗基因组全序列测定必将对东亚飞蝗的防治工作起到重大的推动作用。中国科学院上海生命科学研究院植物生理生态研究所对棉花重要害虫棉蚜全基因组序列测定已经完成,后续的工作正在研究中。除此之外,水稻重要害虫——褐飞虱(浙江大学)、棉花重要害虫——绿盲蝽(中国农业科学院植物保护研究所)和蔬菜重要害虫——烟粉虱等全基因组

测序工作也正在进行中。未来几年是中国科学家引领国际农业害虫功能基因组学研究的大好时机，在基因组全序列测定的基础上，有望开发出一批具有自我知识产权的用于害虫防治的新基因、新方法和新策略。

我国在稻瘟病菌、白叶枯病菌、小麦赤霉病等重要病原物的基因组测序及其致病基因功能方面已有良好的研究基础，也已经完成麦类锈病、作物枯萎病等重要病害病原物的基因组测序工作。在植物病原生物比较基因组方面，应重点开展以下研究：选择目前国内外尚未进行基因组测序的作物重要病害病原物开展测序研究，解析其基因组序列的结构特征，在国际上抢占有利地位；在基因组测序基础上，利用全基因组插入突变或基因敲除等技术手段，通过致病突变体筛选等途径系统分离鉴定稻瘟病、赤霉病等病原物的关键致病基因和致病力基因，深入研究其作用机理，构建致病基因和致病力基因的作用网络，进一步巩固和提升我国在重要病原物致病基因及致病机制研究方面的已有优势；选择水稻稻瘟病和白叶枯病、麦类锈病和赤霉病、作物枯萎病、白粉病等病原物，利用生物信息学、比较基因组学等技术，通过比较不同毒力、不同来源的多个或系列菌株基因组结构特征与变异，研究这些重要病原物的致病性分化与变异的规律与分子机制，包括病原物专化型、生理小种、致病型的形成、致病性变异途径与规律、病菌群体结构与毒力组成等；利用比较基因组学、代谢组学技术构建重要病原物的代谢网络，从系统生物学的角度筛选鉴定病原物中致病性必须基因或代谢途径，有选择地研究重要病原物致病蛋白的结构及其与致病性的关系，探索病原物中致病必须基因或代谢途径作为高效杀菌剂设计靶标的潜力。

我国在主要农作物抗病基因资源的挖掘、鉴定与利用方面已经具备很好的研究基础，同时我国具有丰富的生物种类和种质资源，在抗病资源挖掘与抗病性合理利用方面，应重点开展以下研究：利用分子手段系统挖掘、鉴定、评价主要农作物及其近缘物种资源中针对重要病害的高效抗病基因及其利用价值，特别是广泛挖掘针对目前缺乏高水平抗性品种的病害（如作物纹枯病、麦类赤霉病等）的优异种质资源和材料，开展分子定位与克隆鉴定；分离鉴定主要农作物中主效抗病基因，重点是广谱和持久抗病基因和抗病 QTLs，利用组学技术研究作物抗病性的分子机制及其抗病信号途径，发现作物抗病性的全局性调控关键基因，研究抗病基因的作用机制与基因网络及其与作物生长发育、产量等农艺性状的关系；探索高效利用具有广谱和持久抗性的优良基因改良水稻抗性的途径，开展新型抗病基因的分子设计，通过抗病基因的聚合转化/转育、分子标记辅助育种等手段培育多抗作物新品种和抗谱上互补性较强的多系品种，解决生产上抗病品种抗病性快速丧失的问题；深入研究主要病原物毒性变异的机制及其致病型的时空分布规律，探索抗病品种多样性和合理布局控制作物重大病害的新理论和新途径，研究制定针对水稻稻瘟病、小麦条锈病等主要粮食作物重大病害的抗性品种布局方案；开展抗病基因的转基因研究，培育高水平、宽抗谱的抗病转基因主要农作物新品种，进行安全性评价，为抗病转基因作物新品种的推广和应用和产业化生产提供技术储备。

参考文献

- [1] Yang D L, Yao J, Mei C S, et al. Plant hormone jasmonate prioritizes defense over growth by interfering with gibberellin signaling cascade [J] . Proc Natl Acad Sci USA, 2012, 109: E1192–1200.
- [2] Peng X, Hu Y, Tang X, et al. Constitutive expression of rice WRKY30 gene increases the endogenous jasmonic acid accumulation, PR gene expression and resistance to fungal pathogens in rice [J] . Planta, 2012, 236: 1485–1498.
- [3] Fu J, Liu H, Li Y, et al. Manipulating broad-spectrum disease resistance by suppressing pathogen-induced auxin accumulation in rice [J] . Plant Physiol, 2011, 155: 589–602.
- [4] Li W, Zhong S, Li G, et al. Rice RING protein OsBB1 with E3 ligase activity confers broad-spectrum resistance against *Magnaporthe oryzae* by modifying the cell wall defence [J] . Cell Res, 2011, 21: 835–848.
- [5] Park C H, Chen S, Shirsekar G, et al. The *Magnaporthe oryzae* effector AvrPiz-t targets the RING E3 ubiquitin ligase APIP6 to suppress pathogen-associated molecular pattern-triggered immunity in rice [J] . Plant Cell, 2012, 24: 4748–4762.
- [6] Zhang Z, Wu Y, Gao M, et al. Disruption of PAMP-induced MAP kinase cascade by a *Pseudomonas syringae* effector activates plant immunity mediated by the NB-LRR protein SUMM2 [J] . Cell Host Microbe, 2012, 11: 253–263.
- [7] Kong Q, Qu N, Gao M, et al. The MEKK1-MKK1/MKK2-MPK4 kinase cascade negatively regulates immunity mediated by a mitogen-activated protein kinase kinase kinase in *Arabidopsis* [J] . Plant Cell, 2012, 24: 2225–2236.
- [8] Xu S, Zhang Z, Jing B, et al. Transportin-SR is required for proper splicing of resistance genes and plant immunity [J] . PLoS Genet, 2011, 7: e1002159.
- [9] Liu T, Liu Z, Song C, et al. Chitin-induced dimerization activates a plant immune receptor [J] . Science, 2012, 336: 1160–1164.
- [10] Ding B, Bellizzi M del R, Ning Y, et al. HDT701, a histone H4 deacetylase, negatively regulates plant innate immunity by modulating histone H4 acetylation of defense-related genes in rice [J] . Plant Cell, 2012, 24: 3783–3794.
- [11] Deng H, Liu H, Li X, et al. A CCCH-type zinc finger nucleic acid-binding protein quantitatively confers resistance against rice bacterial blight disease [J] . Plant Physiol, 2012, 158: 876–889.
- [12] Zhai C, Lin F, Dong Z, et al. The isolation and characterization of *Pik*, a rice blast resistance gene which emerged after rice domestication [J] . New Phytol, 2011, 189: 321–334.
- [13] Zhu X, Chen S, Yang J, et al. The identification of *Pi50* (*t*), a new member of the rice blast resistance *Pi2/Pi9* multigene family [J] . Theor Appl Genet, 2012, 124: 1295–1304.
- [14] Yuan B, Zhai C, Wang W, et al. The *Pik-p* resistance to *Magnaporthe oryzae* in rice is mediated by a pair of closely linked CC-NBS-LRR genes [J] . Theor Appl Genet, 2011, 122: 1017–1028.
- [15] Lv Q, Xu X, Shang J, et al. Functional analysis of *Pid3-A4*, an ortholog of rice blast resistance gene *Pid3* revealed by allele mining in common wild rice [J] . Phytopathology, 2013.
- [16] Xu Q F, Cheng W S, Li S S, et al. Identification of genes required for Cf-dependent hypersensitive cell death by combined proteomic and RNA interfering analyses [J] . J Exp Bot, 2012, 63: 2421–2435.
- [17] Li W, Xu Y P, Zhang Z X, et al. Identification of genes required for nonhost resistance to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* reveals novel signaling components [J] . PLoS ONE, 2012, 7: e42796.
- [18] Ma Y, Zhang Y, Chen R-R, et al. Combined effects of three crystalline toxins from *Bacillus thuringiensis* with seven proteinase inhibitors on beet armyworm, *Spodoptera exigua* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) [J] . Pestic

- Biochem Physiol, 2013, 105: 169–176.
- [19] Sui Shunzhao, Zhu Qinlong, Ma Jing, Li mingyang. Cloning of lectin gene from *Chimonanthus praecox* and its resistance to peach aphids (*Myzus persicae*) and limax (*Philomycus bilineatus*) [J]. China Agriculture Science, 2011, 44: 358–368.
- [20] Zhou C, Qian Z, Ji Q, et al. Expression of the zga agglutinin gene in tobacco can enhance its anti-pest ability for peach-potato aphid (*Myzus persicae*) [J]. Acta Physiol Plant, 2011, 33: 2003–2010.
- [21] Kai G, Ji Q, Lu Y, et al. Expression of *Monstera deliciosa* agglutinin gene (mda) in tobacco confers resistance to peach-potato aphids. Integrative biology: quantitative biosciences from nano to macro, 2012, 4: 937–944.
- [22] Jin S, Zhang X and Daniell H. *Pinellia ternata* agglutinin expression in chloroplasts confers broad spectrum resistance against aphid, whitefly, Lepidopteran insects, bacterial and viral pathogens [J]. Plant Biotechnol J, 2012, 10: 313–327.
- [23] Du B, Zhang W, Liu B, et al. Identification and characterization of *Bph14*, a gene conferring resistance to brown planthopper in rice. Proc Natl Acad Sci USA, 2009, 106: 22163–22168.
- [24] King G F and Hardy M C. Spider-venom peptides: structure, pharmacology, and potential for control of insect pests [J]. Annu Rev Entomol, 2013, 58: 475–496.
- [25] Asgari S and Rivers D B. Venom proteins from endoparasitoid wasps and their role in host-parasite interactions [J]. Annu Rev Entomol, 2011, 56: 313–335.
- [26] Fang Q, Wang L, Zhu Y, et al. *Pteromalus puparum* venom impairs host cellular immune responses by decreasing expression of its scavenger receptor gene [J]. Insect Biochem Mol Biol, 2011, 41: 852–862.
- [27] Fang Q, Wang F, Gatehouse J A, et al. Venom of parasitoid, *Pteromalus puparum*, suppresses host, *Pieris rapae*, immune promotion by decreasing host C-type lectin gene expression [J]. PLoS ONE, 2011, 6: e26888.
- [28] Fang Q, Wang L, Zhu J, et al. Expression of immune-response genes in lepidopteran host is suppressed by venom from an endoparasitoid, *Pteromalus puparum* [J]. BMC Genomics, 2010, 11: 484.
- [29] Zhu J Y, Fang Q, Ye G Y, et al. Proteome changes in the plasma of *Pieris rapae* parasitized by the endoparasitoid wasp *Pteromalus puparum* [J]. J Zhejiang Univ Sci B, 2011, 12: 93–102.
- [30] Zhu J-Y, Ye G-Y and Hu C. Venom of the Endoparasitoid Wasp *Pteromalus puparum*: An Overview. Psyche, 2011.
- [31] Zhu J Y, Fang Q, Wang L, et al. Proteomic analysis of the venom from the endoparasitoid wasp *Pteromalus puparum* (Hymenoptera: Pteromalidae) [J]. Arch Insect Biochem Physiol, 2010, 75: 28–44.
- [32] Zhu J Y, Yin Ye G, Fang Q, et al. Alkaline phosphatase from venom of the endoparasitoid wasp, *Pteromalus puparum* [J]. J Insect Sci, 2010, 10: 14.
- [33] Shi M, Zhu N, Yi Y, et al. Four serine protease cDNAs from the midgut of *Plutella xylostella* and their proteinase activity are influenced by the endoparasitoid, *Cotesia vestalis* [J]. Arch Insect Biochem Physiol, 2013, 83: 101–114.
- [34] Chen Y F, Gao F, Ye X Q, et al. Deep sequencing of *Cotesia vestalis* bracovirus reveals the complexity of a polydnavirus genome [J]. Virology, 2011, 414: 42–50.
- [35] Feng C, Huang J, Song Q, et al. Parasitization by *Macrocentrus cingulum* (Hymenoptera: Braconidae) influences expression of prophenoloxidase in Asian corn borer *Ostrinia furnacalis* [J]. Arch Insect Biochem, 2011, 77: 99–117.
- [36] Li H, Shu C, He X, et al. Detection and identification of vegetative insecticidal proteins *vip3* genes of *Bacillus thuringiensis* strains using polymerase chain reaction-high resolution melt analysis [J]. Curr Microbiol, 2012, 64: 463–468.
- [37] Shu C, Su H, Zhang J, et al. Characterization of cry9Da4, cry9Eb2, and cry9Ee1 genes from *Bacillus thuringiensis* strain T03B001. Appl Microbiol Biotechnol, 2013, DOI: 10.1007/s00253-013-4781-5.
- [38] 束长龙, 宋福平, 张杰, 等. 苏云金芽胞杆菌 *cry9E* 基因, 蛋白及其应用 [P]. 国家发明专利, 2011, 专利号: ZL200910241555.4.

- [39] Xue J, Zhou Z, Song F, et al. Identification of the minimal active fragment of the Cry1Ah toxin. *Biotechnol Lett*, 2011, 33: 531–537.
- [40] 束长龙, 苏慧琴, 宋福平, 等. 苏云金芽胞杆菌 *cry9E* 基因、蛋白及其应用 [P]. 国家发明专利, 2011 年, ZL200910241555.4.
- [41] 宋福平, 黄大昉, 张杰, 等. 一种人工合成的对鞘翅目害虫高毒力的 Bt *cry8* 基因序列 [P]. 国家发明专利, 2007, ZL200410009807.8.
- [42] 宋福平, 郎志宏, 张杰, 等. 对鞘翅目害虫高效的苏云金芽胞杆菌菌株和基因 [P]. 国家发明专利, 2007, ZL200410009808.2.
- [43] Guo S, Zhang C, Lin X, et al. Purification of an active fragment of Cry1Ie toxin from *Bacillus thuringiensis*. *Protein Expr Purif*, 2011, 78: 204–208.
- [44] Shu C, Zhang J, Chen G, et al. Use of a pooled clone method to isolate a novel *Bacillus thuringiensis* Cry2A toxin with activity against *Ostrinia furnacalis* [J]. *J Invertebr Pathol*, 2013, 114: 31–33.
- [45] 束长龙, 宋福平, 张杰, 等. 对鞘翅目害虫高效的苏云金芽胞杆菌 *cry8H* 基因、蛋白及其应用 [P]. 国家发明专利, 2010, ZL200710120020.2.
- [46] 束长龙, 宋福平, 张杰, 等. 对鞘翅目害虫高效的苏云金芽胞杆菌 *cry8G* 基因、蛋白及其应用 [P]. 国家发明专利, 2010, ZL200710118289.7.
- [47] 宋福平, 张杰, 冯书亮, 等. 对鞘翅目高效的 *cry8F* 基因、其表达蛋白及其应用 [P]. 国家发明专利, 2009, ZL200710090542.2.
- [48] 闫贵欣, 束长龙, 张杰, 等. 对鞘翅目害虫高效的苏云金芽胞杆菌 *cry8I* 基因、蛋白及其应用 [P]. 国家发明专利, 2010, ZL 200810226214.5.
- [49] Song F, Peng Q, Brillard J, et al. A multicomponent sugar phosphate sensor system specifically induced in *Bacillus cereus* during infection of the insect gut [J]. *Faseb J*, 2012, 26: 3336–3350.
- [50] Du L, Qiu L, Peng Q, et al. Identification of the promoter in the intergenic region between *orf1* and *cry8Ea1* controlled by Sigma H factor [J]. *Appl Environ Microb*, 2012, 78: 4164–4168.
- [51] Yang H, Wang P, Peng Q, et al. The *cry1Ac* gene is weakly transcribed in non-sporulating *Bacillus thuringiensis* cells [J]. *Appl Environ Microb*, 2012, 78: 6466–6474.
- [52] Yang J, Peng Q, Chen Z, et al. Transcriptional regulation and characteristics of a novel N-acetylmuramoyl-l-alanine amidase gene involved in *Bacillus thuringiensis* mother cell lysis [J]. *J Bacteriol*, 2013, 195: 2887–2897.
- [53] Liu G, Song L, Shu C, et al. Complete genome sequence of *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* strain HD73. *Genome Announcements*, 2013, 1: e0008013.
- [54] Hu Q, Niu Y, Zhang K, et al. Virus-derived transgenes expressing hairpin RNA give immunity to Tobacco mosaic virus and cucumber mosaic virus [J]. *Virology*, 2011, 8: 41.
- [55] Ai T, Zhang L, Gao Z, et al. Highly efficient virus resistance mediated by artificial microRNAs that target the suppressor of PVX and PVY in plants [J]. *Plant Biol (Stuttg)*, 2011, 13: 304–316.
- [56] Duan C G, Wang C H, Fang R X, et al. Artificial MicroRNAs highly accessible to targets confer efficient virus resistance in plants [J]. *J Virol*, 2008, 82: 11084–11095.
- [57] Zhu J Q, Liu S, Ma Y, et al. Improvement of pest resistance in transgenic tobacco plants expressing dsRNA of an insect-associated gene *Ecr* [J]. *PLoS One*, 2012, 7: e38572.
- [58] Liu C W, Lin C C, Yiu J C, et al. Expression of a *Bacillus thuringiensis* toxin (*cry1Ab*) gene in cabbage (*Brassica oleracea* L. var. *capitata* L.) chloroplasts confers high insecticidal efficacy against *Plutella xylostella* [J]. *Theor Appl Genet*, 2008, 117: 75–88.
- [59] Wu J, Luo X, Zhang X, et al. Development of insect-resistant transgenic cotton with chimeric TVip3A* accumulating in chloroplasts [J]. *Transgenic Res*, 2011, 20: 963–973.
- [60] Sun H, Lang Z, Zhu L, et al. Acquiring transgenic tobacco plants with insect resistance and glyphosate tolerance by fusion gene transformation [J]. *Plant Cell Rep*, 2012, 31: 1877–1887.

- [61] Jiang F, Wu B, Zhang C, et al. Special origin of stem sequence influence the resistance of hairpin expressing plants against PVY [J] . Biol Plant, 2011, 55: 528-535.
- [62] Li Z, Zhou M, Zhang Z, et al. Expression of a radish defensin in transgenic wheat confers increased resistance to *Fusarium graminearum* and *Rhizoctonia cerealis* [J] . Funct Integr Genomics, 2011, 11: 63-70.
- [63] Jiang M, He C-m, Miao L-x, et al. Overexpression of a broccoli defensin gene *BoDFN* enhances downy mildew resistance [J] . Journal of Integrative Agriculture, 2012, 11: 1137-1144.
- [64] Lai Y, Dang F, Lin J, et al. Overexpression of a Chinese cabbage BrERF11 transcription factor enhances disease resistance to *Ralstonia solanacearum* in tobacco [J] . Plant Physiol Biochem, 2013, 62: 70-78.
- [65] Pan X-Q, Fu D-Q, Zhu B-Z, et al. Overexpression of the ethylene response factor SlERF1 gene enhances resistance of tomato fruit to *Rhizopus nigricans* [J] . Postharvest Biology and Technology, 2013, 75: 28-36.
- [66] Jiang M, Miao L-x and He C. Overexpression of an oil radish superoxide dismutase gene in broccoli confers resistance to downy mildew [J] . Plant Mol Biol Rep, 2012, 30: 966-972.
- [67] Zhang X, Zhang J, Zhu K. Advances and prospects of RNAi technologies in insect pest management. In: Recent Advances in Entomological Research: Springer; 2012: 347-358.
- [68] Liu H, Guo X, Naeem M, et al. Transgenic *Brassica napus* L. lines carrying a two gene construct demonstrate enhanced resistance against *Plutella xylostella* and *Sclerotinia sclerotiorum* [J] . Plant Cell Tiss Organ Cult, 2011, 106: 143-151.
- [69] Liu Z, Zhu Z, Zhang T. Development of transgenic CryIA (c) + GNA cotton plants via pollen tube pathway method confers resistance to *Helicoverpa armigera* and *Aphis gossypii* Glover [J] . Methods Mol Biol, 2013, 958: 199-210.
- [70] Xiao Y, Wang K, Ding R, et al. Transgenic tetraploid *Isatis indigotica* expressing Bt Cry1Ac and *Pinellia ternata* agglutinin showed enhanced resistance to moths and aphids [J] . Molecular Biology Reports, 2012, 39: 485-491.
- [71] Yang Z, Chen H, Tang W, et al. Development and characterisation of transgenic rice expressing two *Bacillus thuringiensis* genes [J] . Pest Management Science, 2011, 67: 414-422.
- [72] Wang F, Ye C, Zhu L, et al. Yield differences between Bt transgenic rice lines and their non-Bt counterparts, and its possible mechanism [J] . Field Crop Res, 2012, 126: 8-15.
- [73] Zhou J, Zhang L, Li X, et al. Metabolic profiling of transgenic rice progeny using gas chromatography-mass spectrometry: the effects of gene insertion, tissue culture and breeding [J] . Metabolomics, 2012, 8: 529-539.
- [74] Guo W, Wang X, Ma Z, et al. *CSP* and *Takeout* Genes modulate the switch between attraction and repulsion during behavioral phase change in the migratory locust [J] . PLoS Genet, 2011, 7: e1001291.
- [75] Ma Z, Guo W, Guo X, et al. Modulation of behavioral phase changes of the migratory locust by the catecholamine metabolic pathway [J] . Proc Natl Acad Sci USA, 2011, 108: 3882-3887.
- [76] Zhang Y, Wang X and Kang L. A k-mer scheme to predict piRNAs and characterize locust piRNAs [J] . Bioinformatics, 2011, 27: 771-776.
- [77] Yu H L, Li Y H and Wu K M. Risk assessment and ecological effects of transgenic *Bacillus thuringiensis* crops on non-target organisms [J] . J Integr Plant Biol, 2011, 53: 520-538.
- [78] 王园园, 李云河, 陈秀萍, 等. 抗虫转基因植物对非靶标节肢动物生态影响的研究进展 [J] . 生物安全学报, 2011, 20: 100-107.
- [79] Li Y, Romeis J. Bt maize expressing Cry3Bb1 does not harm the spider mite, *Tetranychus urticae*, or its ladybird beetle predator, *Stethorus punctillum* [J] . Biological Control, 2010, 53: 337-344.
- [80] Li Y, Meissle M and Romeis J. Use of maize pollen by adult *Chrysoperla carnea* (Neuroptera: Chrysopidae) and fate of Cry proteins in Bt-transgenic varieties [J] . J of Insec Physio, 2010, 56: 157-164.
- [81] Li Y, Romeis J, Wang P, et al. A comprehensive assessment of the effects of Bt cotton on *Coleomegilla maculata* demonstrates no detrimental effects by Cry1Ac and Cry2Ab [J] . PLoS One, 2011, 6: e22185.
- [82] Li Y, Ostrem J, Romeis J, et al. Development of a tier-I assay for assessing the toxicity of insecticidal substances

- against *Coleomegilla maculata* [J]. *Environ Entomol*, 2011, 40: 496–502.
- [83] Tian J C, Wang X P, Long L P, et al. Bt crops producing Cry1Ac, Cry2Ab and Cry1F do not harm the green lacewing, *Chrysoperla rufilabris* [J]. *PLoS One*, 2013, 8: e60125.
- [84] Wang Y, Li Y, Romeis J, et al. Consumption of Bt rice pollen expressing Cry2Aa does not cause adverse effects on adult *Chrysoperla sinica* Tjeder (Neuroptera: Chrysopidae) [J]. *Biological Control*, 2012, 61: 246–251.
- [85] 李云河, 彭于发, 李香菊, 吴孔明. 转基因耐除草剂作物的环境风险及管理 [J]. *植物学报*, 2012, 47: 197–208.
- [86] Rong J, Song Z, de Jong T J, et al. Modelling pollen-mediated gene flow in rice: risk assessment and management of transgene escape [J]. *Plant Biotechnol J*, 2010, 8: 452–464.
- [87] Yibo D, Xinwu P, Qianhua Y, et al. Ecological, morphological and genetic diversity in *Oryza rufipogon* Griff. (Poaceae) from Hainan Island, China [J]. *Genet Resour Crop Ev*, 2010, 57: 915–926.

撰稿人: 周雪平 张 杰 黄昌军 叶恭银 王桂荣 李云河 刘文德 耿丽丽

昆虫化学生态学学科发展研究

一、引言

昆虫化学生态学 (Insect Chemical Ecology) 是化学生态学的一个重要分支学科, 主要研究昆虫之间、昆虫与植物或其他生物之间的化学相互作用规律, 是植物保护的理论基础之一, 对于害虫预测预报和防治、天敌保护、作物抗虫机理及其利用、生物农药开发等具有重要的指导作用。同时, 昆虫化学生态学所揭示的昆虫化学感受的分子和神经生物学机理、昆虫取食诱导的植物防御反应和信号传导机理等为生命科学领域的重大问题如脑认知、信号传导、免疫反应等提供实验例证和探索实验方法, 而昆虫化学生态学所研究的信息化学物质在生态系统中的作用为生态环境和生物多样性保护提供理论基础。昆虫化学生态学涉及化学分析、电生理学、行为学、神经生物学等理论和技术, 特别是近一二十年来随着分子生物学、生物化学、生理学、遗传学等学科理论和技术的不断渗入, 该学科已经成为名副其实的多学科的交叉学科, 可以催生许多学科增长点。

近年来国际上化学生态学的发展主要表现在, 由于分子生物学技术的渗入, 使得化学生态学研究进入了分子时代, 分子生物学和传统的化学生态学互相结合, 使化学生态学机理方面的研究更加深入, 也使得学科之间的界限变得模糊。特别是昆虫化学感受的相关基因及蛋白的鉴定、生物间化学信号物质及其传导机理、化学感受机理、信息化学物质在害虫防治和天敌保护中的应用、信息物质合成酶基因的遗传操作及在作物中的过量表达, 标志着昆虫化学生态学进入理论研究和实际应用并举的新时期。

我国近年来关于昆虫化学生态学的研究蓬勃发展, 全国各个高校和研究单位的科研团队不断壮大, 国家各级科学基金尤其是国家自然科学基金的支持力度不断加大, 国际性的和国内的学术交流更加频繁, 越来越多的研究成果应用到生产中, 尤其是在昆虫嗅觉和味觉化学感受机理、昆虫信息素的鉴定和利用、植物信息化学物质对昆虫行为的调控和筛选利用、植物信息化学物质的生物合成途径调控、植物与昆虫互作化合物的开发利用等方面的理论和应用研究等取得一系列令人瞩目的成就。

二、昆虫化学生态学近年发展现状

我国科学工作者在昆虫化学生态学领域做了大量工作，得到了社会、政府和国际同行的认可。近年来在昆虫化学生态学学术交流、人才培养和承担项目方面所做的工作主要有：2009年举办的“全国首届化学生态学技术培训和研讨会”，为我国化学生态学培养了技术力量；两年一次的全国化学生态学研讨会、2011年在北京举办的“第六届亚太地区化学生态学大会”及在广州举办的“第六届国际化感大会”，展示了我国科技工作者在昆虫化学生态学的主要进展及不断壮大的研究团队；在多个与农林害虫监测与防控的行业专项及支撑计划项目中，害虫及天敌昆虫化学生态学的研究及技术应用成为部分或主要研究内容，例如，2009年立项的国家公益性行业科研专项“入侵植物综合防控技术研究及示范推广”、“入侵生物苹果蠹蛾监测与防控技术研究”，2011年国家行业科研专项“盲蝽象可持续治理技术的研究与示范”、“新种植模式下病虫害生物防治主打型新技术研究”，2011年科技部国际科技合作计划“中比药用植物资源利用与作物病虫害预警及防控新技术”，2012年立项的国家科技支撑计划“棉花重大病虫害防控技术与集成示范”、“农林生物灾害防控关键技术研究及示范”、“水稻病虫害防控技术与集成示范”、2013年启动的国家“天敌昆虫控制害虫机制及可持续利用研究”等；2012年启动的国家公益性行业（农业）科研专项“昆虫性信息素合成和缓释技术”，正在推动昆虫性信息素及相关成果的转化利用；科技部中英国际合作项目“高表达萜烯类防御性化合物抗虫水稻的研究”为昆虫化学生态研究专门立项。陆续出版相关专著，如《化学生态学前沿》（孔垂华、娄永根主编，2010年）和《化学生态学（第二版）》（闫凤鸣主编，2011年）是我国昆虫化学生态学理论和应用的总结。

在研究内容上，近年来我国昆虫化学生态学取得的成就主要表现在：化学感受机理方面，对一些昆虫的化学感器形态及超微结构进行了观察，鉴定了多种昆虫的化学感受相关蛋白并研究了其表达和结合特性，并在昆虫化学感受的神经生物学机理方面做出了有价值的工作；在植物与昆虫互作关系方面，鉴定了大量植物挥发物、昆虫信息化合物对昆虫的驱避或引诱活性，同时在植物及昆虫信息化合物的生物合成途径方面取得重要突破；在昆虫与植物互作化合物的开发利用方面，昆虫信息素研究进展显著，鉴定了许多农林昆虫的信息素组分，有些已经在害虫的监测、诱捕、迷向及防控等方面进行应用。

（一）昆虫化学感受特性及分子机理（包括嗅觉、味觉）

近年来，国内学者利用不同技术手段鉴定了多种昆虫的化学感受蛋白基因序列，包括昆虫的嗅觉感受和味觉感受蛋白基因。结合化学生态学手段，分析了部分化学感受蛋白的表达特征，鉴定了其功能。这些研究不但解释了部分昆虫的取食、产卵、驱避和求偶行为

的生化 and 分子机制，而且可用于阐明昆虫行为、生殖隔离现象的生态机制。依据昆虫化学感受蛋白家族中不同成员的生理功能及其结构，有可能开发出以该家族成员为靶标的昆虫行为干扰因子，通过调控害虫行为、干扰其正常生理活动，最终达到防治害虫的目的。

国内昆虫化学感受机制研究呈现如下特点：①观察和鉴定了多种昆虫的化学感器形态和功能；②鉴定了多种昆虫的气味感受蛋白；③借助于一些化学生态学分析工具如 GC-MS、EAG、顶端记录（tip recording）技术分析了一些昆虫化学感受蛋白的表达特征，发现昆虫的不同化学感受蛋白的表达在发育时间上的差异，在不同感受器官中的表达差异；④昆虫的化学感受蛋白的配体特异性因化学感受蛋白本身相关，一些化学感受蛋白只对某一类配体特异，而另外一些化学感受蛋白的配体可能呈现多样性，可能不但结合昆虫的性信息素，而且能够结合植物绿叶气味化学物质；⑤化学感受的神经学研究方兴未艾。

1. 化学感受器官的特征和功能

中国科学院动物研究所王琛柱研究组利用顶端记录技术（tip-recording technique）、成虫喙管伸长反应（proboscis extension reflex, PER）和取食行为对棉铃虫（*Helicoverpa armigera*）和烟青虫（*Helicoverpa assulta*）雌性成虫前足第五跗节（tarsomere）上的毛状化学感器按照化学感受特征进行了分类，共发现了 14 个味觉感器（gustatory sensilla）。其中 9 个棉铃虫味觉感器对蔗糖（sucrose）、葡萄糖（glucose）、果糖（fructose）、麦芽糖（maltose）、肌醇（myo-inositol）以及 20 种常见氨基酸等不同化合物产生了电生理反应，在感器 a 和 b 中，4 种糖类刺激同一个神经元引起电生理反应；在感器 a 中，蔗糖与肌醇、蔗糖与赖氨酸以及肌醇与赖氨酸分别刺激不同的神经元引起电生理反应；在感器 n 中，果糖与赖氨酸分别刺激不同的神经元引起电生理反应。此外，4 种糖类，肌醇和赖氨酸都引起剂量依赖性（dose-dependent）电生理反应。这 6 种化合物刺激昆虫前足时都会引起喙管伸长反应和取食行为。赖氨酸和蔗糖引起最强的电生理反应。然而，蔗糖对喙管伸长反应具有最强的刺激效应，赖氨酸刺激效应最弱。对于烟青虫，其中有 8 个味觉感器对糖类（sugars）、肌醇、赖氨酸（Lys）、谷氨酸（Glu）、精氨酸（Arg）、色氨酸（Trp）以及丝氨酸（Ser）有不同程度的电生理反应。感器中味觉神经元展示出剂量依赖性电生理反应特征。糖类、肌醇和氨基酸刺激昆虫正常前足时能引起喙管伸长反应和取食行为，但是当前足经 HCl 处理后这种现象消失。糖或者氨基酸的混合物溶液对昆虫产卵都没有刺激效应。这些研究对于解释多食性昆虫和寡食性昆虫选择寄主的差异和昆虫食性进化的过程有重要的意义。

感受器形态上，对一些昆虫的化学感受器官和感器超微结构进行了鉴定。中国农业大学张龙研究组利用光镜和电镜技术对飞蝗的触角、下唇须、足、翅、尾须等器官的感受器类型和分布、超微结构进行了研究。在触角中分布有毛形、锥形、腔锥形和刺形等化学感受器，在口器的触须上有锥形和刺形感受器，而在其他化学感受器官上主要分布的是刺形感受器。飞蝗的触角和口器主要执行嗅觉功能，同时兼有味觉功能；在其他器官则主要执行味觉功能。飞蝗的毛形、锥形和腔锥形等嗅觉感受器中含有的嗅觉神经元数量是不同

的,即使相同类型的感受器也有不同数量的嗅觉神经元,在反应特征上表现为:①毛形感受器中的单个神经元反应谱不同,一种神经元可对多种化合物有反应,而另一种神经元可对1种化合物反应;②毛形感受器的神经元既具有兴奋型反应,也有抑制型反应,如苯甲醛几乎主要引起所有种类的神经元的抑制型反应。

中国农业科学院植物保护研究所研究了中红侧沟茧蜂的触角感器的种类、分布、形态及内部结构。此外,对其他一些昆虫如华山松大小蠹(*Dendroctonus armand*)、螺旋粉虱(*Aleurodicus dispersus*)、柑橘粉虱(*Dialeurodes citri*)、密点曲姬蜂(*Scambus punctatus*)触角或躯体上感器的超微结构进行了观察和分类。中国林业科学研究院张真研究组对油松毛虫(*Dendrolimus tabulaeformis*)、松阿扁叶蜂(*Acantholyda posticaalis*)、扁角华扁叶蜂(*Chinolyda flagellicornis*)、红脂大小蠹(*Dendroctonus valens*)、云南切梢小蠹(*Tomicus Yunnanensis*)、横坑切梢小蠹(*T. minor*)、短毛切梢小蠹(*T. brevopilosus*)和赤眼蜂的触角感器显微结构进行了详细的研究。这些研究为进一步分析感器在这些昆虫交配、产卵、取食和选择寄主的作用及化学感受机制奠定了基础。

2. 嗅觉感受蛋白的表达和功能

随着国家对自然科学研究经费的大力投入以及基因测序成本的降低,近年来我国昆虫学者测序和鉴定了多种昆虫化学感受相关的基因序列,并且对其中的一些序列的功能进行了研究。这些研究不但包括模式昆虫家蚕,并且涉及许多重要的农林昆虫,包括鳞翅目的棉铃虫、烟蚜夜蛾和膜翅目的寄生蜂、半翅目的蚜虫和双翅目的蚊虫等;不但鉴定了一些昆虫信息素结合蛋白的基因,而且鉴定了一些与识别和利用寄主相关的受体。

中国农业科学院植物保护研究所王桂荣研究组对我国重要的农业害虫棉铃虫触角的转录组进行了分析,鉴定了47个嗅觉受体,其中包括6个推测的信息素受体,12个离子通道受体、26个嗅觉结合蛋白,这些分析能够让我们深入了解棉铃虫的嗅觉行为的分子机理。此外,该研究组还利用爪蟾卵母细胞表达系统鉴定出了烟芽夜蛾(*Heliothis virescens*)信息素嗅觉受体对不同气味的特异性反应,HvOR6对Z9-14:Ald高度特异敏感,而HvOR13,HvOR14和HvOR16分别对Z11-16:Ald,Z11-16:OAc和Z11-16:OH几种物质特异敏感。

中国科学院动物研究所王琛柱研究组在研究棉铃虫和烟青虫的气味结合蛋白(OBP)过程中发现,这个家族中的一员OBP10不仅表达于触角,而且在雄虫精液中表达,并通过交配传递给雌性,最终出现于卵壳表面,而OBP10可结合生殖器官中分离到的化合物1-dodecene(一种昆虫的驱避剂)。进一步根据亲和力实验和三维结构模拟结果,该研究组认为OBP10具有双重功能:①结合产卵驱避剂标记受精卵,用以避免幼虫之间自相残杀;②在产卵后可以感受到卵表面携带的驱避剂,以便于雌蛾更改产卵地点,提高幼虫成活率。此外,该研究组还克隆和纯化了棉铃虫和烟青虫的三种性信息素结合蛋白(pheromone-binding protein,PBP)——PBP1、PBP2和PBP3,并利用竞争性结合试验、Western blot等技术对其结合能力进行了比较分析:PBP1对性信息素主要组分Z11-

16: Ald、Z9-16: Ald 及其他 4 种类似化合物 Z11-16OH、Z9-16: OH、Z11-16: OAc 和 Z9-16: OAc 结合能力较强; PBP2 特异性结合两种醇类化合物 Z11-16OH 和 Z9-16: OH; PBP3 特异性结合两种酯类化合物 Z11-16: OAc 和 Z9-16: OAc。这些研究结果表明: ① PBP 可以根据官能团来特异性地结合某类化合物, 但对双键位置没有区分; ② PBP 通过 C 末端在不同的 pH 下的构象变化来释放所结合的化合物分子。此外, 该研究组还发现了棉铃虫另外一种气味结合蛋白 *HarmOBP7*, 该蛋白对具有 13 ~ 14 个碳链长度的线性醛类、醇类和酯类亲和力较强, 并发现 Lys123 是 *HarmOBP7* 配体结合过程中十分重要的氨基酸, 可能通过与配体的功能基团形成氢键行使作用。

南京农业大学董双林研究组针对甜菜夜蛾和斜纹夜蛾两种重要害虫, 就不同性信息素结合蛋白的表达特征和功能分化进行了探讨, 并在两个姐妹种中得到相似的结果。在斜纹夜蛾中, 3 个 PBP 均在触角中特异或高表达, 但 PBP1 和 PBP2 表现为明显的雄虫高表达 (雄雌比分别为 2.70 和 1.38), 而 PBP3 则为雌虫高表达 (雄雌比 0.71); 配体结合试验表明, 3 个 PBP 对性信息素组分的结合能力显著不同, 表现为 PBP1>PBP2>PBP3, PBP3 对几种性信息素组分均无明显的结合能力; 此外, 3 个 PBP 与性信息素的结合能力均随 pH 值升高 (4.0 ~ 7.0) 而增强, 但增强幅度及达到最高结合能力的 pH 值有明显差异。综合分析认为, PBP1 和 PBP2 在雌性信息素的感受中起重要作用, PBP3 作用较小或在其他气味的感受中起作用。

中国林科院张真研究组克隆和鉴定了油松毛虫三种气味结合蛋白, 这三种蛋白与其他昆虫的 OBPs 进行系统发生分析表明, 信息素结合蛋白 (PBP1) 的进化速度要明显高于两个普通气味结合蛋白 (GOBPs), 表明信息素差异是昆虫受到的一个明显进化动力。用定量 PCR 技术检测了三种蛋白在各部位分布情况表明 PBP1 主要在雄虫触角上表达, 雌虫触角上的表达量仅仅相当于雄虫触角的 1.09%; GOBP1 和 GOBP2 则在雌雄触角中都大量表达, 但 GOBP1 在雄虫触角中的表达量两倍于雌虫, 而 GOBP2 则相反。另外, 这三种蛋白在其他器官中的表达量都微乎其微。利用荧光结合试验检测了这三种蛋白的分子结合发现三种蛋白都能够和油松毛虫信息素中的一种成分 (5Z, 7E)-5, 7-dodecadien-1-yl propionate 紧密结合, 表明该成分在油松毛虫信息素种可能起到了重要作用。该研究组还选取了同域分布的思茅松毛虫和云南松毛虫, 对其触角转录组进行了测序和分析, 在云南松毛虫 (*Dendrolimus houi*) 和思茅松毛虫 (*D. kikuchii*) 中分别鉴定了 23/27 气味结合蛋白 (OBP)、17/17 化学感受蛋白 (CSP)、2/2 感受神经元膜蛋白 (SNMP)、33/33 气味受体 (OR) 以及 10/9 离子受体 (IR)。有趣的是, 根据功能域分析, 松毛虫的典型 OBPs 可以分为三类, 同时还发现了一组松毛虫特异的 ORs 基因, 在其他鳞翅目昆虫中未发现同源基因。

我国学者还鉴定了其他一些鳞翅目昆虫如水稻二化螟 (*Chilo suppressalis*)、稻纵卷叶螟 (*Cnaphalocrocis medinalis*)、草地螟 (*Loxostege sticticalis*)、大螟、樟巢螟 (*Orthaga achatina*) 等昆虫的气味结合蛋白, 并对其功能进行了分析。

对于直翅目昆虫, 中国农业大学张龙研究组鉴定了东亚飞蝗 (*Locusta migratoria*

manilensis) 不同嗅觉结合蛋白和化学感受蛋白在胚胎发育中的时空表达, 发现 OBPs 和 CSPs 表达时间不同, 而 OBPs 则在不同类型的感受器中表达; 此外, 该研究组在东亚飞蝗足跗节上筛选了 70 个化学感受蛋白序列, 鉴定了 17 个雌性生殖器官特异表达蛋白和一个雌雄个体都表达的脂肪酸类特异蛋白。

对于鞘翅目昆虫, 国内学者也鉴定了华北大黑鳃金龟 (*Holotrichia oblita*) 气味结合蛋白, 华中农业大学王满困研究组通过研究明确了云斑天牛 (*Batocera horsfieldi*) OBPs 基因的表达与天牛的性别、发育等密切相关, 为首次关于天牛类群昆虫的 OBPs 相关报道。

对于刺吸式口器昆虫, 中国农业科学院植物保护研究所陈巨莲研究组对麦长管蚜 (*Sitobion avenae*) 气味结合蛋白 (OBPs) 及气味受体 (OR) 基因进行克隆, 获得 7 种 OBP 基因 (saveOBP2、saveOBP3、saveOBP4、saveOBP5、saveOBP7、saveOBP8、saveOBP9), 对麦长管蚜化学感受蛋白的功能进行了分析, 利用荧光竞争实验 (fluorescence competition assay) 鉴定了 SaveOBP7 与蚜虫报警信息素 (反)- β -法尼烯 (trans-beta-farnesene) 和植物绿叶气味相关的气味结合蛋白。此外, 鉴定了绿盲蝽 (*Apolygus lucorum*) 的 3 个嗅觉结合蛋白和 1 个化学感受蛋白, 这 4 个蛋白对棉花次生物质有较强的结合能力。南京农业大学对褐飞虱 3 个 OBP 基因进行了克隆, 分析了它们在若虫不同龄期及成虫不同翅型和性别间的表达特点, 进一步的配体结合能力测定、RNA 干扰及行为学实验表明, NlugPBP3 在褐飞虱对水稻气味的感受中起到更为重要的作用, 并同时可能具有嗅觉意外的功能。这些结果将对当前农作物重要害虫的发生机制阐述有重要的意义。

3. 味觉感受的机制

中国科学院动物研究所王琛柱研究组在棉铃虫和烟青虫成虫前足第五跗节上鉴定出了对取食和产卵至关重要的味觉感受器, 这些感受器不但可以利用电生理仪器来测定其对不同化学物质的反应, 并且可以用一个简单且有趣的测试进行鉴定: 当特异的刺激物质刺激这些感受器时, 能够诱导成虫喙的伸缩反应, 研究比较发现两种昆虫都存在对糖、肌醇和特异氨基酸敏感的味觉感器, 但是烟青虫的反应较棉铃虫弱, 雌成虫的反应要高于雄成虫, 这些研究对解释多食性昆虫和寡食性昆虫选择寄主的差异和昆虫食性进化的过程中有重要的意义。

鳞翅目昆虫幼虫的味觉研究也取得一些进展, 王琛柱研究组发现有取食添加植物次生物质番木鳖碱 (strychnine) 或毒毛旋花子苷 K (strophanthin, 强心甙类化合物) 的人工饲料的棉铃虫幼虫在取食行为上对这两种次生物质不敏感。而这两种物质则对取食正常人工饲料的幼虫呈现高度驱避效应; 进一步, 味觉电生理研究结果表明幼虫行为的不敏感现象至少可能是由于幼虫对这些次生物质敏感的神经元的脱敏化而致。另一方面, 推测棉铃虫幼虫选择不同寄主行为的电生理基础可能是“刺激取食的神经元”和“抑制取食的神经元”综合作用的结果。

在味觉受体蛋白方面, 西南大学农业部蚕业实验室夏庆友研究组基于最新的家蚕基因组精细图谱, 鉴定了 4 条新的味觉受体蛋白序列 (BmGr66- BmGr69)。并通过 *Sf9* 细

胞系体外表达系统、细胞钙成像等技术 (calcium imaging), 鉴定了家蚕糖受体亚家族成员 BmGr8 能够特异识别低浓度的 *myo*-inositol 和高浓度的 *epi*-inositol; 进一步, 利用细胞免疫荧光和 Beta- 半乳糖苷酶融合表达实验技术, 发现该受体和一个推测的苦味味觉受体 BmGr53 与的跨膜拓扑结构与传统 GPCR 受体跨膜结构域插入方向相反, 即这些味觉受体胞内的 C 末端、胞外 N 末端。这是我国学者首次对昆虫味觉受体的结构进行阐述的报道, 为深入研究这些受体蛋白的功能和其他味觉受体的研究奠定了基础。

利用电生理技术 (如 tip recording 技术) 研究昆虫的味觉是一个经典而有效的方法, 河南农业大学汤清波所在研究组发现棉铃虫幼虫中栓锥感器肌醇敏感的神经元也对其他一些糖类有一定的电生理反应, 并推测该肌醇神经元可能是多食性昆虫棉铃虫相对“广谱性”的一个味觉神经元。利用该技术也鉴定了家蚕的不同感受器。

(二) 昆虫信息素鉴定及利用

昆虫信息素 (pheromone) 是由昆虫分泌释放至体外, 可调节种群行为、发育的极微量化学物质, 其种类从作用方式和功能上可分为性信息素 (sex pheromone)、聚集信息素 (aggregation pheromone)、报警信息素 (alarm pheromone)、示踪信息素 (trace pheromone) 和抗产卵信息素 (anti-oviposition pheromone) 等。而在这些信息素的研究当中, 以昆虫性信息素的研究居多。昆虫性信息素, 由特有的腺体或特化的细胞产生, 并释放到周围环境中, 能被同种异性个体的感受器所接受并引起异性个体产生一定的行为反应或生理效应 (如觅偶、定向求偶、交配等) 的微量化学物质。目前, 全世界已鉴定和合成的昆虫性信息素或类似物约 2000 余种, 我国研制成功的重要害虫的性信息素也有近百种, 为昆虫性信息素研究及在害虫防治上应用提供了保障。

昆虫信息素技术作为当前重要的四大生物防治技术 (自然天敌利用、微生物农药、植物源农药和化学信息素) 之一, 在世界上许多发达国家都非常重视。信息素在害虫防治、测报和检疫工作中的应用是解决由化学农药引起的一系列问题的重要途径, 也是全球害虫综合治理的发展趋势。

1. 昆虫信息素鉴定

蚜虫报警激素是继昆虫性信息素之后, 目前研究最多、应用前景最好的一类蚜虫信息素, 能作为蚜虫天敌寻找蚜虫的线索, 通过驱避蚜虫、引诱天敌从而起到控制蚜虫危害的目的。(反)- β -法尼烯作为大多数蚜虫报警信息素的主要甚至唯一成分, 可以使蚜虫产生骚动、从植株上脱落, 并吸引蚜虫天敌, 从而有效控制蚜虫危害。有趣的是, 范佳等发现一种枫树蚜虫——枫长镰管蚜 (*Drepanosiphum platanoides*), 不分泌 (反)- β -法尼烯, 但对自体挥发物具有报警信息素反应, 对外源 EBF 具有明确地回避反应。

中国林业科学研究院张真研究组鉴定或进一步优化了云南松毛虫、思茅松毛虫、油松毛虫、靖远松叶蜂 (*Diprion jingyuanensis*) 的性信息素, 在云南切梢小蠹、横坑切梢小蠹

和短毛切梢小蠹的聚集信息素的研究方面也取得了初步进展，研制了聚集信息素与寄主挥发物结合的诱芯。

2. 昆虫信息素生物合成基因调控

安世恒等在家蚕性信息素合成相关基因 (*desat1*, *FAR*, *PBARN*, *FATP*, *ACBP*, *OrailA*) 的研究中发现, 对于性信息素相关基因的表达, 保幼激素并不是一个关键的抑制因子, 进一步研究发现交配可以显著抑制这些基因的表达。这一结果为阐明性信息素的合成机制提供了一定的参考。Wang 等在柞蚕的研究中首次证明 $\delta 6$ 脂肪酸脱氢酶参与了昆虫交配识别。Ding 等研究表明脂酰辅酶 A 去饱和基因在松白条尺蠖蛾腹部表皮组织中表达, 进一步的研究证明该基因参与了性信息素的合成。喻修道以欧洲薄荷 (*Mentha × piperita*)、亚洲薄荷 (*Mentha haplocalyx* Briq)、黄花蒿 (*Artemisia annua*) 和花旗松 (*Pseudotsuga menziesii*) 为实验材料, 克隆了其中的 EBF 合成酶基因并进行了功能分析, 而且将 *Mh β FSI* 基因转入小麦。分别通过基因枪法和农杆菌介导法将其转入扬麦 12 和科农 199, 对转基因植株连续进行 PCR 鉴定和繁殖, 已获得 T3 代转基因种子; 选择部分 T0 株系进行 Southern 杂交, 结果显示 *Mh β FSI* 基因已整合至小麦基因组, 目前正在检测转基因小麦能否释放 E β F 及其对蚜虫的驱避性。

3. 有关昆虫信息素应用的国家公益性行业 (农业) 科研专项

公益性行业科研专项“入侵生物苹果蠹蛾监测与防控技术研究”自 2009 年实施以来, 取得了较大进展, 与昆虫信息素相关的主要有: ①性信息素监测诱芯有效持续时间从 1 个月到 3 个月, 意味着在实际的监测和防控工作中, 不必人工每月换一次诱芯, 大幅度提高工作效率, 这是多年来监测工作中大家一直盼望的技术突破。从 2013 年开始, 全国苹果蠹蛾监测将使用这一新技术。②研发苹果蠹蛾的防控的新方法, 尤其是在试验、示范了迷向防控技术, 取得了令人满意的防治效果。③通过对苹果蠹蛾活动规律的研究, 阐明了在幼虫寻找化蛹场所是进行诱捕防治的关键时期, 并研发了幼虫诱集带防治技术及其产品, 申请了国家专利。

2012 年, 启动了国家公益性行业 (农业) 科研专项“昆虫性诱剂合成与缓释技术研究”。该项目由温州医学院杜永均教授牵头, 主要承担单位有温州医学院、中国科学院动物研究所、中国农业科学院植物保护研究所、华南农业大学、河南农业大学、南京农业大学、全国农业技术推广服务中心、华中农业大学。该项目针对推广和应用中存在的性信息素产品的稳定性不高、化合物纯度不够、一些重要害虫性信息素的鉴定不完整或空白、地理区系差异、许多害虫可以多次交配、同一作物经常受多种害虫危害、性信息素的合成成本相对较高等问题, 通过有机合成和纯化线路、大批量生产工艺探索, 一些重要农业害虫完整性信息素的鉴定, 花或植源性活性化合物的研究及其与性信息素的增效机制, 生物和非生物因子对性信息素的释放和反应的影响及其相关应用技术的开发, 开展性诱剂综合防控和测报技术研究, 形成成熟的一系列重要害虫性诱剂综合防控和测报技术。

(三) 植物信息化合物对昆虫(害虫、天敌)行为调控

植物信息化学物质对于昆虫的行为调控研究,既是机理性研究的重要内容,也是植物信息化学物质在害虫防治和天敌保护中加以利用的理论基础。近年来,我国在这方面取得了显著成就。主要表现在:一是所涉及的植物范围不断扩大,从传统的作物、林木、传统植物,到目前的药用植物、特色植物和外来入侵植物等;二是利用植物信息化学物质的方式多样化,从单个化合物到多种化合物,从提纯利用到粗提物应用,从植物化合物单独使用到与昆虫信息素、农药和天敌或生物农药联合使用;三是所研究和利用的化学物质的作用机理多种多样,包括趋避、吸引、拒斥的挥发性化学物质,也包括具有毒性、拒食性的非挥发性化学物质;四是对于植物信息化学物质的作用机理研究日益深入,所利用的研究手段包括化学提取、纯化、生测、电生理、生化等传统技术,也更多地应用分子生物学、免疫学、神经生物学、激光共聚焦显微镜、膜片钳等现代技术手段。

1. 植物挥发物调控昆虫行为的机制

中国科学院动物研究所康乐院士 2009 年在 *Annual Review of Entomology* 发表了斑潜蝇化学生态学方面的研究综述,显示了我国在昆虫化学生态学研究的地位。随后,该研究组在昆虫和寄主化学生态的研究方面继续取得一系列令人鼓舞的成果:①首次提出了三个营养级互作的昼夜节律假说,发现了它们相互作用的规律,即长期适应光暗周期使它们形成了明显的昼夜节律,但三者相互作用形成了不同的节律格局,表现在挥发物释放规律、斑潜蝇取食行为和寄生蜂行为高峰期有一定的错位,而光照条件改变后正常节律也被打乱。②茉莉酸介导的植物直接和间接防御存在生态适应的平衡现象:与具备完善的茉莉酸(jasmonic acid, JA)系统野生型番茄相比,JA 缺失体番茄直接和间接防御斑潜蝇幼虫能力都被压制,但它对成蝇的吸引力降低,而过量表达体对斑潜蝇抗性最强。进一步研究表明,过量表达 JA 番茄间接防御的效果与野生型相比明显减弱,主要是因为其上的斑潜蝇个体小而引起寄生的“窗口”效应造成的。该研究结果表明:与 JA 相关的植物直接与间接抗性间存在 Trade-off,提示对转基因作物的抗性评价应该建立在室外更大尺度空间的研究,为转基因作物的有效性评价提供了良好的案例。③他们利用不同基因型番茄材料首次证实斑潜蝇诱导的 HIPVs 与表皮毛间存在相互拮抗作用,解决了这个长期以来悬而未决的国际难题。④此外,该研究组还通过研究南美斑潜蝇为害拟南芥及其与健康植物交流后的基因组表达信息发现,乙烯(ET)途径在植物—植物交流中起到了关键性的作用,而 JA 起到了辅助的作用。这一研究将国际上昆虫危害引起的植物群体反应或说植物—植物交流推到了全基因组基因表达的水平,为以后进一步深入研究奠定了基础。

2. 植物抗虫的化学和分子机制

浙江大学娄永根研究组对水稻诱导抗虫的机制进行了持续研究,主要发现:①植物诱

导抗虫反应的化学与分子机理方面：明确了水稻在受害虫为害后能产生系统性的直接和间接防御反应，揭示了害虫为害诱导的胰蛋白酶抑制剂是水稻防御咀嚼式口器害虫的直接防御化合物，而害虫为害诱导的水稻挥发物则是引诱天敌从而控制害虫的间接防御化合物；并且在国内外首次证实了虫害诱导的水稻挥发物在调控害虫自然种群动态中发挥着重要作用。发现了水稻的诱导抗虫反应涉及众多代谢、生理生化等过程的重组，并受 MAPKs、茉莉酸、水杨酸、乙烯和过氧化氢等众多信号转导途径的调控。首次揭示了茉莉酸信号转导途径在水稻防御不同为害习性害虫中发挥着不同作用，并鉴定了植物诱导防御反应中两类早期调控因子，OsERF3 和两种磷脂酶 D ($\alpha 4$ 和 $\alpha 5$)，它们作用于茉莉酸、乙烯等信号途径的上游，通过影响这些重要信号转导途径可以对水稻的虫害诱导防御反应产生调控作用。②鉴定了能诱导水稻产生抗虫性的化学激发子。通过引入化学遗传学方法，项目组建立了以芳樟醇基因启动子融合 *GUS* 报告基因为核心的高通量筛选化学激发子方法；并通过筛选、化学分析、室内与田间试验，首次揭示了低浓度的除草剂 2,4-D 能提高水稻茉莉酸、乙烯以及挥发物的含量，使水稻对褐飞虱及其卵期天敌稻虱缨小蜂产生明显的引诱作用。这为褐飞虱的生态调控与绿色治理开辟了全新的途径：通过喷施 2,4-D 可以使稻田周围的部分水稻变成褐飞虱的诱集植物，从而可对褐飞虱进行集中防治，并可减少褐飞虱对稻田中其他水稻的为害。同时，这一化学激发子也为深入揭示水稻的诱导抗虫机理提供了很好的研究工具。

华南农业大学曾任森研究组利用 RNA 干涉技术构建了茉莉酸与水杨酸信号转导途径关键基因的转基因材料，发现水稻抵御咀嚼式害虫为害主要启动茉莉酸信号途径，抵御刺吸式害虫和病原菌为害主要启动水杨酸信号途径。水稻是典型的硅累积作物，硅可以警备 (prime) 水稻对咀嚼式害虫产生诱导抗虫性，硅的警备作用与茉莉酸信号途径有关，茉莉酸信号也反过来促进水稻对硅的吸收与累积，硅与茉莉酸途径相互作用防御水稻咀嚼式害虫。土壤中广泛存在的有益微生物丛枝菌根真菌可以警备番茄产生诱导抗虫性。

3. 药用植物和佐料植物对昆虫的作用

华中农业大学城市昆虫所研究了 20 种药用植物乙醇提取物对谷蠹的触杀和驱避活性；江苏农业科学院方继朝课题组研究了 18 种中草药提取物对褐飞虱和甜菜夜蛾的杀虫活性分析；苏州大学研究了芸香苷诱导家蚕谷胱甘肽-S-转移酶 ω 家族基因的表达变化；河南科技学院研究了香菜挥发性次生物质对菜青虫的拒食作用研究；湖南师范大学周琼报道了苍耳甾醇物质对菜青虫取食及血淋巴和中肠酶活性及中肠组织的影响；中南林业科技大学和湖南省疾病预防控制中心分析和测定了椿叶花椒果实精油及其化学成分对两种蚊虫的生物杀虫活性。

在外来植物次生物质对昆虫的作用方面，中国农业大学张青文课题组研究了紫茎泽兰乙醇提取物对棉铃虫生长发育和繁殖力的影响，研究了棉蚜和七星瓢虫对紫茎泽兰挥发物的行为反应及挥发物化学成分初步分析；中国热带作物科学院研究了薇甘菊甲醇提取物对

二疣犀甲生长发育的影响和对在椰心叶甲的防控潜力。

4. 植物源化合物对昆虫的毒理与反防御机制的诱导

华中农业大学测定了 β -细辛醚对谷蠹成虫体内四种酶活性的影响, 中国农业大学高希武课题组报道了植物次生物质对棉蚜谷胱甘肽 S- 转移酶和羧酸酯酶活性的诱导作用, 苏州大学研究了芸香苷诱导家蚕谷胱甘肽 S- 转移酶 ω 家族基因的表达变化, 湖南农业大学李有志课题组研究了 12 α -羟基鱼藤酮对斜纹夜蛾生殖力的影响及其作用机理, 南京农业大学报道了植物源物质诱导的斜纹夜蛾细胞凋亡, 研究了印楝素、喜树碱等 9 种物质各自对 S L21 凋亡小体的浓度效应及时序性, 华南农业大学徐汉虹课题组则研究了番荔枝内酯化合物布拉它辛对斜纹夜蛾的杀虫活性及对 SL 细胞的致凋亡作用; 西北农业大学和南京医科大学研究了脱氧鬼臼毒素对黏虫、小菜蛾和美洲大镰代谢酶系的影响和对腹神经索动作电位的作用; 西北农业大学吴文君课题组研究了苦皮藤素 IV 和 V 及其混合物对棉铃虫幼虫神经细胞钠通道的影响。

华南农业大学曾任森研究组揭示了昆虫适应作物中真菌毒素的奥秘以及宿主植物化感物质在调控广食性昆虫的细胞色素 P450 解毒酶系和抗药性中的特殊功能。棉铃虫和粉纹夜蛾取食宿主植物后, 能利用宿主植物中的化感物质(丁布、香豆素、黄酮等)迅速诱导体内的细胞色素单氧酶 P450 基因的表达, 激活 P450 解毒酶系统, 使昆虫能有效解毒来自病原真菌的黄曲霉毒素和人工施用的农药, 从而保护昆虫免受真菌毒素和农药的毒害。研究还发现昆虫体内的细胞色素单氧酶 P450 对黄曲霉毒素具有生物激活和解毒的双重功能。利用真菌毒素在昆虫体内生物活化原理验证了昆虫诱导反防御策略的生态学成本, 解决了该领域的一个重要科学问题。

5. 植物信息化合物或粗提物对昆虫的行为影响

中国科学院动物研究所王琛柱研究组分析了不同梨树挥发气味对梨小食心虫的引诱作用。利用气质谱联用技术, 分析了 6 个梨树品种果实气味的化学成分, 发现酯类物质是所有品种果实成熟后释放的主要物质; 借助气谱与触角电位联用技术, 进一步对成熟果实挥发物活性组分进行了筛选, 发现有 12 种化合物可以持续引发雌蛾产生触角电位反应。田间诱捕实验表明, 品种冀蜜(JM)的 8 组分[己醇, 壬醛, 丁酸乙酯, 乙酸丁酯, 己酸乙酯, 乙酸己酯, 丁酸己酯和 (E,E)- α -法尼烯]混合物和品种黄金(HJ)的 6 组分[壬醛, 丁酸乙酯, 丁酸异戊酯, 己酸乙酯, 乙酸己酯和 (E,E)- α -法尼烯]混合物对雌雄两性成虫均有较佳的诱集活性。根据以上研究, 获得了两个对梨小食心虫雌雄两性均有活性的植物源引诱剂配方, 为研发新的梨小食心虫监控技术打下了基础。

万方浩课题组则报道了 B 型烟粉虱对三种寄主植物及其挥发物的行为反应; 华南农业大学梁广文课题组研究了植物粗提物对褐飞虱和稻田天敌的影响, 三种寄主植物叶片提取物对美洲斑潜蝇雌成虫嗅觉记忆的影响; 贵州大学邹军锐课题组研究了西花蓟马寄主选择性与寄主物理性状及次生物质的关系, 结果表明单宁酸和黄酮的含量对西花蓟马的寄主选

择性有很大的影响,其含量越高越不利于西花蓟马的寄主选择;韩宝瑜课题组研究了茶尺蠖绒茧蜂对茶梢挥发物的 EAG 和行为反应;河北农业大学报道油松毛虫雌蛾对油松松针两种手性化合物的触角电位反应;河南农业大学则研究了烟夜蛾和棉铃虫对高浓度烟草挥发物的电生理和行为反应;广西大学报道了盲蝽对性信息素类似物和植物挥发物的触角电位反应;张青文课题组报道了多种植物挥发物及马铃薯甲虫聚集素对马铃薯甲虫的引诱作用。

中国林科院张真研究员的研究小组,研究了寄主植物对松阿扁叶蜂 (*Acantholyda posticaalis*)、双条杉天牛 (*Semanotus bifasciatus*)、云南木蠹象 (*Pissodes yunnanensis*) 和华山松木蠹象 (*P. punctatus*) 的作用,并研制出有效植物性引诱剂,已在生产上进行了初步应用。

中国农业科学院植保所与山东农业大学合作,测定不同具有驱避抗性小麦品种挥发物的组分,比较麦蚜取食前后小麦挥发物的变化及其对蚜虫嗅觉行为影响时发现,蚜害诱导挥发物中有 3 种化合物 (6-甲基-5-庚烯-2-酮、6-甲基-5-庚烯-2-醇和水杨酸甲酯) 对两种蚜虫 (麦长管蚜、禾谷缢管蚜) 表现出强的驱拒作用,能诱导植物防御信号途径 (如茉莉酸、水杨酸合成途径) 关键酶基因上调。华南农业大学张茂新课题组开展了苦瓜叶片提取物中葫芦烷型四环三萜化合物对斜纹夜蛾抗虫生物活性的相关研究,发现葫芦烷型四环三萜类化合物对斜纹夜蛾幼虫取食、生长发育历期、体重以及成虫产卵量都有显著的抑制作用,并对幼虫体内消化酶和保护酶活性进行测定;还研究了苦瓜叶中葫芦烷型四环三萜类化合物对斜纹夜蛾离体培养细胞的活性和作用机制。

(四) 植物信息化化合物的生物合成途径及调控

昆虫和植物之间经过长期的协同进化,逐渐形成一个极为复杂的信息化学网络,这些信息化学物质引起昆虫行为和生理上的诸多反应,以协调三级营养即植物、植食性昆虫和天敌之间的关系。植物信息化化合物是一类源于植物的次生物质,是植物与昆虫之间重要信息的传递物质,主要包括绿叶挥发物、萜类化合物、生物碱、水杨酸、茉莉酸等。

近两年来,中国科学院遗传与发育研究所李传友实验室在茉莉酸调控植物免疫机制研究中取得新进展,以拟南芥为模式,研究了茉莉酸信号转导途径转录因子 MYC2 的磷酸化修饰、蛋白降解与其转录调控功能之间的关系;并发现转录中介体复合物调控茉莉酸信号途径的新机制。

(反)- β -法尼烯不仅存在蚜虫报警信息素中,许多植物如茼蒿、野生马铃薯、薄荷、花旗松、香橙和母菊,也均能释放(反)- β -法尼烯,是其精油挥发物的主要组分。(反)- β -法尼烯生物合成途径的研究发现,(反)- β -法尼烯合成酶是植物体内催化二磷酸法尼烯 (farnesyl diphosphate, FPP) 合成(反)- β -法尼烯的关键酶,已先后从欧洲薄荷、香橙、花旗松和黄花蒿中得到分离和鉴定。(反)- β -法尼烯合成酶的底物 FPP 广

泛存在植物细胞质中，参与植物细胞质中甾醇类物质的合成。FPP 是在 FPP 合成酶（FPS）催化下，以连续缩合 2 分子 IPP 和 1 分子 DMAPP 而成，绝大部分 FPP 合成酶基因没有信号肽，存在于细胞质中，但在拟南芥线粒体及水稻、小麦、烟草的叶绿体中均发现。因此，在植物中过量表达外源（反）- β -法尼烯合成酶基因，借以细胞质或叶绿体中的 FPP 为底物，可以获得释放（反）- β -法尼烯挥发物的转基因植株。

（五）昆虫与植物互作化合物的开发利用

随着昆虫与植物互作关系的深入研究，植物源及昆虫源的挥发性信息化化合物的不断发掘及其对害虫及其天敌的功能不断解析，为害虫防控提供了新的策略即驱避害虫、引诱天敌的“推一拉策略”。主要措施是作物多样性布局、驱避性挥发物的缓释技术等，达到害虫生态调控的目的。

作物多样性布局是“推一拉”策略在农业害虫综合治理的一种应用方式。合理的多种植物系统一般可降低害虫的暴发概率，尤其是对食性单一的植食性昆虫而言。通过作物间套作，使得植物挥发物的种类增加，由于非寄主植物挥发物对目标害虫寄主定位的干扰及其天敌昆虫引诱作用的行为调控作用。一些非寄主植物可以通过影响昆虫嗅觉和视觉的反应可增加或减弱对昆虫的引诱作用。我国是世界上农作物布局和栽培制度最复杂的国家，最适合采用生态调控措施防治农作物病虫害。长期的实践表明：同一生境中有些植物可相互促进提高产量，而有些则相互排斥抑制生长，如洋葱与甜菜和胡萝卜、马铃薯与菜豆、小麦与豌豆、大豆与蓖麻、紫罗兰与葡萄等同种，可促进生长，提高品质。植物挥发性次生物质在起关键的作用。在麦田中，间作苜蓿、油菜、豌豆等对小麦蚜虫起到了良好调控作用，优势天敌瓢虫类和蚜茧蜂类均有较高的种群密度，天敌群落的丰富度明显提高，Shannon-Wiener 多样性指数增加，但均匀度下降，同时也增加了天敌控制害虫的稳定性和可持续性。

中国计量学院韩宝瑜课题组深入探究了茶树—害虫—天敌昆虫、白菜—小菜蛾—天敌昆虫之间的化学和光通讯机制。成功研制了茶假眼小绿叶蝉、茶黑刺粉虱、茶尺蠖和蚜虫类的诱捕剂，并研制了有效诱捕这些害虫的诱虫色板，实现了产业化；将诱捕剂与诱虫色板组合诱捕防治茶园、菊园、菜地、果园和林地的害虫，在全国主要的茶区、菊花产区、果区和林区推广面积达 300 多万亩次。

王满困等在证实寄主植物（补充营养寄主和产卵寄主）对云斑天牛成虫具有引诱作用后，利用 TCT-GC-MS 技术分离鉴定了云斑天牛补充营养和幼虫寄主植物挥发物化合物及相对含量，通过研究云斑天牛成虫对寄主植物挥发气味组分的 EAG 反应和嗅觉反应，筛选出了对天牛成虫具有行为活性的化合物；并对具有行为活性的化合物进行林间诱捕试验，筛选出了对云斑天牛具有明显诱捕效果的引诱剂。蛀干性害虫防治的难点在于其生活的隐蔽性，因此，从云斑天牛大面积治理及工业用材品质的要求出发，成虫裸露活动期是研究和防治的关键。该研究团队筛选出的引诱剂，为开发利用天然活性物质来防治天牛提

供了重要的理论基础和技术支持，同时也为利用植物引诱剂或趋避剂来防治其他天牛奠定理论基础。

在害虫治理的“推—拉”策略中，基于蚜虫报警信息素的主要成分（反）- β -法尼烯，对蚜虫行为调控和作为驱避剂开发应用潜力最大。（反）- β -法尼烯是蚜虫遇到天敌或其他干扰物时从腹管分泌出一种黏稠的液滴，并释放到体外具有挥发性，能引起同种其他个体骚动并从栖息地迅速逃散、从植株上脱落。同时能作为蚜虫天敌寻找蚜虫的线索，通过驱避蚜虫、引诱天敌从而起到控制蚜虫危害的目的。由于（反）- β -法尼烯在空气中不稳定，易挥发、易分解，作用时间短，且易受植物其他常规挥发物的干扰，很难在田间应用，因此许多尝试用高浓度的精油做成缓释剂，在室内及田间对豌豆蚜、麦蚜、桃蚜调查结果均具有明显的控蚜害作用。但是（反）- β -法尼烯本身不稳定性以及大规模应用的纯化成本高等问题，中国农业大学杨新玲研究团队通过分子设计对（反）- β -法尼烯结构进行修饰与改造，合成一大批既有生物活性又稳定的（反）- β -法尼烯类似物。（反）- β -法尼烯人工修饰与合成类似物与常规杀虫剂混用，可驱使蚜虫主动接触杀虫剂，在动态中灭杀蚜虫。利用植物挥发物和蚜虫 EBF 的缓释技术在小麦和蔬菜蚜虫控制中取得很好的效果。中国农业科学院植保所与山东农业大学在农田中定期释放（反）- β -法尼烯，水杨酸甲酯和 6-甲基-5-庚烯-2-酮等信息化合物缓释器，不仅有效降低了蚜虫的种群密度，而且还吸引了更多的自然天敌，提高害虫的生态调控作用。

目前，英国洛桑研究所已培养出转基因小麦，已获得英国政府批准田间试验。中国农业科学院作物科学研究所转（反）- β -法尼烯合成酶基因小麦也正在研制阶段。

三、昆虫化学生态学学科国内外研究进展比较

我们首先就国内外发表的化学生态学论文进行一些统计分析，通过一些数据再进行分析比较。

国际化学生态学的论文，发表的杂志各不相同；而最能体现传统化学生态学成果的，首推 *Journal of Chemical Ecology* 发表的论文。2011 年、2012 年及 2013 年 1—7 月共 31 期发表 423 篇论文，其中 3 期是化感、土壤、微生物的特辑（共 57 篇论文），其余 366 篇论文的统计情况如图 1，可在一定程度上反映这两年化学生态学的进展及格局。可以看出，昆虫信息素论文占约 1/3，昆虫与植物的关系（包括昆虫取食后的植物诱导反应机理和三级营养关系）论文占约 1/3 强，二者约占总论文数的 65%。在这 366 篇论文中，中国学者发表 15 篇，约占 4.1%，其中昆虫有关的 8 篇（信息素鉴定和信息素合成机理 2 篇，气味结合蛋白 4 篇，昆虫与植物关系 2 篇）。

国内杂志发表的昆虫化学生态学的论文情况，我们统计了 2007—2012 年《植物保护学报》和《昆虫学报》的论文，前者在 5 年中共发表 729 篇论文，其中昆虫化学生态学理

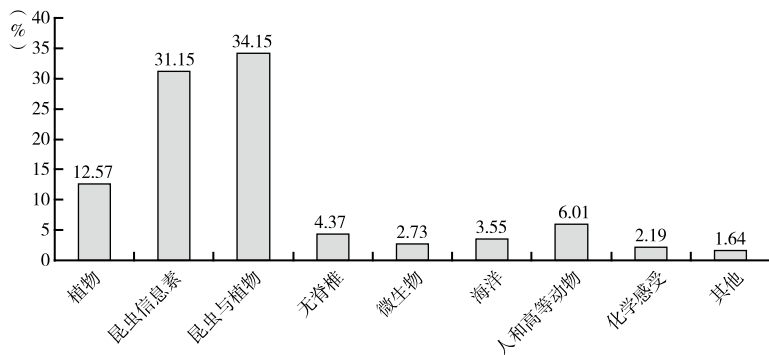


图1 2011年1月至2013年7月 *Journal of Chemical Ecology* 发表论文统计

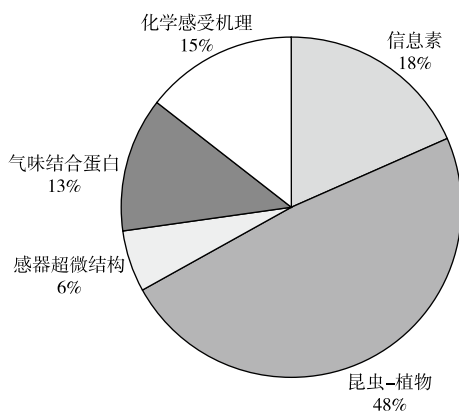


图2 《昆虫学报》2007—2012年发表的昆虫化学生态学论文统计

论和应用的论文 37 篇，占 5%，而《昆虫学报》则在 5 年中发表 1176 篇论文，其中昆虫化学生态学论文 158 篇，占 13%，各类研究的比例见图 2。

从以上论文情况的一些统计分析，我们可以总体上对国际和我国昆虫化学生态学的发展进行一些总体分析：

第一，无论是做基础研究、应用基础研究或应用研究，昆虫依然是国内外化学生态学的最重要的研究材料，也可以说，昆虫化学生态学一直是（而且将来也一定是）国际上和我国化学生态学研究最重要的方面；

第二，国际上化学生态学研究使用的昆虫材料来源广泛，既有农林昆虫，也有卫生和畜牧昆虫，更有果蝇、赤拟谷盗等模式昆虫，而我国主要进行农林昆虫的化学生态学研究，少量使用家蚕和蚊虫，鲜有涉及其他类别昆虫的；

第三，国际上很多实验室依然进行传统化学生态学的研究，而我国目前坚持做传统化学生态学研究的实验室很少，而比较热衷于做应用分子生物学技术的内容，如气味结合蛋白的克隆鉴定、昆虫取食诱导的植物反应的分子机理等；

第四，昆虫与植物的关系，是国内外昆虫化学生态学研究的重中之重，但国际上的研究多比较系统，如化学物质筛选、鉴定、行为反应、应用等；我国利用植物活性化学物质

来源广泛，但提纯和鉴定不够，或者行为和应用研究不系统，很难发表在权威刊物上。

下面，就近几年我国昆虫化学生态学取得重要进展的几个方面进行一些具体分析：

1. 昆虫化学感受特性及分子机理（包括嗅觉、味觉）

国内外研究主要表现在以下方面：①鉴定的昆虫化学感受相关蛋白呈多样化：国外昆虫化学感受主要集中在果蝇和蚊类等模式昆虫上，而国内近年来昆虫化学感受相关的研究在主要昆虫类群上都有所体现，发表的论文在数量上和质量上呈上升趋势；②多数化学感受蛋白的功能尚无鉴定；③嗅觉化学感受研究多，味觉研究相对较少；④分子生物学等研究多，但是形态学和解剖学等研究相对较少；⑤昆虫化学感受较少提出具有重大创新性的理论和发现；⑥多数研究尚为基础研究，距离实践应用来防治害虫和利用益虫还有一段距离。

2. 昆虫信息素鉴定及利用

国际上昆虫信息素的分离、鉴定、合成和利用，已经形成了非常完整的体系，而我国对于昆虫信息素的分离和鉴定，和国际上差距不大，但在合成和利用方面存在明显不足，主要表现在从事这方面工作的科技人员基本都是生物背景，还没有和化学合成的科技人员形成紧密的合作关系，导致我国信息素和其他方面的信息化学物质的研究进展较慢而且水平偏低；同时，我国存在重研究、轻应用的倾向，没有形成产学研相结合的良好机制和氛围，信息素产品研发和田间应用明显不足。在信息素生物合成途径的研究方面，我国只有少数实验室涉及，这就大大影响了我国整体水平的提高。而且，研究信息素的合成途径并应用到害虫防治中，我国还有很长的路要走。

3. 植物信息化合物对昆虫（害虫、天敌）行为调控和利用

我国目前对于植物信息化合物作用机理、行为影响方面的研究，可以说与国际上差距不大，但总的来说系统性不够，许多研究停留在表面上，有些只是粗提物的生测，很难在机理和应用上提高水平。在植物信息化合物对昆虫生理和行为研究方面，我国大部分实验室利用的都是触角电位技术和嗅觉仪，只有个别实验室有风洞，这限制了对于信息化合物功能的准确认识，也不能为化合物的田间应用探索准确的剂量和浓度。与昆虫性信息素一样，我国对于植物化合物的很多研究，只是以研究为主，田间应用方面还有很大差距。

近年来，国际昆虫生理与生态中心（International Centre of Insect Physiology and Ecology, ICIPE）致力于“推—拉”（push-pull）害虫综合治理技术的研究，并在农业资源匮乏的地区进行了大面积的推广。为探讨“推—拉”技术在农业害虫综合治理中的应用，我国植保科技人员也开展了相关的研究工作。麦田中，间作苜蓿、油菜、豌豆等对小麦蚜虫起到了良好调控作用，优势天敌瓢虫类和蚜茧蜂类均有较高的种群密度，天敌群落的丰富度明显提高，Shannon-Wiener 多样性指数增加，但均匀度下降，同时也增加了天敌控制害虫的稳定性和可持续性。“推—拉”技术不仅可以采取合理作物间作，也可以将植

物源挥发性信息化学物质直接进行田间应用,如在农田中定期释放 E- β -法尼烯,水杨酸甲酯和 6-甲基-5-庚烯-2-酮等信息化学物质,不仅可以有效降低蚜虫的种群密度,还可吸引更多的自然天敌。

我国的主要优势是目前不少实验室经费比较充足,我们的研究更加聚焦在主要农作物和重要农业害虫上,具有更好的应用潜力。不足主要是我国这方面的多数研究属于起步阶段,研究积累不够,低水平重复比较多,创新性不够,研究深度有待提高。

四、昆虫化学生态学学科发展趋势与对策

化学生态学的发展是人类对以化学农药为主要的植物保护手段反思的结果。化学生态学也将会成为 21 世纪植物保护、摆脱对化学合成农药的依赖和实现可持续发展的重要理论基础。昆虫化学生态学,作为一门年轻的交叉学科,逐渐成为昆虫学研究的热点,已取得了许多重要的研究成果,展示了良好的发展前景。植物—害虫—天敌之间营养关系的深入研究,将深刻揭示植物防御的机理,害虫食性选择、演化和行为生理,天敌寄主选择行为和昆虫—植物协同进化等问题,不仅为害虫的综合防治提供新的理论基础,而且提供新的方法和途径。

(一) 发展趋势

1. 分子生物学技术的持续应用

化学生态学研究以阐明生物化学联系机理和实际应用为目的,所应用的具体手段则应随着时代的发展而不断引入新的技术和方法。分子生物学和传统的化学生态学互相结合,使化学生态学的机理研究更加深入。2011 年, Hadacek & Chobot 比照“系统生物学”(systems biology),提出了“系统化学生态学”(systems chemical ecology)的概念,认为在“组学”时代,应用新的观点和方法来研究次生代谢物质的生态作用。

2. 传统化学生态学及其成果应用依然有很大潜力

目前依然有很多实验室进行昆虫信息素鉴定、合成、行为测定和田间应用,许多新昆虫的信息素不断被鉴定出来,为应用奠定了基础;昆虫信息素已经成为害虫预测预报、综合治理的重要组成部分。同时,具有生物活性的植物次生物质的生态功能研究也日益广泛和深入,纯化物质或粗提物在害虫防治中得到了有效应用,利用活性物质为模板合成新的活性更强的生物农药,也成为一种趋势。

3. 生物技术开辟了化学生态学应用的新途径

蚜虫报警信息素的主要成分(反)- β -法尼烯的分离纯化、类似物设计、生物合成

途径研究及其合成酶基因在转基因小麦中的成功表达,标志着分子生物学和生物技术已经和化学生态学有机结合,为昆虫信息素的应用开辟了新的途径,为其他信息化学物质的应用提供了有益的借鉴。随着植物诱导反应机理特别是信号物质的生物合成途径研究的日益深入,通过影响这些重要信号转导途径可以对作物的诱导防御反应进行调控,从而达到对病虫害的绿色治理的目标。

4. 化学感受机理的研究,是目前国际上化学生态学和神经生物学的研究热点之一

越来越多昆虫的化学感受蛋白、信息素结合蛋白基因序列等被鉴定出来,其功能验证也在近些年取得了很多成果。化学物质感受的神经投射部位等神经生物学机理也在不断得到揭示。这些研究不但解释了部分昆虫的取食、产卵、驱避和求偶行为的生化和分子机制,而且可用于阐明昆虫行为、生殖隔离现象的生态机制。依据昆虫化学感受蛋白家族中不同成员的生理功能及其结构,有可能开发出以该家族成员为靶标的昆虫行为干扰因子,通过调控害虫行为、干扰其正常生理活动,最终达到防治害虫的目的。根据化学感受机理研究所揭示的规律,设计相应基因靶标的干扰因子,相信应该成为昆虫化学生态学新的研究方向。

5. 植物地上地下部分诱导反应的协调性研究

这是近些年值得关注的研究方向之一。以往研究植食者取食后诱导植物防御反应,只关注植物地上部分的局部或系统诱导反应及其生化或分子机理,现在人们开始研究植物地上和地上部分同时或分别受害后的相互影响,这使植物诱导反应机理的研究更加符合实际,而且也证明了植物诱导反应的系统性和复杂性,也是研究昆虫—植物协同进化的极好模式。

6. 微生物化学生态学与昆虫化学生态学相互促进

研究证明,昆虫利用微生物释放的挥发性化学物质作为识别寄主是否适宜及辨别病菌存在的信号物质,病毒—介体昆虫—植物相互影响并协同进化,而昆虫体内的共生菌在昆虫对付有毒植物次生物质、传播病毒等方面发挥着重要作用。因此,微生物化学生态学与昆虫化学生态学相结合的研究,可以为揭示自然界复杂的生态规律、化学相互作用规律、生物协同进化规律提供丰富的实验例证,同时可以为有害昆虫和植物病毒病的有效治理、抗病虫作物的选育、生物农药的研发等奠定理论基础和指明方向。

(二) 对策建议

1. 系统进行昆虫化学感受机理和化学信息的生态功能的基础研究

以我国重要经济昆虫家蚕和重要农业害虫棉铃虫等为研究对象,系统开展嗅觉和味觉基因挖掘和功能鉴定工作,并深入揭示嗅觉和味觉识别的机制,为深入开发重要资源昆虫

和控制重要农业害虫的猖獗为害提供理论基础。应用转基因技术研究植物与昆虫相互作用的机理。随着生物活性评价模型的完善及其实验技术的进步,通过细胞模式探讨活性成分作用机理的研究日益受到重视,在细胞水平探索植物化学信息物质对昆虫的毒杀活性和作用机理,为筛选新型作用机制的生物合理农药、研究高效植物源物质杀虫作用机制提供可靠的科学依据。了解植物气味与昆虫性信息素协同作用的机理可为进一步开发更有效的性信息素诱捕器奠定基础。

2. 开展昆虫性信息素和其他信息化学物质的应用研究

鼓励更多实验室开展昆虫信息素合成途径的研究,并把研究成果应用到害虫防治中,比如将信息素合成酶基因转到作物中。此外,目前开展的国家行业专项“昆虫性信息素合成和缓释技术研究”等,会在很大程度上推动我国昆虫性信息素方面的研究和应用,届时会有更多的昆虫性信息素研究和应用成果。

昆虫对寄主植物气味的引诱反应可被非寄主植物气味的加入所打破,昆虫对某些非寄主植物可表现驱避反应,这就为间作套种防治害虫提供了理论依据。加强以下几方面研究:①信息素生物学和生态学研究,包括信息素合成与释放机制、信息素的生态学功能和生态学机制;②昆虫生殖生态学研究,这是有效控制种群大小的理论基础;③昆虫对化学指纹图谱的识别机制,视觉、嗅觉和触觉等的作用范围、强度、方式、转化机制及协同作用机制;④加强信息素与不育剂、细菌、病毒等生物制剂配合使用研究,扩大信息素的应用范围和治虫效果,利用多种信息素强化多种天敌调控虫害种群的力度。

3. 加强国内外交流与合作

在研究和应用机制上,加强国内同行间的合作与交流,特别要加强生物学家和化学家的合作,形成“生物学家发现现象—化学家提取鉴定化学物质—生物学家进行生物测定—化学家进行有效化合物的合成—生物学家进行行为测定和田间应用”的良性循环。努力把昆虫化学生态学的一些重要科学问题列入国家的一些重大研究计划(如“973”,国家自然科学基金重大项目等)中,进一步推动该领域的研究。

参 考 文 献

- [1] Zhang Y F, Huang L Q, Ge F, et al. Tarsal taste neurons of *Helicoverpa assulta* (Guenée) respond to sugars and amino acids, suggesting a role in feeding and oviposition [J]. *J Insect Physiol*, 2011, 57: 1332-1340.
- [2] Yu Y, Zhou S, Zhang S, et al. Fine structure of the sensilla and immunolocalisation of odorant binding proteins in the cerci of the migratory locust, *Locusta migratoria* [J]. *J Insect Sci*, 2011, 11: 50.
- [3] 李科明, 张永军, 吴孔明, 等. 中红侧沟茧蜂触角超微结构 [J]. *中国农业科学*, 2012, 45: 3522-3530.
- [4] 吴琼, 吴绍平, 陈辉. 华山松大小蠹感受器的类型和分布 [J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2012, 40: 106-112.

- [5] 郑丽霞, 肖婷婷, 吴伟坚, 等. 柑橘粉虱触角感器的扫描电镜观察 [J]. 果树学报, 2011, 28: 344–347.
- [6] 赵红盈, 王志英, 高宇. 密点曲姬蜂触角感觉器的扫描电镜观察 [J]. 中国农业科学, 2012, 45: 3213–3221.
- [7] Wang P Y, Zhang Z, Kong X B, et al. Antennal morphology and sensilla ultrastructure of three *Tomicus* species (Coleoptera: Curculionidae, Scolytinae) [J]. *Microsc Res Tech*, 2012, 75: 1672–1681.
- [8] Zhang S, Zhang Z, Kong X, et al. Sexual dimorphism in antennal morphology and sensilla ultrastructure of *Dendrolimus tabulaeformis* Tsai et Liu (Lepidoptera: Lasiocampidae) [J]. *Microsc Res Tech*, 2013, 76: 50–57.
- [9] Zhang S F, Zhang Z, Kong X B, et al. External morphology of *Trichogramma dendrolimi* Matsumura (hymenoptera: Trichogrammatidae) organ and ultrastructure of the sensilla [J]. *Microsc Res Tech*, 2012, 75: 1513–1521.
- [10] Liu Y, Gu S, Zhang Y, et al. Candidate olfaction genes identified within the *Helicoverpa armigera* antennal transcriptome [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7: e48260.
- [11] Wang G, Vasquez G M, Schal C, et al. Functional characterization of pheromone receptors in the tobacco budworm *Heliothis virescens* [J]. *Insect Mol Biol*, 2011, 20: 125–133.
- [12] Guo H, Huang L Q, Pelosi P, et al. Three pheromone-binding proteins help segregation between two *Helicoverpa* species utilizing the same pheromone components [J]. *Insect Biochem Mol Biol*, 2012, 42: 708–716.
- [13] Sun Y L, Huang L Q, Pelosi P, et al. A lysine at the C-terminus of an odorant-binding protein is involved in binding aldehyde pheromone components in two *Helicoverpa* species [J]. *PLoS ONE*, 2013, 8: e55132.
- [14] Liu N Y, He P, Dong S L. Binding properties of pheromone-binding protein 1 from the common cutworm *Spodoptera litura*. *Comp. Biochem. Physiol., B*, 2013, 161 (4): 295–302.
- [15] Liu S J, Liu N Y, He P, et al. Molecular characterization, expression patterns, and ligand-binding properties of two odorant-binding protein genes from *Orthaga achatina* (Butler) (Lepidoptera: Pyralidae). *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*, 2012, 809 (3): 123–139.
- [16] Liu N Y, Liu C C, Dong S L. Functional differentiation of pheromone-binding proteins in the common cutworm *Spodoptera litura*. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part A*, 2012, 165 (2): 254–262.
- [17] Zeng F F, Sun X, Dong H B, et al. Analysis of a cDNA library from the antenna of *Cnaphalocrocis medinalis* and the expression pattern of olfactory genes [J]. *Biochem Biophys Res Commun*, 2013, 433: 463–469.
- [18] Yin J, Feng H, Sun H, et al. Functional analysis of general odorant binding protein 2 from the meadow moth, *Loxostege sticticalis* L. (Lepidoptera: Pyralidae) [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7: e33589.
- [19] Zhang Y N, Jin J Y, Jin R, et al. Differential expression patterns in chemosensory and non-chemosensory tissues of putative chemosensory genes identified by transcriptome analysis of insect pest the purple stem borer *Sesamia inferens* (Walker) [J]. 2013. *PLoS ONE*, 8 (7): e69715.
- [20] Zhou X H, Ban L P, Iovinella I, et al. Diversity, abundance, and sex-specific expression of chemosensory proteins in the reproductive organs of the locust *Locusta migratoria manilensis* [J]. *Biol Chem*, 2013, 394: 43–54.
- [21] Deng S, Yin J, Zhong T, et al. Function and immunocytochemical localization of two novel odorant-binding proteins in olfactory sensilla of the scarab beetle *Holotrichia oblita* Faldermann (Coleoptera: Scarabaeidae) [J]. *Chem Senses*, 2012, 37: 141–150.
- [22] Li H, Zhang G A, Wang M Q. Chemosensory protein genes of *Batocera horsfieldi* (Hope): identification and expression pattern [J]. *Journal of Applied Entomology*, 2012, 136: 781–792.
- [23] Zhong T, Yin J, Deng S, et al. Fluorescence competition assay for the assessment of green leaf volatiles and trans-beta-farnesene bound to three odorant-binding proteins in the wheat aphid *Sitobion avenae* (Fabricius) [J]. *J Insect Physiol*, 2012, 58: 771–781.
- [24] Hua J F, Zhang S, Cui J J, et al. Identification and binding characterization of three odorant binding proteins and one chemosensory protein from *Apolygus lucorum* (Meyer-Dur) [J]. *J Chem Ecol*, 2012, 38: 1163–1170.
- [25] He P, Zhang J, Liu N Y, et al. Distinct expression profiles and different functions of odorant binding proteins in

- Nilaparvata lugens* Stål [J]. 2011. PLoS ONE, 6 (12): e28921.
- [26] Zhang H J, Anderson A R, Trowell S C, et al. Topological and functional characterization of an insect gustatory receptor [J]. PLoS ONE, 2011, 6: e24111.
- [27] 张雪凝, 汤清波, 蒋金炜, 等. 棉铃虫幼虫中栓锥感器对肌醇和糖类的电生理反应 [J]. 河南农业大学学报, 2011, 45: 79-85.
- [28] 范佳, Vandermoten S, Francis F, 等. 枫长镰管蚜气味结合蛋白 OBP3 的 cDNA 克隆和序列分析及其成虫嗅觉行为反应测定 [J]. 昆虫学报, 2011, 54: 975-981.
- [29] Kong X B, Sun X L, Wang H B, et al. Identification of components of the female sex pheromone of the Simao pine caterpillar moth, *Dendrolimus kikuchii* Matsumura [J]. J Chem Ecol, 2011, 37: 412-419.
- [30] Kong X B, Liu K W, Wang H B, et al. Identification and behavioral evaluation of sex pheromone components of the Chinese pine caterpillar moth, *Dendrolimus tabulaeformis* [J]. PLoS ONE, 2012, 7: e33381.
- [31] Du M, Zhang S, Zhu B, et al. Identification of a diacylglycerol acyltransferase 2 gene involved in pheromone biosynthesis activating neuropeptide stimulated pheromone production in *Bombyx mori* [J]. J Insect Physiol, 2012, 58: 699-703.
- [32] Wang H L, Lienard M A, Zhao C H, et al. Neofunctionalization in an ancestral insect desaturase lineage led to rare Delta6 pheromone signals in the Chinese tussah silkworm [J]. Insect Biochem Mol Biol, 2010, 40: 742-751.
- [33] Ding B J, Lienard M A, Wang H L, et al. Terminal fatty-acyl-CoA desaturase involved in sex pheromone biosynthesis in the winter moth (*Operophtera brumata*) [J]. Insect Biochem Mol Biol, 2011, 41: 715-722.
- [34] Zhang S, Wei J, Kang L. Transcriptional analysis of *Arabidopsis thaliana* response to lima bean volatiles [J]. PLoS ONE, 2012, 7: e35867.
- [35] Zhou G, Wang X, Yan F, et al. Genome-wide transcriptional changes and defence-related chemical profiling of rice in response to infestation by the rice striped stem borer *Chilo suppressalis* [J]. Physiol Plant, 2011, 143: 21-40.
- [36] Lu J, Ju H P, Zhou G X, et al. An EAR-motif-containing ERF transcription factor regulates herbivore-induced signaling, defense and resistance in rice [J]. Plant Journal, 2011, 68: 583-596.
- [37] Qi J, Zhou G, Yang L, et al. The chloroplast-localized phospholipases D alpha4 and alpha5 regulate herbivore-induced direct and indirect defenses in rice [J]. Plant Physiol, 2011, 157: 1987-1999.
- [38] Xin Z, Yu Z, Erb M, et al. The broad-leaf herbicide 2, 4-dichlorophenoxyacetic acid turns rice into a living trap for a major insect pest and a parasitic wasp [J]. New Phytol, 2012, 194: 498-510.
- [39] Tong X, Qi J, Zhu X, et al. The rice hydroperoxide lyase OsHPL3 functions in defense responses by modulating the oxylipin pathway [J]. Plant J, 2012, 71: 763-775.
- [40] Ye M, Luo S M, Xie J F, et al. Silencing CO11 in rice increases susceptibility to chewing insects and impairs inducible defense [J]. PLoS One, 2012, 7: e36214.
- [41] Ye M, Song Y Y, Long J, et al. Priming of jasmonate-mediated anti-herbivore defense responses in rice by silicon [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2013, in press.
- [42] Song Y Y, Ye M, Li C Y, et al. Priming of anti-herbivore defense in tomato by arbuscular mycorrhizal fungus and involvement of the jasmonate pathway [J]. Journal of Chemical Ecology, 2013, 39 (7): 1036-1044.
- [43] Lu P F, Huang L Q, Wang C Z. Identification and field evaluation of pear fruit volatiles attractive to the oriental fruit moth, *Cydia molesta* [J]. J Chem Ecol, 2012, 38: 1003-1016.
- [44] Zhai Q, Yan L, Tan D, et al. Phosphorylation-coupled proteolysis of the transcription factor MYC2 is important for jasmonate-signaled plant immunity [J]. PLoS Genetics, 2013, 9: e1003422. doi: 1003410.1001371/ journal.pgen.1003422.
- [45] Yu X D, Pickett J, Ma Y Z, et al. Metabolic engineering of plant-derived (E)-beta-farnesene synthase genes for a novel type of aphid-resistant genetically modified crop plants [J]. J Integr Plant Biology, 2012, 54: 282-299.
- [46] Han B Y, Zhang Q-H & Byers JA. Attraction of the tea aphid, *Toxoptera aurantii*, to combinations of volatiles and colors related to tea plants [J]. Entomologia Experimentalis et Applicata, 2012, 144: 258-269.

- [47] Mu D, Cui L, Ge J, Wang M X, et al. Behavioral responses for evaluating the attractiveness of specific tea shoot volatiles to the tea green leafhopper, *Empoasca vitis* [J]. Insect Science, 2012, 19 (2): 229–238
- [48] Luo S L, Zhuge P P, Wang M Q. Mating behavior and contact pheromones of *Batocera horsfieldi* (Hope) (Coleoptera: Cerambycidae) [J]. Entomological Science, 2011, 14: 359–363.
- [49] Zhou H B Use of intercropping and infochemical releasers to control aphids in wheat [D]. Gembloux: University of Liege, 2012.
- [50] Cui F, Li J, Ding A, et al. Conditional QTL mapping for plant height with respect to the length of the spike and internode in two mapping populations of wheat [J]. Theor Appl Genet, 2011, 122: 1517–1536.
- [51] Sun Y F, De Biasio F, Qiao H L, et al. Two odorant-binding proteins mediate the behavioural response of aphids to the alarm pheromone (E)- β -farnesene and structural analogues [J]. PLoS One, 2012, 7: e32759.
- [52] Cui L L, Francis F, Heuskin S, et al. The functional significance of E- β -Farnesene: does it influence the populations of aphid natural enemies in the fields [J]. Biological Control, 2012, 60: 108–112.
- [53] Christensen S, Nemchenko A, Borrego E, et al. The maize lipoxygenase, ZmLOX10, mediates green leaf volatile, jasmonate, and herbivore-induced plant volatile production for defense against insect attack [J]. The Plant Journal, 2013, 74: 59–73.
- [54] Hadacek F, Chobot V. New synthesis—systems chemical ecology [J]. J Chem Ecol, 2011, 37: 1165.
- [55] Khan Z, Midega C, Pitchar J, et al. Push-pull technology: a conservation agriculture approach for integrated management of insect pests, weeds and soil health in Africa: UK government's Foresight Food and Farming Futures project. [J] International Journal of Agricultural Sustainability, 2011, 9: 162–170.
- [56] Zhao X C, Tang Q B, Berg B G, et al. Fine structure and primary sensory projections of sensilla located in the labial-palp pit organ of *Helicoverpa armigera* (Insecta) [J]. Cell Tissue Res, 2013, 353: 399–408.
- [57] Davis T S, Crippen T L, Hofstetter R W, et al. Microbial volatile emissions as insect semiochemicals [J]. Journal of Chemical Ecology, 2013, 39 (7): 840–859.
- [58] Casteel C L, Jander G. New synthesis: investigating mutualisms in virus-vector interactions [J]. Journal of Chemical Ecology, 2013, 39 (7): 809.

撰稿人：闫凤鸣 陈巨莲 张永军 汤清波 周海波

生物防治学学科发展研究

一、引言

生物防治学科是研究利用生物和生物的代谢产物来控制有害生物的一门科学。它所利用的对象存在于自然界之中，与有害生物是一种相生相克的制约关系，因此由生物防治研究产生的生物防治技术与环境的和谐性较高，是一种环境友好型植保技术。生物防治学科的研究可为解决农业可持续发展中的环境与生态问题，为提高农业效益、增加农产品国际市场竞争能力、改善农业生态环境提供科学支撑。生物防治学科的特点符合环境保护与安全生产的需求，近年来得到国家的重视与支持。一些重要生物防治研究课题获得科技部、农业部等国家部委和自然科学基金立项。

2012年“973”计划批准了“天敌昆虫控制害虫机制及可持续利用研究”项目，项目由浙江大学主持陈学新教授为首席科学家，参加单位有中国农业科学院植物保护研究所、中国科学院动物研究所、中国农业大学、北京市农林科学院、华南农业大学、中山大学、西北农林科技大学等。本项目在系统地总结国内外研究进展的基础上，提出了害虫治理要从“被动应急控制”转变为内部助增的“主动促进自然调控”的新理念，旨在创新多种天敌昆虫协同控制多种害虫的“网式协同调控”新途径，建立一个自我维持并可有效降低害虫种群水平的农业生态系统。项目将针对“天敌昆虫调控害虫的内在机制”与“天敌昆虫在农业生态系统中持续发挥作用的生态学基础”两个关键科学问题，从基因、个体、种群、群落和生态系统不同层次，重点开展：①天敌昆虫寄生和捕食害虫的行为与适应机制；②天敌昆虫大量繁育的营养与生殖生理基础；③寄生性天敌昆虫与寄主互作的免疫机制；④天敌昆虫协同控害的生态学机制；⑤天敌昆虫可持续利用的生物防治新模式等方面的研究。

2012年获准的“973”计划项目还有“农作物重要病原线虫生物防控的基础研究”，项目由云南大学主持，张克勤教授为首席科学家，参加单位有中国科学院微生物研究所、中国农业科学院植物保护研究所、中国农业大学、华南农业大学、华中农业大学、中国热带农业科学院等。项目将以根结线虫和孢囊线虫为对象，从分子水平开展线虫侵染作物与作物应答、微生物侵染线虫与线虫防御以及植物病原线虫生物防控的生态学研究，发展植

物病原线虫生物防控的基础理论，建立一支有国际影响的作物病原线虫生物防控研究队伍，提升我国作物病原线虫生物防控的国际地位和竞争力，为我国农业生产可持续发展提供支撑。

国家公益性行业（农业）科研专项也十分重视生物防治领域的立项，目前在研的行业项目有：由西北农林科技大学张兴主持的“生物源农药创制与技术集成及产业化开发”（2009—2013）、中国农业科学院植保所徐学农主持的“捕食螨繁育与大田应用技术”（2009—2013）、中国农业科学院植保所陈红印主持的“新种植模式下病虫害生物防治主打型新技术研究”（2011—2015）、2013年批准的由北京农林科学院环保植保所张帆主持的“优势天敌资源保护利用关键技术研究”。“生物源农药创制与技术集成及产业化开发”行业项目已进行了5年，此课题针对我国生物源农药品种单一、药效不稳、研发与转化脱节、产业化程度低下、推广体系不健全、产品质量标准和环境安全性评价体系建设滞后等实际问题开展研究，初步建成了具有农药活性的生物资源库，标准化生物源农药的质量评价体系和环境安全性评价体系，开展了新型生物源农药创制、工程化配套及应用技术体系的研究。开发出了一批高效、环保、安全的生物源农药新品种，已取得阶段性的研究成果。

生物防治科技工作者珍惜学科迎来的大好发展机会，努力工作，取得了丰硕成果。近年来国家科技进步奖的奖项中都有生物防治领域的奖项。由华南农业大学徐汉虹主持的“鱼藤酮生物农药产业体系的构建及关键技术集成”、由福建农林大学关雄主持的“细菌农药新资源及产业化新技术新工艺研究”、中国农业大学王琦主持的“芽胞杆菌生物杀菌剂的研制与应用”都荣获国家科学技术进步奖二等奖。

“鱼藤酮”项目建立了中国鱼藤酮资源植物种质资源库，选育驯化出高品质品种，构建质量标准体系及种质技术规程，使鱼藤酮原材料生产走上规模化和标准化的产业化道路。分离鉴定出系列鱼藤酮类化合物，丰富杀虫先导化合物库，明确鱼藤酮类化合物杀虫谱、作用方式和对SL细胞的增殖抑制作用机理，发现新杀虫作用机理，结构修饰出系列化合物。“细菌农药”项目建立了拥有国内分离获得的6787株杀虫微生物、1100株植物病原拮抗细菌的微生物源农药功能菌种资源库，其中高效菌株8010、TS16、Bt27、Bt28等成为国内企业应用主要生产菌株；通过基因工程构建了同时具有杀虫、防病、促生及可在植物体内系统定殖的多功能工程菌；建立以陶瓷膜滤为基础的高效工业化生产Bt技术体系，推进了Bt传统产业升级改造。“芽胞杆菌”项目明确了生防菌主要产生表面活性素、伊枯草菌素和丰产素等脂肽类物质和抑菌蛋白对病原菌产生抑制作用，同时有效定殖在作物根部和叶面，起到营养竞争和保护作用。完成了生防芽胞杆菌50吨规模的发酵工艺和后处理工艺，研制出应用于不同作物上的可湿性粉剂、颗粒剂和水剂剂型。为生防杀菌剂创制、规模化制造和商业化应用奠定了重要基础，为植物病害生防制剂的研制开辟了一条新的途径。国内外首次登记了益微微生态制剂和防治棉花黄萎病的微生物杀菌剂“10亿芽胞/克枯草芽胞杆菌可湿性粉剂”，还登记了3种生物杀菌剂。

生物防治技术成为病虫害持续控制的不可缺少的关键技术，在有关植物保护领域国家

科技进步奖获奖的项目中,生物防治领域研究与应用技术都成为奖项的重要组成部分。福建农林大学尤民生等获得的2011年国家科技进步奖“十字花科蔬菜主要害虫灾变机理及其持续控制关键技术”项目中,其获奖内容包含昆虫性信息素持续控制十字花科蔬菜主要害虫的关键技术。2012年湖南人文科技学院柏连阳主持的获2012年国家科技进步奖的“水田杂草安全高效防控技术研究与应用”项目中,中国水稻所余柳青研究团队的用稗草基质生产稗草生防菌禾长蠕孢菌孢子的方法及应用也是该项目的重要内容。可见生物防治的功能已得到植保界的认可,并将其纳入绿色防控不可缺少的技术。

二、生物防治学科主要研究进展

(一) 害虫生物防治研究与应用进展

1. 寄生蜂的研究与应用

天敌昆虫是自然生态系统内抑制害虫种群的重要因子,利用天敌昆虫控制农业害虫是安全有效的害虫控制策略之一,也是未来害虫管理发展的方向。在未被干扰的自然环境里,害虫和天敌之间维持着一种相对平衡,彼此相互依赖和制约,一旦这种相对平衡被打破,害虫就失去了制约因子而猖獗危害。天敌昆虫的繁殖利用正是为维系这种平衡而产生的防治方法,因为它无污染、无残留,具有经济高效的优点,成为IPM的重要组成部分,备受各国政府及生防工作者的青睐。

农林牧业中寄生蜂群体相当复杂,大多种群对于农林牧业都是有益的。其生活中都有一个或者几个阶段寄生在其他昆虫中,它们是农林牧业重大害虫的天敌,也是其他许多潜在害虫的天敌,因而寄生蜂对控制潜在害虫的暴发、维护生态平衡发挥了重要作用。国内至今研究较多、利用较成功的寄生蜂种类有:赤眼蜂、平腹小蜂、实蝇茧蜂、管氏肿腿蜂、花角蚜小蜂、周氏啮小蜂、丽蚜小蜂、斑潜蝇茧蜂、蚜茧蜂、缨小蜂等。应用寄生蜂控制重要害虫的生物防治对象主要有20多种,如橘小实蝇(*Bactrocera dorsalis*)、荔枝蝽(*Tessaratoma papillosa*)、美洲斑潜蝇(*Liriomyza sativae*)、南美斑潜蝇(*Liriomyza huidobrensis*)、美国白蛾(*Hyphantria cunea*)、烟粉虱(*Bemisia tabaci*)、松突圆蚧(*Hemiberlesia pitysophila*)、玉米螟(*Ostrinia fumacalis*)、椰心叶甲(*Brontispa longissima*)、烟蚜(桃蚜)(*Myzus persicae*)等。

(1) 橘小实蝇寄生蜂

橘小实蝇(*Bactrocera dorsalis*)是近十多年传入我国而迅速传播,为害猖獗,损失严重的灾害性外来害虫,我国柑橘、芒果、杨桃、番石榴、木瓜、香蕉、枇杷、龙眼、荔枝、桃、李等受害损失严重。其为害作物达46科,250多种水果、蔬菜、肉质花卉和野生植物。自20世纪90年代中期以来,在我国东南和西南诸省多采取化学防治为主的防治措施,不仅无法有效控制,而且迅速蔓延,至今福建、广东、江西、浙江、湖南、湖北、云

南、贵州、四川、海南等长江以南十余个省份都有该虫危害。据国外成功防治经验，应用橘小实蝇茧蜂并配合不育、无公害蛋白饵剂等生物防治为主的综合措施是有效的控制途径。

福建农林大学益虫研究所陈家骅的科研团队自 2000 年开始对橘小实蝇的生物防治开展了系列研究，特别在从国外引种和本土挖掘橘小实蝇寄生蜂方面做了大量的工作。目前收集和引进应用于橘小实蝇防治效果较佳的寄生蜂主要有：阿里山潜蝇茧蜂（*Fopius arisanus*）、切割潜蝇茧蜂（*Psytalia incise*）、布氏潜蝇茧蜂（*Fopius vandenboschi*）、长尾潜蝇茧蜂（*Diachasmimorpha longicaudata*）和长柄佣小蜂（*Spalangia longetiolata*）。

阿里山潜蝇茧蜂主要产卵寄生在实蝇卵期，它发育至蛹期方羽化，为卵—蛹的跨期寄生蜂。美国夏威夷曾引进防治橘小实蝇获得成功，建立了自然种群并已成为当地优势种。在考艾岛对实蝇幼虫寄生蜂中占 95.1%，在法属玻利西亚岛，自 2000 年释放后至 2006 年田间实蝇种群数量下降了 75.6%。近几年来在福建省田间应用寄生率可达 70% 左右。

切割潜蝇茧蜂是我国本地优势种，在福建省果园内对橘小实蝇的自然寄生率可达 20%，它是寄生中龄（2 ~ 3 龄）幼虫为主。布氏潜蝇茧蜂主要寄生低龄（2 龄）为主，而长尾潜蝇茧蜂主要寄生 3 龄幼虫。

布氏潜蝇茧蜂主要寄生橘小实蝇幼虫，可识别实蝇幼虫已被阿里山潜蝇茧蜂产卵寄生，而不再重复产卵寄生。故两种寄生蜂可先后释放分别控制实蝇卵期和幼虫期。而长尾蜂潜蝇茧蜂和切割潜蝇茧蜂不能识别实蝇幼虫是否已被阿里山潜蝇茧蜂寄生，故无选择产卵习性。

福建农林大学益虫研究所对橘小实蝇寄生效果甚佳的阿里山潜蝇茧蜂，布氏潜蝇茧蜂，长尾潜蝇茧蜂及切割潜蝇茧蜂在进行了系统生物学和生态学研究基础上，研究成功人工大量繁殖的技术，现可大批量人工培养以上 4 种寄生蜂并应用于田间释放。

阿里山潜蝇茧蜂是目前田间释放防控实蝇主要的寄生蜂，它是一种卵寄生蜂，田间寄生率较高。由于阿里山潜蝇茧蜂产卵在实蝇卵期，故放蜂期应选择实蝇产卵初始期，每 7 ~ 10d 放蜂 1 次，直至产卵末期。若是保果放蜂可选择果实初变色期释放寄生蜂，每次放蜂量与田间实蝇虫口量以 1 : 1 为宜。各放蜂点距离 30m。可释放成蜂或释放被寄生的蛹（即将羽化的蜂蛹卡），成蜂放蜂前应供饲 15% 蜂蜜水或将蜜水涂抹在蜂蛹卡或放蜂筒口处以供成蜂补充营养，延长蜂寿命。

（2）斑潜蝇寄生蜂

斑潜蝇属潜蝇科（Agromyzidae）斑潜蝇属（*Liriomyza*），全世界已知 300 多种，主要分布于温带地区。绝大多数种类以潜叶方式取食为害植物，其中具有重要经济意义的多食性种类有 10 余种，但为害严重的有 4 种，分别为：美洲斑潜蝇（*Liriomyza sativae*）、南美斑潜蝇（*Liriomyza huidobrensis*）、三叶草斑潜蝇（*Liriomyza trifolii*）和番茄斑潜蝇（*Liriomyza bryoniae*）。其寄主范围可达 14 ~ 29 个科上百种植物，是世界上许多国家和地区蔬菜、瓜类、花卉、烟草及某些中药材的重要害虫，有些种类是世界公认的检疫害虫。

我国 1993 年在海南首次发现美洲斑潜蝇严重为害，1994 年又在云南发现南美斑潜蝇严重为害。目前，我国大部分地区都发生了斑潜蝇为害，并对蔬菜业、花卉业和烟草业造

成严重的危害，已成为农业生产上最突出的问题之一。

在自然界，斑潜蝇存在着大量的寄生性天敌。据 Lasalle 等的调查，目前已知斑潜蝇的寄生性天敌有 40 多种，主要是姬小蜂科 (Eulophidae)、茧蜂科 (Braconidae)、金小蜂科 (Pteromalidae)、缨小蜂科 (Cynipidae)。

我国 1998 年才开始有斑潜蝇寄生性天敌种类的相关报道，至今已鉴定 4 科 14 属 32 种，以姬小蜂和茧蜂为主。近年来，我们对国内斑潜蝇寄生蜂种类进行了系统调查，发现其种类非常丰富。

黄居昌等在福建对冈崎姬小蜂的主要生物学特性进行了研究，其中包括交配、取食、寄生、羽化、趋性、性比、越冬、不同营养条件及不同光照时数对成蜂寿命的影响，以及各虫态发育历期。曾玲等在广东研究了寄生性天敌对美洲斑潜蝇的种群控制作用，结果表明，美洲斑潜蝇在秋季花前期菜豆上种群趋势指数为 5.61；寄生性天敌的寄生是影响美洲斑潜蝇自然种群数量增长的重要因子，若排除寄生性天敌的作用，其种群密度将增长为原来的 2.476 倍。

福建农林大学于 2001 年在福建对斑潜蝇的重要寄生蜂——黄色潜蝇茧蜂生物学特性进行了初步研究。结果表明，黄色潜蝇茧蜂是南美斑潜蝇的主要寄生性天敌，寄生率达 7% ~ 66%。2003 年高连喜等人对黄色潜蝇茧蜂发育起点温度和有效积温的研究；2004 年，对黄色潜蝇茧蜂寄生功能反应的研究。

喻泽懿等在贵州对斑潜蝇寄生天敌进行了详细调查，发现潜蝇茧蜂为贵州省斑潜蝇蛹期的天敌优势种 (*Opins* spp.)，约占寄生蜂总量的 98%，姬小蜂类占 2% 左右。贵阳市植保站室内饲养 3113 头南美斑潜蝇蛹，潜蝇茧蜂平均寄生率为 28.2%。据各点田间调查，寄生率可达 5.0% ~ 28.2%，个别地区高达 50% 以上；而且寄生时期长，在贵阳 4 ~ 10 月均可见，6 ~ 9 月为盛期，越冬蛹内寄生率仍较高。一般来说，新菜区或检疫性斑潜蝇初发区天敌寄生率较低，老菜区和斑潜蝇发生较早的地区寄生率比较高。寄生蜂对贵州省检疫性斑潜蝇的发生为害起着不可忽视的自然控制作用。

1996 年，我国从荷兰引进了斑潜蝇的优良天敌——豌豆潜蝇姬小蜂 (*Diglyphus isaen*) (该蜂在欧美很多国家已广泛用于美洲斑潜蝇的防治，效果良好)，引进该蜂之后，在矮生菜豆上大量饲养美洲斑潜蝇的实验，繁殖这种姬小蜂，获得成功。谌爱东等用南美斑潜蝇作寄主繁殖豌豆潜蝇姬小蜂；陈红印用美洲斑潜蝇作寄主繁殖豌豆潜蝇姬小蜂，矮生菜豆作寄主植物，每只接蜂箱可收获健壮成蜂 216 只。在我国，由于菜豆是主要被害作物之一，而美洲斑潜蝇则是为害菜豆的优势种，为此，寄主植物与寄主转换成功对将来该蜂在生产中的应用具有重要意义，值得进一步研究和推广应用。

(3) 烟粉虱寄生蜂

烟粉虱 (*Bemisia tabaci*) 是热带和亚热带地区主要害虫之一，在世界 90 多个国家和地区均有分布。20 世纪 40 年代该虫在我国就有记载，但随着近年来该虫生物型 B 型的入侵和在我国快速传播以及抗药性的不断增强，烟粉虱已成为我国蔬菜、园林花卉和棉花等经济作物上的一种主要害虫。烟粉虱除吸食寄主汁液、蜜露污染寄主叶面等直接为害

外,更严重的是能传播 200 多种植物病毒,每年烟粉虱造成经济损失全球超 3 亿美元。

烟粉虱寄生蜂种类丰富,但应用到生物防治上的种类还较少,主要是因为对其形态学、生物学、生态学等方面的了解还不够深入。据不完全统计,在世界范围内,烟粉虱上有 50 多种寄生蜂,其中恩蚜小蜂属 (*Encarsia*) 35 种、桨角蚜小蜂属 (*Eretmocerus*) 15 种、棒小蜂属 (*Signiphora*) 2 种、阔柄跳小蜂属 (*Metaphycus*) 1 种、埃宓细蜂属 (*Amitus*) 3 种等,对其中的 11 种恩蚜小蜂和 8 种桨角蚜小蜂做过部分生物学或生态学研究。国内对烟粉虱寄生蜂的资源调查、分类、生物学及利用研究尚少。黄建等记录了国内寄生粉虱、蚜虫和介壳虫的蚜小蜂共 17 属 93 种;Ren 等报道国内已记录的寄生烟粉虱的蚜小蜂有 18 种;邱宝利等采集和鉴定了广东省内寄生烟粉虱的蚜小蜂 6 种,其中恩蚜小蜂属 4 种、桨角蚜小蜂属 2 种。目前我国文献记载共有寄生烟粉虱的寄生蜂 20 种,其中恩蚜小蜂属 15 种、桨角蚜小蜂属 5 种。

恩蚜小蜂和桨角蚜小蜂是粉虱类昆虫的最重要天敌类群。恩蚜小蜂为单寄生性内寄生蜂,Abd-Rabou 报道,丽蚜小蜂对烟粉虱的控制效果明显,寄生率可达 83%。Gerling 等研究了天敌和其他环境因子对粉虱 (*Siphoninus phillyreae*) 种群动态的影响,探讨了恩蚜小蜂 (*En. inaron*) 对该粉虱控制的有效性和用于生物防治的可能性。桨角蚜小蜂仅寄生于粉虱类昆虫,和恩蚜小蜂一样,被广泛应用于粉虱的生物防治。Jones 和 Greenberg 对蒙氏桨角蚜小蜂 (*Er. mundus*) 寄生银叶粉虱 (*Bemisia argentifolii*) 的适合性进行了研究,结果表明该蜂对 2 龄若虫的寄生率最高,其存活率和羽化率也最高,但寄生 1 龄若虫时发育时间最长。De Barro 等研究了寄生性天敌—寄主(烟粉虱)—植物三者间的关系,发现蒙氏桨角蚜小蜂和昆士兰桨角蚜小蜂 (*Er. queenslandensis*) 对棉花和硬皮甜瓜上的烟粉虱寄生率最高,番茄上的寄生率最低;当寄生蜂从硬皮甜瓜转移到棉花上时寄生率下降,相反则上升;当烟粉虱密度增加时,寄生率也上升。

我国寄生蜂资源非常丰富,许多种类已在农林牧业害虫的自然控制中发挥着重要作用。但是,由于化学农药的滥用,大量杀死杀伤寄生蜂,导致寄生蜂的控制效能大大降低。因此,加强对有关寄生蜂的生物学、生态学、大量繁殖、田间释放技术的研究,找出有效的保护和利用寄生蜂的措施,充分发挥这些寄生蜂在农林牧业害虫生物防治或生态控制中的作用,是寄生蜂领域长期的工作。

2. 昆虫消化酶的研究与拒食剂的研制

(1) 昆虫消化酶抑制剂的研究

目前,昆虫消化酶抑制剂的基础及应用研究进展,主要体现在新的昆虫消化酶抑制剂的发掘及在防治重要害虫中的应用。国际上 Soares et al. (2013) 通过噬菌体展示技术从伊蚊 (*Aedes aegypti*) 幼虫分离到一特异的丝氨酸蛋白酶抑制剂,为伊蚊的防治提供了新的蛋白酶抑制剂。Alim et al. (2012) 从长角血蜱 (*Haemaphysalis longicornis*) 血细胞中发现一种碱性胰蛋白酶抑制剂,该抑制剂是一种糜蛋白酶抑制剂,其编码基因的沉默能影响血蜱的取食,导致死亡并抑制其繁殖。此外,日本学者 Van et al. (2011) 克隆了

几个类似哺乳动物胰分泌性胰蛋白酶抑制剂，此蛋白酶抑制剂能影响蝗虫消化系统中蛋白质的水解过程。

国内相关研究：中国农业科学院植物保护研究所和福建农林大学等单位的学者也开展了昆虫消化酶抑制剂基础及应用方面的研究。中国农业科学院植物保护研究所曾凡荣研究组已克隆得到了几种昆虫消化酶抑制剂新基因。目前他们通过工程菌株的构建和该新基因的表达，得到了有较好的生物活性，且能抑制蚜虫繁殖和生长的蛋白酶抑制剂蛋白质。同时该蛋白酶抑制剂基因已在烟草中成功表达，得到的转基因烟草植株也表现了较好的抗蚜性。

(2) RNAi 干扰剂的研究

RNA 干扰 (RNA interference, RNAi) 是由双链 RNA (double stranded RNA, dsRNA) 引起的同源 mRNA 特异性降解的现象，小 RNA (siRNA 和 microRNA) 在 RNA 干扰机制中发挥关键作用。近年来，RNAi 技术在害虫生物防治中的应用被进一步拓展和深化。目前研究对象已包括双翅目、鞘翅目、膜翅目、直翅目、蜚蠊目、等翅目、鳞翅目昆虫等，所针对的干扰靶标主要涉及与昆虫胚胎发育相关的间隙基因、跨膜气味受体基因、几丁质酶基因、跨膜转运蛋白基因或羧肽酶基因、己糖转酮子基因、羧肽酶基因和类胰蛋白酶基因等。

通过植物介导的 RNAi 可以防治刺吸式口器害虫，如在水稻中表达跨膜转运蛋白基因或羧肽酶基因 dsRNA，稻褐飞虱取食转基因水稻后，靶标基因表达水平显著下降；另外，中国农业科学院植物保护研究所的科研人员研究表明：在蚜虫人工饲料中加入 *hunchback* 基因 dsRNA，饲喂蚜虫 7 天后，显著降低了蚜虫的存活率。

3. 捕食螨研究与应用

捕食螨成为仅次于寄生蜂的第二大世界天敌产业化类群。我国十分重视捕食螨的研发。特别是最近几年，一些重大科研项目，如“973”、国家自然科学基金、支撑计划、科技基础性工作专项等都涵盖了捕食螨研发的内容。尤其是，公益性行业（农业）科研专项经费项目中第一个单独以天敌立项的，由中国农业科学院植物保护研究所主持的“捕食螨繁育与大田应用技术研究”（2009—2013），更是将捕食螨的研发推到了一个新的发展阶段。该项目执行 5 年来，申请的有关捕食螨及生产方面的国家发明专利 33 项、实用新型专利 11 项，外观设计 2 项。获权专利 19 项，占整个已授权的 61.3%；项目推动了产业化发展，目前捕食螨的生产单位及新成立的与捕食螨相关的公司约 10 家。

(1) 捕食螨资源调查及新品种鉴定

从 2009 年开始对全国如北京、福建、河北、天津、甘肃、贵州、重庆、辽宁、吉林、黑龙江、湖北、湖南、江苏、江西、广西、广东、新疆、山西和安徽等 19 个省（自治区、直辖市）进行了调查，采集捕食螨数十万头，190 余种，制作玻片标本 12000 多个，发现植绥螨科捕食螨 2 新种——鼎湖山新小绥螨和崆峒山真绥螨。

筛选出的捕食螨品种已有 17 种，它们是：智利小植绥螨、鼎湖山新小绥螨、拟长毛

钝绥螨、胡瓜新小绥螨、巴氏新小绥螨、东方钝绥螨、长毛钝绥螨、少毛钝绥螨、江原钝绥螨、武夷钝绥螨、剑毛帕厉螨、茅舍阳厉螨、修长镰螨、尼氏真绥螨、芬兰真绥螨、栗真绥螨和有益真绥螨。

(2) 叶螨的捕食螨研究

针对叶螨的捕食螨种类有：拟长毛钝绥螨、巴氏新小绥螨、尼氏真绥螨、东方钝绥螨等。引进种有智利小植绥螨、胡瓜新小绥螨等。鼎湖山新小绥螨是自主研发的并为本土最重要的叶螨捕食螨。

叶螨的捕食螨研究较为集中在捕食螨对叶螨捕食的功能反应、温度对功能反应的影响、不同温度下的实验种群生命表等。功能反应的文献报道有：胡瓜新小绥螨雌螨对神泽氏叶螨雌螨的、拟长毛钝绥螨对朱砂叶螨的、鼎湖山新小绥螨对朱砂叶螨的；温度对功能反应影响的相关文献报道有：胡瓜新小绥螨雌螨对枇杷上的害螨——比哈小爪螨的若螨、雌螨、雄螨的、巴氏新小绥螨对截形叶螨的。不同温度条件下的实验种群生命表的报道有：加州新小绥螨以二斑叶螨和截形叶螨为食时、斯氏钝绥螨以截形叶螨为猎物以及湖山新小绥螨以朱砂叶螨为食物。此外，崔晓宁（2011）研究了苹果园中叶螨、镰螯螨和芬兰真绥螨三者间的时空动态。

(3) 蓟马的捕食螨研究

生命表、温度及蓟马密度对其生长发育的影响等。王恩东等（2009）研究了释放黄瓜新小绥多种作物上发生蓟马为害。2003年在北京发现西方花蓟马，目前已在多省市发现，危害严重。在化学农药控制其危害效果不佳的现状下，人们寄希望于捕食螨。用以防治西方花蓟马的主要捕食螨品种有巴氏新小绥螨，胡瓜新小绥螨，剑毛帕厉螨，少毛钝绥螨和栗真绥螨等。

吴圣勇等（2009）、吴圣勇（2011）发现栗真绥螨是西方花蓟马一个比较好的本土捕食螨新品种，研究了栗真绥螨的生物学及对西方花蓟马的捕食作用等。在蓟马高密度时栗真绥螨与黄瓜新小绥螨捕食量差异不显著。黄建华等以芦笋上发生的烟蓟马为对象，研究了巴氏新小绥螨对其捕食作用、螨和拟长毛钝绥螨对为害大棚茄子的西方花蓟马及白粉虱的控制作用、释放巴氏新小绥螨以及与挂放诱虫黄板结合防治大棚为害茄子、黄瓜的西花蓟马。王静（2011）研究了球孢白僵菌对巴氏新小绥螨的影响以及两者协同对西花蓟马的控制作用。徐学农等（2012）提出在植株上释放巴氏新小绥螨控制蓟马的初孵若虫、在土表释放剑毛帕厉螨控制蓟马入土化蛹的老熟若虫及蛹、挂放黄、蓝板诱杀蓟马的成虫组成对蓟马的几个虫态的全方位的立体防控技术。此技术的实际应用已达到很好地控制蓟马危害的效果。

(4) 粉虱的捕食螨研究

与叶螨及蓟马的众多捕食螨种类不一样，粉虱的捕食螨到目前开发出来的并不多。荷兰2005年发掘出斯氏钝绥螨，并成为粉虱防治的当家产品。2012年，另一种捕食螨（*Amblydromalus limonicus*）被发掘出来并开始商品化生产。国内尚未发掘出对粉虱十分有效的捕食螨品种，植绥螨科中一些种对粉虱均有一定程度的捕食作用。东方钝绥螨是

一种有潜力的本土种。盛福敬等(2013)研究了东方钝绥螨对粉虱的捕食作用,并开展了在保护地甜椒上防治粉虱的试验,在捕食螨:粉虱成虫为6:1时,防治效果可达到50%左右。

张艳璇等评价了胡瓜新小绥螨对烟粉虱的捕食作用,并研究了大棚茄子上释放时的控制作用以及化学防治与释放胡瓜新小绥螨对大棚茄子上粉虱分布的影响。胡瓜新小绥螨可捕食烟粉虱卵至伪蛹,并对粉虱种群有较好的抑制作用。

除了发掘本土的粉虱捕食螨资源以及开发已有品种对粉虱捕食的新用途外,中国农业科学院植物保护研究所2012年从荷兰引进了斯氏钝绥螨。目前正在评价其与中国本土捕食螨如巴氏新小绥螨、拟长毛钝绥螨等的兼性捕食作用。

(5) 植物线虫的捕食螨研究

随着保护地面积的增大以及作物连作,线虫的问题越来越突出。发掘线虫捕食螨特别是土壤中自由生活的捕食螨品种成为重要的研究内容。国际上报道线虫的捕食螨品种极少,仅限于下盾螨属的个别种,国内做了一些有益的尝试与发掘。周万琴等(2012)发现,采于地表的巴氏新小绥螨可以南方根结线虫为食并能完成生活史,其繁殖能力甚至超过以腐食酪螨为食的。Chen et al.(2012)研究了修长蠃螨对相似穿孔线虫的捕食作用并在盆栽红掌中评价了防控效果。在被1000头线虫感染的盆栽红掌中释放500头捕食螨,经10天后,可使线虫种群减少66%。Xu et al.(2013)在对侵染空心菜的南方根结线虫的防治试验中发现,当每株释放400~500头修长蠃螨时,可将根结线虫数量减少38%。

(6) 木虱的捕食螨研究

张艳璇等(2011b)开展了胡瓜新小绥螨对柑橘木虱的捕食作用以及利用捕食螨搭载白僵菌感染柑橘木虱的橘园试验。结果表明捕食螨对木虱卵、若虫有一定的捕食作用,捕食螨搭载的白僵菌对柑橘木虱各虫态均有很强的致病作用,此项研究为柑橘木虱的生物防治提供了新技术。

(7) 捕食螨基础生物学及生态学研究

捕食螨的基础研究中,如捕食螨的不同种群遗传多样性关系、益螨种类鉴定等方面分子技术得到大量的应用。

姜晓环(2010),杨莹等(2012,2013)研究了多种内外因素,包括猎物种类及不同螨态,猎物不同密度,不同地区品系,捕食螨自身的年龄及密度、温度等因素对拟长毛钝绥螨后代性比以及繁殖的影响。研究结果似说明在环境及自身条件有利时,捕食螨种群的增长主要是通过后代雌性比和每雌产卵量的增加来调节。此外,中国农业科学院植物保护研究所徐学农研究组还通过对多种植绥螨科捕食螨不同时间段卵的染色体进行观察,从多个方面探讨了植绥螨科捕食螨的生殖机理。

Xu & Enkegaard(2010)研究了斯氏钝绥螨对西方花蓟马和二斑叶螨的捕食选择性及密度的影响。Zhang et al.(2013)研究了江原钝绥螨、胡瓜新小绥螨和巴氏新小绥螨三者间的兼性捕食作用。Zhao et al.(2013)研究了不同地面覆盖对柑橘园叶螨及捕食螨种群动

态的影响。生物学和生态学研究所获得的结果都将指导捕食螨的大量繁殖与田间科学释放技术的进一步改进。

(8) 药剂对捕食螨的安全性及抗性品系的筛选

为了协调释放捕食螨与化学防治的关系,评价了一些化学农药、生物农药及杀菌剂等对捕食螨的安全性。研究结果指出溴氰菊酯对巴氏新小绥螨毒性大, *Bt* 制剂较为安全; 25% 噻虫嗪(阿克泰)水分散粒剂和 0.5% 苦参碱烟碱(果圣)水剂对黄瓜新小绥螨若螨和卵影响很小, 0.3% 印楝素乳油低毒, 86.2% 氧化亚铜可湿性粉剂和 77% 氢氧化铜可湿性粉剂对若螨低毒, 对卵无明显影响; 杀菌剂对胡瓜新小绥螨无毒或低毒。

陈霞等(2011c)用阿维菌素汰选胡瓜新小绥螨 18 次繁育 54 代后, 抗性增加近 65 倍。但抗性下降快, 60 代时抗性衰退 78%, 以后相对稳定, 抗性维持在敏感品系 10 倍以上。若继续汰选, 抗性水平又迅速上升。汰选 8 次 24 代后, 抗性至敏感品系的 44 倍。

(9) 饲养与规模化生产及纯品获得技术

根据捕食螨的食性, 可用花粉、粉螨及叶螨进行捕食螨的饲养与规模化生产。郑雪和金道超(2009)测定了不同食物(油茶花粉、二斑叶螨和腐食酪螨)饲喂尼氏真绥螨对其生长发育和繁殖的影响。结果表明取食油茶花粉和二斑叶螨发育生殖良好, 取食腐食酪螨的真绥螨卵不能正常发育。黄建华等(2011b)发现, 丝瓜花粉适合于巴氏新小绥螨的饲养, 而饲喂油菜花粉的捕食螨成螨不产卵。贺丽敏等(2011)比较了不同的寄主饲养中华甲虫蒲螨, 认为麦蛾幼虫和玉米象幼虫作为中华甲虫蒲螨替代寄主是可行的。

用粉螨饲养捕食螨仍然是目前最常用也是生产量最大的方式。Huang 等(2013)在基础饲料麦麸的基础上添加酵母及糖等, 测定了猎物粉螨体内的可溶性糖及蛋白含量, 并用不同添加物饲养的粉螨饲喂巴氏新小绥螨, 发现均能极大地提高捕食螨的生产量, 但作用机制并不相同。

捕食螨的饲养目前已通过两个地方标准: 分别是福建省地方标准——捕食螨生产技术规程及河北省地方标准——巴氏新小绥螨人工繁育技术规程。批量获得捕食螨纯品一直是比较困难的, 特别是把捕食螨从饲养介质如麦麸中分离出来。中国农业科学院植物保护研究所建立了成功分离技术, 可获得智利小植绥螨纯品。

(10) 捕食螨的释放与应用

胡瓜新小绥螨和巴氏新小绥螨在全国多种果树上得到比较多的应用, 特别是柑橘产区, 如湖北、重庆、广东、广西等地。巴氏新小绥螨在板栗防治小爪螨也取得较好的效果。近些年来, 捕食螨在局部地区的设施果蔬上得到广泛应用, 如在北京、河北、内蒙古、新疆、广西、安徽等地利用捕食螨防治大棚温室果菜上的叶螨、蓟马和粉虱, 在北京防治草莓上的叶螨等, 都取得了很好的效果。

捕食螨项目在全国建立了捕食螨释放示范基地 37 个, 核心示范区 7 个, 示范面积达 2 万多公顷次, 推广应用面积 7 万多公顷次。有 4 项技术列入农业部 2012 年“农业轻简化实用技术汇编”, 即“温室大棚蔬菜上蓟马立体防控技术”、“释放尼氏真绥螨防控夏季

蔬菜二斑叶螨简化技术”、“释放尼氏真绥螨防控柑橘主要叶螨简化技术”以及“拟长毛钝绥螨防治设施蔬菜叶螨技术”。

(二) 植物病害生物防治的研究与应用进展

植物微生物学理论认为存在于植物体表或体内的微生物群落是一个动态平衡的生态系统，一旦平衡被打破，则发生植物病害；植物病害生防是在被病原物占据主导的生态系中引入有益的生物或生物的代谢产物，形成不利于病原物生长而利于植物生长的新的动态平衡体系，从而控制病害发生和发展的技术。近年来随着分子生物学技术、细胞工程、蛋白质工程、酶工程、发酵工程、基因工程等新技术的飞速发展，植物病害生物防治的研究与生物杀菌剂的创制十分活跃，本发展报告只涉及生防芽胞杆菌 (*Bacillus* spp.)、植物激活蛋白和寡糖诱抗剂、食植物线虫真菌等近年来取得了显著的成绩的领域。

1. 芽胞杆菌制剂研究与病害控制

生防芽胞杆菌具有营养和空间位点竞争、抗菌物质产生、溶菌作用、诱导植物抗病性等多项功能；同时大多菌株生产性能好、孢子产品抗逆性强、易贮存，易于工业化生产，因此农用生防芽胞杆菌产业近年来在我国得到迅速发展。至 2013 年 8 月，我国已注册登记的芽胞杆菌类微生物杀菌剂有效成分 5 种，包括枯草芽胞杆菌、蜡质芽胞杆菌、地衣芽胞杆菌、解淀粉芽胞杆菌和多黏类芽胞杆菌，登记微生物农药产品 51 个。这些微生物杀菌剂研制成功并应用于农业实践中，成为我国无公害农业生产的重要支撑技术。

在我国登记的 51 个芽胞杆菌类杀菌剂产品中，母药成分有 7 个（枯草芽胞杆菌 3 个、蜡质芽胞杆菌 2 个、解淀粉芽胞杆菌和多黏类芽胞杆菌各 1 个）；以活体细菌作为唯一活性成分的制剂品种 18 个，其中枯草芽胞杆菌制剂品种 12 个、蜡质芽胞杆菌和多黏类芽胞杆菌制剂各 2 个、地衣芽胞杆菌和解淀粉芽胞杆菌制剂品种各 1 个；配伍井冈霉素的制剂品种 26 个，其中井冈·枯芽菌制剂品种 4 个，井冈·蜡芽菌制剂品种 20 个，井冈·多黏类芽胞杆菌制剂品种 2 个。

(1) 芽胞杆菌控制病害的机理研究

营养竞争是生防芽胞杆菌在微生态环境中与其他微生物（包括病原菌）在其定殖部位争夺可利用营养物质，这些物质包括微生物生长发育必需的氨基酸、无机盐、碳水化合物维生素等。铁离子是微生物在繁殖过程中必需的营养成分之一，缺铁环境下，生防芽胞杆菌能产生铁的螯合物或铁载体，通过螯合土壤环境中 Fe^{3+} 使得病原菌可利用的 Fe^{3+} 大量减少从而抑制病原菌生长。空间位点竞争生防抗芽胞杆菌在植物根际、体表或体内以及土壤中与病原微生物相互作用，尤其是病原菌侵入位点的争夺。黎起秦等（2008）发现 B47 菌株主要是在番茄维管束中定殖，从而抑制番茄内生病菌的生长。

芽胞杆菌生防菌能否在应用的生态环境中定殖、繁殖和扩展是其发挥作用的关键。芽胞杆菌的定殖能力除了自身特点外，与应用的生态环境密切相关。研究表明，环境中的湿

度、温度、天气等都会影响芽胞杆菌在植物表面和土壤中的定殖。目前多采用抗生素标记和绿色荧光标记生防芽胞杆菌来研究其在微生态环境中的行为，重庆大学殷幼平等应用荧光标记技术证明了生防枯草芽胞杆菌 CQBSO3 在柑橘叶片上可以定值。

(2) 芽胞杆菌分泌抗菌物质研究

生防芽胞杆菌分泌产生的抗生素，根据生物合成途径分为两大类：①由核糖体途径合成的小分子物质，如细菌素；②由非核糖体途径酶系统合成的多肽类物质和其他一些活性物质。目前，非核糖体途径合成的抗生素研究比较深入，主要包括脂肽类化合物、聚酮类化合物、多肽类化合物和其他抗菌活性物质。

生防芽胞杆菌分泌产生的非核糖体肽类抗生素，根据合成机制可分为脂肽类化合物和聚酮类化合物。南京农业大学高学文等（2003）的研究指出枯草芽胞杆菌 GEB3 产生脂肽类的抗生素，其理化性质较为稳定，对氯仿等有机溶剂有一定的耐受力，抗紫外线，对蛋白酶类的处理不敏感。

江苏省农业科学院陈志谊研究团队揭示伊枯草菌素（iturin）是一类强烈抑制真菌生长的脂肽类化合物，此类化合物中的 iturin 类家族拮抗真菌机理是通过影响真菌细胞膜的表面张力，导致微孔的形成、促使电解质及其他重要离子的渗漏，最后引起细胞死亡。

某些生防芽胞杆菌能够产生蛋白类抗菌物质并将其分泌到胞外，主要包括细菌素、降解细胞壁的酶类以及一些未知的抗菌蛋白。江苏农业科学院刘云峰等从 *B. subtilis* B-916 中分离到一种新蛋白 Bacisubin，分子量为 41.9kD。此抗菌蛋白在与立枯丝核菌对峙培养过程中可使菌丝顶端肿大，破裂。抗菌蛋白具有抑制病原菌孢子的产生和萌发，使菌丝畸形，细胞壁溶解，原生质泄露等活性。

(3) 生防芽胞杆菌制剂创制与应用

国内科研工作者对具有生防作用的芽胞杆菌进行广泛的研究。我国利用枯草芽胞杆菌防治植物病害的应用研究也达到了世界先进水平，现已开发出一批生防作用优良的枯草芽胞杆菌（*Bacillus subtilis*）菌株如 Bs-916、B908、B3、B903、BL03、XM16、BII、PRs5、ZH-2。江苏农业科学院植物保护研究所筛选获得的 Bs-916 菌株对多种病原真菌和水稻白叶枯病菌都有显著抑制作用，自从 1991 年至今对水稻纹枯病田间防效稳定在 60% ~ 81%，目前已进行农药登记，年使用面积达 6.7 万公顷。河北省农林科学院植物保护研究所建立了生防菌快速定向筛选技术，建立了包括 5L-500L-5000L 系列发酵罐和后处理设备的微生物中试生产线，研制的微生物杀菌剂“10 亿芽胞 / 克枯草芽胞杆菌可湿性粉剂”，对棉花枯萎病、棉花黄萎病、茄子黄萎病、麻山药根腐病和番茄重茬病等具有较好的防治效果。该单位又与农药企业合作开发出微生物杀菌剂新产品“80 亿 CFU / 毫升枯草芽胞杆菌悬浮剂”，田间试验已明确该制剂对番茄灰霉病、番茄叶霉病、黄瓜灰霉病、黄瓜白粉病、草莓白粉病、甜瓜白粉病表现出很好的防治效果，该产品拟于 2013 年底通过国家农药登记。南京农业大学创制的麦丰宁（生防菌 B3）、云南农业大学和中国农业大学共同研制的“百抗”（10 亿 / 克枯草芽胞杆菌可湿性粉剂），都已获得农业部登记注册，并在多个省推广使用，主要防治水稻纹枯病、三七根腐病、烟草黑胫病。

河南省农业科学院植保所研发出解淀粉芽胞杆菌水剂(5亿芽胞/克),用于防治瓜类和草莓白粉病。由于生防芽胞杆菌具有抑制多种植物病原菌的能力,并且是自然界中广泛存在的非致病细菌,对人畜无害,对环境友好,因此备受国内外植物保护和环境保护专家的青睐。生防芽胞杆菌制剂可望今后能广泛应用于植物根部、枝干、叶片、花以及果蔬采后病害的防治。

(三) 外缘物质诱导植物免疫的机理研究与植物诱抗剂创制

随着植物免疫学理论的快速发展,研究具有诱导植物免疫抗病的新型生物蛋白、多肽和多糖并将其开发成生物农药,用于控制当前化学农药难以奏效的植物系统性病害,是当今国内外研制生物杀菌剂的热点研究领域和新的生长点。

1. 壳寡糖的研究与制剂研发

壳寡糖是几丁质脱乙酰基后,经酸解或酶解得到的可溶性碱性寡糖,研究发现它是一种有效的植物诱抗激发子,在植物病害防治上具有抑制病原菌的侵染、诱导植保素生成和激发植物自生抗性等作用。中科院大连化学物理研究所天然产物与糖工程课题组杜昱光团队在壳寡糖诱抗剂研究领域近年来取得了显著的进展。团队的研究主要集中开展壳寡糖诱导植株抗病性中的信号转导和生理生化机制研究。该实验室研究发现壳寡糖诱抗信号中的几个重要的信号分子,如壳寡糖可以诱导植物活性氧的暴发;可上调茉莉酸合成途径的相关基因;茉莉酸等植物激素介导的植物抗病信号通路随后也将会被激活,从而引起一系列抗病相关的基因表达水平的提高。研究还发现壳寡糖可以诱导烟草、油菜等植物中的一氧化氮和过氧化氢积累参与抗病信号转导,并且这两者之间具有协同作用。目前已有大量植物中的功能糖响应基因被鉴定,如 Yin 等利用基因芯片技术,在油菜中筛选得到了 38 个与抗性和信号转导有关的壳寡糖响应基因,其中有重要的信号转导节点基因 MAPK。

该课题发现一种新的丝氨酸/苏氨酸激酶参与壳寡糖抗烟草花叶病毒;首次运用荧光酶标仪及一氧化氮荧光探针对壳寡糖诱导的 NO 信号进行研究,研究发现,不同浓度的壳寡糖均可诱导烟草悬浮细胞产生 NO;同时证实了 NO 和 Ca^{2+} 等第二信使也参与壳寡糖的诱导抗性过程。

研究组开展的氨基寡糖素对烟草花叶病的防治研究结果表明,壳寡糖及其衍生物对烟草花叶病毒有良好的防治作用。此外,寡糖诱抗剂在烟草寄生疫霉和烟草坏死病毒等病害防治上也有较好的效果。应用效果的评价试验还指出壳寡糖在低浓度时能够促进黄瓜种子发芽,同时表明低浓度壳寡糖对黄瓜幼苗生长有促进作用,使得幼苗株高、叶面积、根长等生长指标,与对照相比均显著增加;功能叶片的叶绿素含量、净光合速率(P_n)、气孔导度(G_s)、蒸腾速率(T_r)、胞间 CO_2 浓度(C_i)显著升高;气孔限制值(L_s)显著降低。而高浓度(100mg/L)壳寡糖则抑制生长。

壳寡糖处理植物还能够诱导结构抗性的产生。赵小明等报道壳寡糖处理棉花幼苗后,

导致棉花叶部和根部的木质素积累高于未被壳寡糖处理的棉花苗，这说明诱导的抗病性也通过植物结构抗性来实现。近年来，杜昱光课题组研究了壳寡糖诱抗剂对西瓜、木瓜、苹果、梨等多种水果上病害的防治作用，发现对木瓜花叶病、木瓜病毒病、苹果腐烂病、苹果落叶病等病害防治效果都表现良好。

2. 植物激活蛋白诱导植株抗病性研究与制剂应用

蛋白激发子是一类具有诱导植物免疫反应、提高植物抗性的效应蛋白，这些效应蛋白能激发植物先天免疫，提高植物抗病性，促进植物健康生长。中国农业科学院植物保护研究所蛋白质药物工程组邱德文团队开展的从植物病原真菌中筛选、分离具诱导植物抗病功能的蛋白激发子，研究其诱抗机理，创制蛋白质诱抗剂，获得进展。从极细链格孢、稻瘟菌、灰葡萄孢菌、大丽轮枝菌病原真菌中发现了4个免疫新蛋白PebC1、MoHrip1、PevD1和Hrip1，建立了纯化真菌蛋白技术体系。

该研究组利用反向遗传学方法从多种植物病原真菌中克隆出新功能蛋白基因；建立了激发子蛋白基因异源细胞表达系统，验证了表达蛋白具有促进植物生长和提高植物抗病性的功能；建立了纯化生物活性蛋白—基因克隆—表达蛋白—功能验证的技术路线，有利于筛选到具有生物活性的蛋白及其基因，相关研究已申请3项中国发明专利（ZL201110149203.3，201010593488.5，201210035653.4），其中授权1项，实审2项。

该研究组与南开大学刘新奇研究团队合作开展了PevD1和MoHrip1蛋白的三维立体结构研究，通过晶体筛选获得了高衍射能力的单晶，通过X-射线衍射技术获得了高分辨率的衍射数据，包括母体数据和碘—衍生物数据，最终解析获得了PevD1的三维结构。获得了蛋白激发子PevD1、MoHrip1和MoHrip2蛋白单晶，经过蛋白晶体条件的筛选与优化，为研究PevD1蛋白的结构与功能关系奠定了基础。初步明确了激发子蛋白PeaT1首先与植物细胞表面受体结合，启动下游信号分子传递，引起抗病相关蛋白和基因的上调表达，植保素积累和防御酶活性提高，这些理论研究为免疫蛋白诱导剂的创制和应用提供了科学依据。

获得的植物免疫蛋白PemG1与华中农业大学孙明研究组合作进行了诱导水稻抗稻瘟病作用机理研究，明确了该蛋白能提高SA途径相关基因的上调表达，揭示了水稻系统抗病性是由SA和Ca²⁺相关信号途径介导引起的。

以激发植物防御反应为筛选模式，创制了3种蛋白质免疫诱抗剂，其中3%极细链孢激活蛋白可湿性粉剂已经获得农药临时登记证（LS20091262）、6%寡糖·链蛋白生物农药已经完成田间药效和安全性评价，已进入农药临时登记程序、灰霉菌诱抗蛋白农药正在申请登记。

2009年以来应用3%极细链格孢植物激活蛋白在全国多地分别进行了防治黄瓜、番茄等蔬菜病害，该产品表现对蔬菜病毒病、褐斑病和霜霉病控制效果显著，对病毒病、灰霉病其控制效果达65%以上。植物激活蛋白能调节脐橙生长，增强树体对不良环境的适应

性,对日灼病、脐黄病、裂果病三大生理性病害的效果良好。激活蛋白处理的脐橙表现个体均匀,表皮光亮,可溶性固形物和产量都有增加。

(四) 重要农作物线虫的生防微生物研究与应用

在我国,病原线虫引起的病害已成为农业生产中仅次于真菌病害的第二大类病害,尤其是小麦和大豆孢囊线虫,蔬菜根结线虫经常流行成灾,严重威胁我国粮食作物、经济作物安全。为了研制出高效、安全的杀线剂,利用食线虫微生物资源创制生物杀线虫剂的研究受到普遍重视。食线虫微生物包括食线虫真菌和食线虫细菌两大类。食线虫真菌又划分为线虫内寄生真菌和捕食线虫真菌。

1. 食线虫微生物资源研究进展

据国际真菌权威数据库 MycoBank 记载,全世界已报道的捕食线虫丝孢菌有 347 种,我国已报道的种类约有 140 种。自 20 世纪 80 年代以来,以张克勤、刘杏忠等为代表的学者报道的捕食线虫丝孢菌 104 种,其中新种为 73 个。

2012 年,中国科学院微生物研究所刘杏忠研究员和美国德州大学休斯敦健康科学中心的安志强教授,通过选取代表 6 种捕食结构的 16 种捕食线虫真菌的 5 个蛋白质编码基因片段进行分析,结合相关的化石证据和分子钟计算,推测捕食线虫丝孢菌的祖先可能起源于 4.19 亿年前;研究团队进而推测物种大灭绝所导致的大量有机物,促使线虫大量繁衍,而真菌为了获取氮源以及在恶劣环境压力胁迫下,可能驱动了子囊菌捕食能力的进化。该研究为真菌在极端环境下的适应性进化提供了新的理论。

迄今为止,文献记载内寄生线虫真菌包括 150 多个物种,我国报道 20 余种。从部分内寄生线虫真菌中分离得到了一些具有杀线虫活性的次生代谢产物。有不少公司已经将部分内寄生线虫真菌制作成商品化菌剂。如,菲律宾亚洲技术中心将内寄生线虫真菌淡紫拟青霉商品化为 BIOCON 出售;在国内,华远丰农(北京)生物科技有限公司以 100 亿/克活孢子制剂推出 100 克/瓶的淡紫拟青霉瓶装制剂等。

2. 食线虫真菌侵染线虫的分子机制

2000 年以来,国内的科研人员在食线虫真菌体壁降解酶的研究取得了重大的进展,其中以云南大学张克勤课题组和中国科学院微生物研究所刘杏忠课题组较为突出,他们对食线虫真菌侵染性体壁降解蛋白酶的纯化和基因克隆等方面做了大量系统的工作,分别从刀孢轮枝菌、粉红螺旋聚孢霉、异型隔指孢、圆锥节丛孢、囊孢单顶孢、秀丽单顶孢、小舟单顶孢、洛和斯里被毛孢等多种不同侵染类型的食线虫真菌中纯化得到体壁降解蛋白酶并克隆了相应的编码基因。此外,对该类体壁降解蛋白酶的系统进化分析表明,来源于捕食线虫真菌的蛋白酶聚类成一个独立的进化分支,并且在进化的早期受到了正选择作用,有利于降解线虫体壁蛋白功能的积累;而内寄生真菌产生的蛋白酶则和昆虫病原真菌的蛋

白酶聚类在一个进化分支,表明这些真菌可能具有同时侵染线虫和昆虫的能力,该结果为研究和开发双功能生防菌剂奠定了理论基础。

张克勤课题组还对食线虫真菌粉红螺旋聚孢霉体壁降解蛋白酶 PrC 的表达调控进行了深入的研究。发现优先氮源如谷氨酰胺可以抑制 PrC 的组成型表达,其抑制效应与谷氨酰胺的浓度成正比。另外,研究发现粉红螺旋聚孢霉在侵染线虫的早期, *paaC* 基因提高了表达。通过启动子活性分析和 EMSA 实验表明 PrC 在转录水平通过 PacC 途径受到环境 pH 值的调控。使用 PrC 降解线虫体壁产生的小分子产物可以抑制氧化剂与热休克对孢子萌发的诱导。由此可见,蛋白酶 PrC 具有保护真菌抵御氧胁迫的作用。其降解线虫体壁产生的小分子物质通过消除活性氧自由基起到保护作用。

2011 年, Liang et al. (2010) 解析了刀孢轮枝菌及淡紫拟青霉的胞外蛋白酶 Ver112 和 PL646 的晶体结构, 它们的结构与蛋白酶 K 较为相似。进一步研究发现蛋白酶的表面电势和二硫键是影响不同蛋白酶水解线虫体壁活性的重要结构基础。

2011 年, 张克勤课题组率先开展了食线虫真菌侵染过程中大量基因的变化研究, 对寡孢节丛孢的全基因组进行了测序。发现寡孢节丛孢的基因组中存在大量和致病相关的基因家族, 包括枯草杆菌素蛋白酶、几丁质酶、纤维素酶、果胶酯酶和纤维二糖水解酶等。通过全基因组测序以及比较基因组学、生物信息学和蛋白组学的有机结合, 该团队提出了该类真菌从腐生到寄生的基因调控网络。寡孢节丛孢作为第一个被测序的无脊椎动物病原真菌, 它的基因组将会为诠释捕食线虫真菌的进化、侵染机制和高效生防菌株的构建鉴定基础, 为微生物从腐生到致病的生活史转换理论做出贡献。

3. 食线虫细菌枯草芽胞杆菌新种

张克勤研究团队从土壤中筛选出 1 株具有较强杀线虫活性的枯草芽胞杆菌新种 *Bacillus nematocida* B16。针对野生型和敲除毒力的突变型菌株开展了一系列实验, 发现 B16 菌株具有较强的吸引线虫的能力, 原因在于该细菌能释放芳香的挥发性物质, 如苯甲醛和 2-庚酮等来引诱线虫。研究还完成了与侵染相关的两个胞外蛋白酶的纯化、生化性质分析和纯酶的 N-末端氨基酸序列分析, 成功地克隆了这两个蛋白酶的基因。基因敲除突变株的杀线虫活性研究, 证明了该细菌中的两个胞外蛋白酶为主要的毒力因子。利用显微注射统计实验证实毒性蛋白酶对线虫肠道的破坏是导致线虫死亡的主要因素; 通过蛋白组学实验鉴定出这两个毒性蛋白酶降解线虫肠道中一些维持线虫生命的蛋白质, 如肌球蛋白、ATP 酶相关蛋白等, 加速了线虫的死亡。此外, 实验证明该细菌吸引和侵染线虫是由细菌群体感应系统 (quorum-sensing, QS) 所调控。张克勤等还开展了自然条件下的土壤实验, 结果显示, 在自然土壤中, 致病细菌 B16 同样具有对线虫的吸引、固定和杀死能力, 且其毒性蛋白酶在土壤中侵染线虫的方式也与实验室观察到的一致。

4. 食线虫微生物次生代谢产物的利用

近几年, 产毒真菌杀线虫活性的研究进展很快, 取得了一些可喜的成绩。张克勤团队

2010年,从极端环境嗜热真菌(*Talaromyces thermophilus*)中分离、筛选到6个新骨架大环内酯化合物,对病原线虫的致死率与目前国际上最好的杀线虫生物农药阿维菌素相当,且结构式显著小于阿维菌素,更利于人工合成。该团队应用厚垣普可尼亚菌(*Pochonia chamydosporium* ZK7)防治烟草根结线虫,防治效果达50%~60%,目前已经在云南省大田推广应用8万多亩,并获得了国内第一个微生物杀线虫剂的专利授权。

虽然目前已经从微生物和植物资源中已发现了一批结构多样的天然杀线虫小分子化合物,并开展了部分代谢调控和作用机制研究。但是,与丰富的生物资源和绿色环保市场需求相比,还远远不足。深入挖掘新类型、新机制、高效安全的天然杀线活性化合物具有重要的科学意义和应用前景。

三、生物防治学科国内外研究进展比较

1. 天敌昆虫国内外研究进展比较

寄生蜂方面我国经过多代科技人员的努力,生物防治技术整体水平基本达到国际先进,某些领域已达国际领先。然而,与发达国家相比,生物防治技术实际应用于害虫控制仍有相当的差距,无论应用的天敌种类和应用的广度较北欧和北美一些国家低得多。究其原因生防技术的集成和大规模应用的配套技术缺乏研究;加之昆虫天敌尚未成为一种农资产品,提供于生产者。

我国生物防治研究的基础研究和应用基础研究相对薄弱。在天敌与害虫的互作机制、农田食物网作物—害虫—天敌间的信息网与通讯机制、天敌控害作用的评价方法、天敌引种的基础理论及风险评估、主要害虫种类的不育技术等方面与美国等发达国家相比,研究的队伍不够大、研究的深度仍需加强。

2. 捕食螨国内外研究进展比较

我国捕食螨的营养生理与生殖生理研究、人工饲料配方和高效率饲养猎物等规模化生产技术研究、大面积释放的简易技术研究都需要加强,才有可能将捕食螨发展为一种天敌产品,像北美和北欧一些国家可大量应用于生产,尤其应用于温室园艺作物的小型吸汁性有害生物。

3. 昆虫消化酶抑制剂国内外研究进展比较

昆虫消化酶抑制剂的基础及应用研究在国际上是一个较新的领域,目前研究大多集中在新的昆虫消化酶抑制剂的发掘和防治重要害虫的效果评价。巴西分离到一特异的丝氨酸蛋白酶抑制剂,为伊蚊的防治提供了新的蛋白酶抑制剂;日本从长角血蜱(*Haemaphysalis longicornis*)血细胞中发现一种糜蛋白酶抑制剂,其编码基因的沉默能影响血蜱的取食,导致死亡并抑制其繁殖;比利时获得了能影响蝗虫消化系统中蛋白质水解过程的胰蛋白酶

抑制剂。我国此领域研究刚起步，对此领域的立项重视不够，研究队伍太小。

4. 国内外生防芽胞杆菌的应用进展比较

国际上芽胞杆菌的研究与制剂创制都十分活跃（见表1）。与发达国家相比，我国产品品种登记的种类和应用的规模都仍有差距。美国迄今已有3株枯草芽胞杆菌和1株解淀粉芽胞杆菌获得环保局（EPA）商品化或有限商品化生产应用许可，可防治蔬菜、樱桃、葡萄、葫芦和胡桃的白粉病、霜霉病、疫病、灰霉病等病害。解淀粉芽胞杆菌作为杀菌剂登记的同时，也因其具有促进植物生长功能而登记为植物生长调节剂。德国将解淀粉芽胞杆菌生防菌株FZB42用于微生物肥料。澳大利亚开发了对麦类和胡萝卜立枯病以及其他土传病害具有很好的防治和增产作用枯草芽胞杆菌A-13。

表1 国际上重要国家和地区的芽胞杆菌杀菌剂有效成分及制剂登记情况

有效成分	学名	登记个数			
		合计	母药	制剂	混剂
地衣芽胞杆菌	<i>Bacillus licheniformis</i>	1		1	
枯草芽胞杆菌	<i>Bacillus subtilis</i>	19	3	12	4
解淀粉芽胞杆菌	<i>Bacillus subtilis</i> var. <i>amyloliquefaciens</i>	2	1	1	
蜡质芽胞杆菌	<i>Bacillus cereus</i>	24	2	2	20
多黏类芽胞杆菌	<i>Paenibacillus polymyxa</i>	5	1	2	2
合计		51	7	18	26

注：此表由马平提供。

5. 国内外植物诱抗剂的研究与应用进展比较

研发以各种效应子为主要成分的诱抗剂近年来在国际上悄然兴起，并成为当前国际杀菌剂创制备受关注的研究领域。目前发现的具有诱抗或激发植物免疫功能的物质主要有病毒衣壳蛋白、寡核苷酸、小分子多肽、寡糖和蛋白等。国际几家大的农化公司已经相继开发出了诱抗剂产品，如 Messenger、Oxycom、KeyPlex、Actigard、NCI、Chitosan 等。我国已登记的有自主知识产权的诱抗功能生物农药产品主要有氨基寡糖素、脱落酸、激活蛋白等少数产品，由于诱抗剂是一类新产品，在我国目前尚处在开辟市场阶段，要赶上和超过国际先进水平还需在应用基础研究高效制剂创制上加大力度。

6. 食植物线虫微生物研究国内外进展比较

迄今为止，据国际真菌权威数据库 MycoBank 记载，全世界已报道的捕食线虫真菌丝孢菌有 347 种，而我国已报道的种类约有 140 种；内寄生线虫真菌全世界已报道 150 多个物种，我国报道有 20 余种。与国际已报道的捕食线虫和内寄生真菌种类相比，我国植物

线虫生防微生物仍有待进一步挖掘。

发达国家商品生物杀线虫剂的研制与应用较我国先进。Linford et al. (1939) 首次尝试将 5 种捕食线虫丝孢菌作为制剂施入土壤中防治线虫, 但由此揭开了用生防制剂防治线虫的序幕。第一个商品生物杀线虫剂 (Royal 300) 是 Cayrol et al. (1978) 应用 *A. robusta* 菌种成功开发出的。1995 年成立的南非 BCP 公司注册了 PI Plus 的产品 (<http://www.biocontrol.co.za/>), 该产品主要利用淡紫拟青霉防治香蕉、马铃薯、烤烟以及柑橘等重要经济农作物的病原线虫害。在国内, 刘杏忠等 (1991) 报道了定殖于大豆孢囊线虫的真菌有 15 个属, 并用淡紫拟青霉研制成大豆包根剂 (SRBP), 但商品的市场份额还很有限。这些产品对植物寄生线虫的生防起到了很大的推动作用, 但仍有大量的食线虫真菌资源有待开发。

四、生物防治学科发展趋势及展望

随着全社会对环境保护和对食品安全愈加重视, 在植物病虫害防治中对化学农药, 尤其对高毒、高残留农药的生产与使用管理要求越来越严格与科学, 促使政府对生物防治领域的研究与推广应用投入加大, 企业对投资生物防治产品的关注度提高, 生物防治学科发展势头良好。由于社会多方的支持, 也激励着科学工作者投身这一学科的工作, 使得生物防治的科研与推广应用队伍获得扩大。生物防治学科迎来了大好发展时期。

对比国际先进的生物防治研究与应用成果, 结合我国生产对生物防治技术的需求, 以下的研究有可能将会得到大的发展:

1. 寄生蜂的寄生生理生化机理更为深入

寄生蜂在寄生过程中把多种寄生因子注入寄主体内, 调节寄主生长发育、调控寄主血淋巴营养成分以及扰乱寄主生殖和内分泌系统等以保证其后代在寄主血腔或体表正常发育, 这些寄生因子包括毒液 (venom)、多分 DNA 病毒 (polydnavirus, PDV)、类病毒颗粒 (virus like particles, VLPs)、类病毒纤丝 (virus like filaments, VLFs)、卵巢蛋白 (ovarian proteins, OP)、畸形细胞 (teratocyte) 及其分泌蛋白 (teratocyte secretory proteins, TSP)、卵表面的保护物和幼虫分泌物等。研究这些寄生因子的特殊生理功能, 以这些活性物质为资源研制新型生防制剂或转基因作物, 将有害虫生物防治开辟新的途径。

2. 捕食螨的商品化进程加快

小型吸汁性有害生物如叶螨、蓟马、粉虱、蚜虫等发生危害程度逐年加重, 这些小虫易变异, 抗性发展快, 化学防治难。开展以释放捕食螨为主的小型害虫害螨的生物防治成为生产的重大需求。发掘新的捕食螨品种, 特别是针对目前保护地严重发生的粉虱的捕食螨品种; 培育抗高温干旱的高抗逆性品种以及抗药性品种, 研究其规模化生产技术和包装

运输贮存技术，制定严格的产品质量标准及检测技术与方法，将快速推进中国捕食螨产业化发展。

3. 昆虫消化酶抑制剂领域将得到重视

针对刺吸式口器害虫发掘抑制此类昆虫的高效消化酶，开展表达昆虫消化酶抑制剂工程菌株的构建与高效表达研究，为昆虫酶抑制剂新型生物农药奠定基础。为解决刺吸式口器害虫难以控制探索新功能的生物农药。

4. 害虫防治中的 RNAi 技术的探索更为热门

RNAi 干扰制剂 RNAi 技术在农业害虫防治领域的探索研究越来越受到人们的关注，尽管 RNAi 技术在害虫防治方面的探索日益增多，但要将其应用于大田生产，还需加强以下研究：首先是针对不同害虫，加强靶标基因 dsRNA 或 siRNA 的筛选；其次是研制以害虫靶标基因 dsRNA 或 siRNA 为有效成分的新型生物制剂；此外，还需要改进 dsRNA 或 siRNA 的合成方法，提高合成效率，以降低新型生物制剂的生产成本。

5. 生防芽胞杆菌研究与应用更为深入与广泛

国内外生防芽胞杆菌控制病害的基础研究与制剂创制十分活跃，已投入市场的制剂得到生产者的接受，要占领更大的农药市场，今后可能会在生防菌与化学农药混配提高生防菌株防效、多个生防菌株混配或复配提高定殖水平和防效、对芽胞杆菌遗传改良增强其抗菌活性和抑菌谱、增强诱导抗性等方面的研究得到加强。随着生防芽胞杆菌类杀菌剂效果的不断提高，它在现代农业中的应用前景会愈加广阔。

6. 植物诱抗剂的研究与创制将快速发展

随着植物免疫研究最新成果多次在 *Science* 和 *Nature* 杂志发表以及近年来植物免疫诱抗剂的实际应用的快速发展，以微生物蛋白效应子和寡糖等为代表的植物免疫诱抗剂的研究和利用得到了前所未有的发展。针对现有状况下农作物有病治病，有虫治虫，农药越用越多，浓度越用越高，病虫害越治越重的现实中，开展植物免疫诱抗剂生物药物的研究与创制，对于推动生物农药升级换代和推动行业的发展具有重要的作用。目前诱抗剂的产品相对稀少，尚不能满足绿色产品生产的需求。我国与发达国家在植物免疫诱抗剂生物农药的基础研究和制剂创制水平还都处在同一起跑线上，我国已有一支植物免疫诱抗剂生物农药的研究队伍，加之可开发为植物疫苗的生物资源丰富，此产业大有发展的空间。

7. 食线虫微生物研究与应用跻身世界先进行列

目前对食线虫微生物侵染线虫的分子机制研究已经从单基因水平转为组学水平。但研

究尚刚刚起步,要阐明该机制还需进行大量研究。随着基因测序技术的发展,基因组学、转录组学和蛋白组学等新技术在食线虫微生物研究中的应用将日益广泛和深入,这些新方法和新技术的应用,将有助于加深微生物对线虫作用的分子机制的研究。而高通量的基因敲除和组成型表达将有助于快速全面地理解作用机理,为高效的线虫生物防控提供理论基础,为发展现代化绿色农业提供资源。随着新技术和新方法的不断涌现,这一研究领域必将产生更多的理论及应用突破。

参 考 文 献

- [1] 陈学新. 21世纪我国害虫生物防治研究的进展、问题与展望[J]. 昆虫知识, 2010, 47(4): 615-625.
- [2] 戈峰, 吴孔明, 陈学新. 植物—害虫—天敌互作机制研究前沿[J]. 应用昆虫学报, 2011, 48(1): 1-6.
- [3] 陈学新, 任顺祥, 张帆, 等. 天敌昆虫控害机制与可持续利用[J]. 应用昆虫学报, 2013, 50(1): 9-18.
- [4] 白素芬. 寄生蜂的秘密武器[J]. 生物学通报, 2010, 45(3): 15-16.
- [5] 耿军灵, 杨建全, 郑敏琳, 黄居昌, 等. 不同琼脂比对阿里山潜蝇茧蜂寄生效果的影响[J]. 福建林学院学报, 2009, 29(2): 166-168.
- [6] 耿军灵, 郑敏琳, 杨建全, 等. 成蜂饲养密度和繁蜂益害比对阿里山潜蝇茧蜂子代的影响[J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 2009, 38(4): 348-350.
- [7] 康育光, 李捷, 赵飞, 等. 国内斑潜蝇寄生蜂的研究进展[J]. 山西农业科学, 2011, 39(1): 95-98.
- [8] 梁光红, 陈家骅. 橘小实蝇寄生蜂切割潜蝇茧蜂的人工繁殖技术[J]. 华东昆虫学报, 2006, 15(2): 107-111.
- [9] 吕增印, 杨建全, 陈家骅, 等. 布氏潜蝇茧蜂与长尾潜蝇茧蜂的种间竞争[J]. 福建林学院学报, 2008, 28(1): 81-84.
- [10] 潘雪红, 黄诚华. 赤眼蜂防治甘蔗螟虫应用现状及前景展望[J]. 安徽农业科学, 2010, 38(26): 14420-14421, 14430.
- [11] 邵屯, 刘春燕, 陈科伟, 等. 橘小实蝇及其寄生性天敌——前裂长管茧蜂饲养方法[J]. 环境昆虫学报, 2008, 30(4): 377-380.
- [12] 邵屯, 刘春燕, 陈科伟, 等. 前裂长管茧蜂对橘小实蝇的寄生效能研究[J]. 华南农业大学学报, 2009, 30(2): 33-36.
- [13] 苏晓丹, 李学军, 王淑贤. 寄生蜂对美洲斑潜蝇的控害作用研究进展[J]. 辽宁农业科学, 2008, (6): 32-34.
- [14] 吴家明, 朱丽得孜·艾山, 张振宇, 等. 害虫重要寄生性天敌昆虫——赤眼蜂和缨小蜂研究进展[J]. 新疆大学学报(自然科学版), 2011, 28(3): 267-277.
- [15] 姚婕敏, 谢翠红, 何衍彪, 等. 广东橘小实蝇寄生蜂调查[J]. 环境昆虫学报, 2008, 30(4): 350-356.
- [16] 章玉苹, 赵远超, 张宝鑫, 等. 橘小实蝇一种重要的寄生蜂——凡氏费氏茧蜂[J]. 环境昆虫学报, 2008, 30(1): 86-88.
- [17] 朱家颖, 叶恭银, 胡萃. 寄生蜂毒液蛋白的研究进展[J]. 植物保护学报, 2008, 35(3): 270-278.
- [18] Fanrong Zeng, Xiaojing Wang, Jinjie Cui, et al. Effects of New Microbial α -Amylase Inhibitor Protein on *Helicoverpa armigera* Larvae [J]. J. Agric. Food Chem., 2013, 61(9): 2028-2032.
- [19] Fanrong Zeng, Renfeng Xue, Heqing Zhang, Taozhen Jiang. A new gene from *Xenorhabdus bovienii* and its encoded protease inhibitor protein against *Acyrtosiphon pisum* [J]. Pest Manag Sci, 2012, 68: 1345-1351.

- [20] Heqing Zhang, Jianjun Mao, Fengjiao Liu, Fanrong Zeng. Expression of a nematode symbiotic bacterium-derived protease inhibitor protein in tobacco enhanced tolerance against *Myzus persicae* [J]. Plant Cell Reports, 2012, 31: 1981-1989.
- [21] Jianjun Mao, Fanrong Zeng. Feeding-based RNA interference of a gap gene is lethal to the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum* [J]. PLoS ONE, 2012, 7: e48718.
- [22] Soares T S, Soares Torquato R J, Alves Lemos F J, Tanaka A S. Selective inhibitors of digestive enzymes from *Aedes aegypti* larvae identified by phage display [J]. Insect Biochem Mol Biol, 2013, 43 (1): 9-16.
- [23] Alim M A, Islam M K, Anisuzzaman, et al. A hemocyte-derived Kunitz-BPTI-type chymotrypsin inhibitor, HlChI, from the ixodid tick *Haemaphysalis longicornis*, plays regulatory functions in tick blood-feeding processes [J]. Insect Biochem Mol Biol, 2012, 42 (12): 925-934.
- [24] Van Hoef V, Breugelmanns B, Spit J, et al. Functional analysis of a pancreatic secretory trypsin inhibitor-like protein in insects: silencing effects resemble the human pancreatic autodigestion phenotype [J]. Insect Biochem Mol Biol, 2011, 41 (9): 688-695.
- [25] Liu S, Ding Z, Zhang C, et al. Gene knockdown by intro-thoracic injection of double-stranded RNA in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* [J]. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 2010, 40 (9): 666-671.
- [26] Zha W, Peng X, Chen R, et al. Knockdown of midgut genes by dsRNA-transgenic plant-mediated RNA interference in the Hemipteran insect *Nilaparvata lugens* [J]. PLoS ONE, 2011, 6 (5): e20504.
- [27] Zhang X, Zhang J, Zhu K Y. Chitosan/double-stranded RNA nanoparticle-mediated RNA interference to silence chitin synthase genes through larval feeding in the African malaria mosquito (*Anopheles gambiae*) [J]. Insect Molecular Biology, 2010, 19: 683-693.
- [28] Zhao Y Y, Liu F, Yang G, You MS. PsOr1, a potential target for RNA interference-based pest management [J]. Insect Molecular Biology, 2011, 20: 97-104.
- [29] 金丹娟, 薛仁凤, 张河庆, 等. 伯氏嗜线虫致病杆菌蛋白酶抑制剂 Xbpi-1 对豌豆蚜 *Acyrtosiphon pisum* Harris 生物活性的研究 [J]. 中国生物防治学报, 2012, 28: 508-513.
- [30] 陈军, 程成, 江俊起, 等. 保护地常用杀虫剂对巴氏钝绥螨的安全性评价 [J]. 安徽农业大学学报, 2012, 39: 466-469.
- [31] 陈霞, 张艳璇, 季洁, 等. 斯氏钝绥螨以截形叶螨为猎物的实验种群生命表 [J]. 福建农业学报, 2011, 26: 415-419.
- [32] 陈霞, 张艳璇, 季洁, 等. 9 种农药对黄瓜新绥螨若螨和卵的影响 [J]. 中国生物防治学报, 2011, 27: 43-49.
- [33] 陈霞, 张艳璇, 季洁, 等. 胡瓜钝绥螨抗阿维菌素品系的筛选及抗性稳定性分析 [J]. 福建农业学报, 2011, 26: 793-797.
- [34] Chen Y L, Xu C L, Xu, et al. Evaluation of predation abilities of *Blattisocius dolichus* (Acari: Blattisociidae) on a plant-parasitic nematode, *Radopholus similis* (Tlenchida: Pratylenchidae) [J]. Exp. Appl. Acarol., 2013, DOI 10.1007/s10493-012-9650-x.
- [35] 黄建华, 罗任华, 秦文婧, 等. 芦笋蓟马密度对巴氏钝绥螨生长发育和生殖的影响 [J]. 江西农业学报, 2012, 24 (2): 86-87.
- [36] 黄建华, 罗任华, 秦文婧, 等. 巴氏钝绥螨对芦笋上烟蓟马捕食效能研究 [J]. 中国生物防治学报, 2012, 28 (3): 853-859.
- [37] 黄建华, 秦文婧, 罗任华, 等. 巴氏钝绥螨发育起点温度与有效积温 [J]. 江西植保, 2011, 34: 75-77.
- [38] 黄建华, 秦文婧, 罗任华, 等. 两种花粉对巴氏钝绥螨生长发育与繁殖的影响 [J]. 植物保护, 2011, 37: 180-182.
- [39] 黄建华, 秦文婧, 罗任华, 等. 温度对取食芦笋蓟马的巴氏钝绥螨生长发育、存活和繁殖的影响 [J]. 应用昆虫学报, 2012, 49 (3): 710-714.

- [40] 贺丽敏, 于焦, 许长新, 等. 人工繁殖中华甲虫蒲螨的替代寄主研究 [J]. 中国生物防治学报, 2011, 27: 165-170.
- [41] Li J B, Li Y X, Sun J T, et al. COI barcoding as a molecular assay for the identification of phytoseiid mites [J]. Systematic and applied acarology, 2012, 17 (4): 397-406.
- [42] 王恩东, 李超, 姜晓环, 等. 伽马射线辐照拟长毛钝绥螨雄螨对雌螨产卵量和后代雌性比的影响 [J]. 中国生物防治学报, 2012, 28 (3): 348-352.
- [43] 王恩东, 徐学农, 吴圣勇. 释放巴氏钝绥螨对温室大棚茄子上西花蓟马及东亚小花螨数量的影响 [J]. 植物保护, 2010, 36: 101-104.
- [44] 王静, 雷仲仁, 徐洪富, 等. 白僵菌对西花蓟马若虫的致病力和对巴氏钝绥螨的影响 [J]. 中国生物防治学报, 2011, 27 (4): 479-484.
- [45] 吴圣勇, 徐学农, 王恩东. 栗真绥螨和黄瓜新小绥螨对西方花蓟马初孵若虫功能反应的比较 [J]. 中国生物防治, 2009, 25: 295-298.
- [46] Xu X, Enkegaard A. Prey preference of the predatory mite, *Amblyseius swirskii* between first instar western flower thrips *Frankliniella occidentalis* and nymphs of the twospotted spider mite *Tetranychus urticae* [J]. Journal of insect science (Online), 2010, 10: 149.
- [47] Xu X N, Wang B M, Jiang X H, Zhang Z Q. A new species of *Neoseiulus* (Acari: Phytoseiidae) from Guangdong Province, China. Zootaxa, 2013, in press.
- [48] Yang C, Li Y X, Yang X M, Sun J T, et al. Genetic variation among natural populations of *Euseius nicholsi* (Acari: Phytoseiidae) from China detected using mitochondrial coxI and nuclear rDNA ITS sequences [J]. Systematic and applied acarology, 2012, 17 (2): 171-181.
- [49] 杨莹, 姜晓环, 徐学农, 等. 两种叶螨及其不同螨态对拟长毛钝绥螨后代性比的影响 [J]. 中国生物防治学报, 2013, 29 (1): 17-23.
- [50] 张艳璇, 林坚贞, 季洁, 等. 胡瓜钝绥螨对比哈小爪螨捕食作用的研究 [J]. 果树学报, 2009, 26: 683-686.
- [51] 张艳璇, 林坚贞, 季洁, 等. 胡瓜钝绥螨控制蔬菜害螨的研究与应用 [J]. 现代农业科技, 2009, 9: 122-124.
- [52] 张艳璇, 陈霞, 林坚贞, 等. 5种杀菌剂对胡瓜钝绥螨的毒性测定 [J]. 福建农业科技, 2011, 1: 63-66.
- [53] 张艳璇, 孙莉, 林坚贞, 等. 利用捕食螨搭载白僵菌控制柑橘木虱的研究 [J]. 福建农业科技, 2011, 6: 72-75.
- [54] 张艳璇, 张公前, 季洁, 等. 胡瓜钝绥螨对日光大棚茄子上烟粉虱的控制作用 [J]. 生物安全学报, 2011c, 20: 132-140.
- [55] 黎起秦, 叶云峰, 王涛, 等. 内生枯草芽胞杆菌 B47 菌株入侵番茄的途径及其定殖部位 [J]. 中国生物防治, 2008, 24 (2): 133-137.
- [56] 殷幼平, 袁训娥, 李强, 等. 生防菌枯草芽胞杆菌 CQBSO3 的绿色荧光蛋白基因标记及其在柑橘叶片上的定殖 [J]. 中国农业科学, 2010, 43 (17): 3555-3536.
- [57] 罗楚平, 王晓宇, 陈志谊, 等. 枯草芽胞杆菌 Bs916 中脂肽抗生素 Bacillomycin L 的操纵子结构及生物活性 [J]. 中国农业科学, 2010, 43 (22): 4624-4634.
- [58] 张荣胜, 刘永锋, 陈志谊. 水稻细菌性条斑病菌拮抗细菌的筛选、评价与应用研究 [J]. 中国生物防治, 2011, 27 (4): 510-514.
- [59] Liu Y Z, Chen Z Y, Wang K R, et al. Enhancing Bioefficacy of *Bacillus subtilis* with Sodium Bicarbonate for the Control of Ring Rot in Pear during Storage [J]. Biological control, 2011, 57 (2): 110-117.
- [60] Chen X H, Scholz R, Borriss M, et al. Difficidin and bacilysin produced by plant-associated *Bacillus amyloliquefaciens* are efficient in controlling fire blight disease [J]. J Biotechnol, 2009, 140: 38-44.
- [61] Mahesh Kulye, Hua Liu, Yuliang Zhang, et al. Hrip1, a novel protein elicitor from necrotrophic fungus, *Alternaria tenuissima*, elicits cell death, expression of defence-related genes and systemic acquired resistance in

- tobacco [J]. *Plant, Cell and Environment*, 2012, 35: 2104–2120.
- [62] Bingnan Wang, Xiufen Yang, Hongmei Zeng, et al. The purification and characterization of a novel hypersensitive-like response-inducing elicitor from *Verticillium dahliae* that induces resistance responses in tobacco. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2012, 93: 191–201.
- [63] Dewen Qiu, Jianjun Mao, Xiufen Yang, Hongmei Zeng. Expression of an elicitor-encoding gene from *Magnaporthe grisea* enhances resistance against blast disease in transgenic rice [J]. *Plant Cell Reports*, 2009, 28 (6): 925–933.
- [64] Jianjun Mao, Quan Liu, Xiufen Yang, et al. Purification and expression of a protein elicitor from *Alternaria tenuissima* and elicitor-mediated defense responses in tobacco [J]. *Annals of Applied Biology*, 2010, 156 (3): 411–420.
- [65] Mingjia Chen, Hongmei Zeng, Dewen Qiu, et al. Purification and characterization of a novel hypersensitive response-inducing elicitor from *Magnaporthe oryzae* that triggers defense response in rice [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7 (5): e37654.
- [66] Wei Zhang, Xiufen Yang, Dewen Qiu, et al. *PeaT1*-induced systemic acquired resistance in tobacco follows salicylic acid-dependent pathway [J]. *Molecular biological report*, 2011, 38 (4): 2549–2556.
- [67] Guangyue Li, Xiufen Yang, Hongmei Zeng, et al. Stable isotope labeled mass spectrometry for the quantification of protein expression induced by *PeaT1*, *Science China. Life Science* [J]. 2010, 53 (12): 1410–1417.
- [68] Lei Han, Zheng Liu, Xinqi Liu, Dewen Qiu. Purification, crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of the effector protein *PevD1* from *Verticillium dahliae*. *Acta Crystallographica Section F*, 2012, 68: 802–805.
- [69] Xiufen Yang, Dewen Qiu, Hongmei Zeng, et al. Purification and characterization of a glycoprotein elicitor from *Alternaria tenuissima* [J]. *World Journal of Microbiology*, 2009, 25: 2035–2042.
- [70] Yunhua Zhang, Xiufen Yang, Quan Liu, et al. Purification of novel protein elicitor from *Botrytis cinerea* that induces disease resistance and drought tolerance in plants [J]. *Microbiological Research*, 2010, 165: 142–151, IF=2.054.
- [71] 王炳南, 王双超, 邱德文, 等. 大丽轮枝菌蛋白激酶子 *PevD1* 诱导的烟草对烟草花叶病毒 (TMV) 系统获得抗性及其分子机制 [J]. *农业生物技术学报*, 2012, 20 (2): 188–195.
- [72] 刘延峰, 曾洪梅, 玉山江, 等. 极细链格胞菌 *peaT1* 基因在毕赤酵母中表达与功能分析 [J]. *生物工程学报*, 2009, 25 (3): 413–417.
- [73] 毛建军, 杨秀芬, 曾洪梅, 等. 水稻品种日本晴梗稻组培养基的筛选及转稻瘟菌蛋白激酶子基因植株的获得 [J]. *农业生物技术学报*, 2008, 16 (5): 824–830.
- [74] 唐宏琨, 曾洪梅, 杨秀芬, 等. 真菌源蛋白类激酶子及其转基因植物研究进展 [J]. *中国生物防治*, 2011, 26 (4): 480–485.
- [75] 唐宏琨, 曾洪梅, 杨秀芬, 等. 激酶子基因 *peaT1* 转化三生烟及其对 TMV 抗性的提高 [J]. *生物技术通报*, 2010, 第 10 期: 116–119.
- [76] 唐宏琨, 曾洪梅, 杨秀芬, 等. 蛋白激酶子基因 *peaT1* 植物表达载体的构建及其转化棉花的研究 [J]. *植物保护*, 2011, 37 (3): 43–47.
- [77] 徐大伟, 邱德文, 檀根甲, 等. 以茎尖分生组织为受体用农杆菌介导法转化激酶子基因 *pemG1* 棉花植株的获得 [J]. *中国农学通报*, 2011, 27 (18): 94–99.
- [78] 张薇, 杨秀芬, 邱德文, 等. 激活蛋白 *PeaT1* 诱导烟草对 TMV 的系统抗性 [J]. *植物病理学报*, 2010, 40 (3): 290–299.
- [79] 张云华, 杨秀芬, 刘延峰, 等. 灰葡萄菌激酶子 *PebC1* 在毕赤酵母中的分泌表达及生物活性分析 [J]. *生物工程学报*, 2011, 27 (11): 1631–1636.
- [80] 张云华, 杨秀芬, 曾洪梅, 等. 激酶子 *PebC1* 原核表达蛋白的生物活性分析 [J]. *生物技术通报*, 2011 (12): 25–28.
- [81] 郑建华, 杨秀芬, 石庆华, 等. 激活蛋白 *PeaT1* 在烟草细胞膜上的结合位点及其特性 [J]. *植物病理学*

- 报, 2010, 40 (4): 364-372.
- [82] Hang Liu, Yun-Hong Zhang, Heng Yin, et al. Alginate oligosaccharides enhanced *Triticum aestivum* L. tolerance to drought stress [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2013, 62: 33-40.
- [83] Hongyan Zhang, Wenxia Wang, Heng Yin, et al. Oligochitosan induces programmed cell death in tobacco suspension cells [J]. *Carbohydrate Polymers*, 2012, 87: 2270-2278.
- [84] Heng Yin, Xavier C. Frette Lars P. et al. Christensen, and Kai Grevsen, Chitosan Oligosaccharides Promote the Content of Polyphenols in Greek Oregano (*Origanum vulgare* ssp. *hirtum*) [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2012, 60: 136-143.
- [85] Chen Yafei, Zhan Yong, Zhao Xiaoming, et al. Guo Peng, An Hailong, Du Yuguang, Han Yingrong, Liu Hui, Zhang Yuhong. Functions of oligochitosan induced protein kinase in tobacco mosaic virus resistance and pathogenesis related proteins in tobacco [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2009, 47: 724-731.
- [86] Heng Yin1, Yuguang Du1, Junzeng Zhang. Low Molecular Weight and Oligomeric Chitosans and Their Bioactivities [J]. *Current Topics in Medicinal Chemistry*, 2009, 9: 1546-1559.
- [87] Weihua Guoa, Zhiqiang Yeb, GuilanWangb, et al. Measurement of oligochitosan-tobacco cell interaction by fluorometric method using europium complexes as fluorescence probes [J]. *Talanta*, 2009, 78: 977-982.
- [88] Hongyan Zhang, Xiaoming Zhao, Jinli Yang, et al. Nitric oxide production and its functional link with OIPK in tobacco defense response elicited by chitooligosaccharide [J]. *Plant Cell Rep*, 2011, 30: 1153-1162.
- [89] Heng Yin, Xiaoming Zhao, Yuguang Du. Oligochitosan A plant diseases vaccine—A review [J]. *Carbohydrate Polymers*, 2010, 82: 1-8.
- [90] Yan Li, Heng Yin, Qing Wang, et al. Oligochitosan induced *Brassica napus* L. production of NO and H₂O₂ and their physiological function [J]. *Carbohydrate Polymers*, 2009, 75: 612-617.
- [91] Hang Lu, Xiaoming Zhao, Wenxia Wang, et al. Inhibition effect on tobacco mosaic virus and regulation effect on calreticulin of oligochitosan in tobacco by induced Ca²⁺ influx [J]. *Carbohydrate Polymers*, 2010, 82: 136-142.
- [92] Heng Yin, Xiaoming Zhao, Xuefang Bai, Yuguang Du. Molecular Cloning and Characterization of a *Brassica napus* L. MAP Kinase Involved in Oligochitosan-Induced Defense Signaling [J]. *Plant Mol Biol Rep*, 2010, 28: 292-301.
- [93] 卢航, 赵小明, 刘启顺, 等. 两种寡糖类激发子诱导烟草抗烟草花叶病毒研究 [J]. *西北农业学报*, 2009, 18 (5): 113-115.
- [94] 李艳, 李洪艳, 王青, 等. 壳寡糖、一氧化氮和植物激素在烟草气孔运动中的作用及其相互关系 [J]. *植物生理学通讯*, 2010, 46 (6): 575-578.
- [95] 郭卫华, 赵小明, 杜昱光. 壳寡糖对黄瓜种子萌发和幼苗生长及光合特性的影响 [J]. *中国农学通报*, 2009, 25 (03): 164-169.
- [96] Chu YS., Niu XM., Wang YL., et al. Isolation of putative biosynthetic intermediates of prenylated indole alkaloids from a thermophilic fungus *Talaromyces thermophilus* [J]. *Organic letters*, 2010, 12 (19): 4356-4359.
- [97] Li J., Yu L., Yang J., et al. New insights into the evolution of subtilisin-like serine protease genes in *Pezizomycotina* [J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2010, 9 (10): 68.
- [98] Li S., Yu Z., Zhang Y., et al. *Arthrobotrys nonseptata*, a new anamorph from an *Orbilbia* species [J]. *Mycotaxon*, 2009, 109 (1): 247-254.
- [99] Liang L., Liu S., Yang J., et al. Comparison of homology models and crystal structures of cuticle-degrading proteases from nematophagous fungi: structural basis of nematocidal activity [J]. *The FASEB Journal*, 2011, 25 (6): 1894-1902.
- [100] Liang L., Meng Z., Ye F., et al. The crystal structures of two cuticle-degrading proteases from nematophagous fungi and their contribution to infection against nematodes [J]. *The FASEB Journal*, 2010, 24 (5): 1391-1400.
- [101] Niu Q., Huang X., Zhang L., et al. A Trojan horse mechanism of bacterial pathogenesis against nematodes [J].

- Proceedings of the National Academy of Sciences, 2010, 107 (38): 16631–16636.
- [102] Niu X M., Wang Y L., Chu S., et al. Nematodetoxic aurovertin-type metabolites from a root-knot nematode parasitic fungus *Pochonia chlamydosporia* [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2009, 58 (2): 828–834.
- [103] Wang B., Liu X., Wu W., Li S. Purification, characterization, and gene cloning of an alkaline serine protease from a highly virulent strain of the nematode–endoparasitic fungus *Hirsutella rhossiliensis* [J]. Microbiol Res, 2009, 164 (6): 665–673.
- [104] Yang E., Xu L., Yang Y., et al. Origin and evolution of carnivorism in the Ascomycota (fungi) [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2012, 109 (27): 10960–10965.
- [105] Yang J., Wang L., Ji X., et al. Genomic and proteomic analyses of the fungus *Arthrobotrys oligospora* provide insights into nematode–trap formation [J]. PLoS Pathogens, 2011, 7 (9): e1002179.
- [106] Yang J.K., Ye F.P., Mi Q.L., et al. Purification and cloning of an extracellular serine protease from the nematode–trapping fungus *Monacrosporium cystosporium* [J]. J Microbiol Biotechnol. 2008, 18: 852–858.
- [107] Yu Z., Kong Y., Zhang Y., et al. A new *Dactylella* species from *Orbilialba* [J]. The Journal of Microbiology, 2009, 47 (3): 265–269.
- [108] Yu Z., Qin L., Zhang Y., et al. A new *Drechslerella* species isolated from *Orbilialba* cf. *orientalis* [J]. Mycotaxon, 2009, 110 (1): 253–259.
- [109] Zou C.G., Tao N., Liu W.J., et al. Regulation of subtilisin-like protease prC expression by nematode cuticle in the nematophagous fungus *Clonostachys rosea* [J]. Environmental Microbiology, 2010, 12 (12): 3243–3252.
- [110] Zou C.G., Tu H.H., Liu X.Y., et al. PacC in the nematophagous fungus *Clonostachys rosea* controls virulence to nematodes [J]. Environmental Microbiology. 2010, 12 (7): 1868–1877.
- [111] Emission of a serine protease gene prC is up-regulated by oxidative stress in the fungus *Clonostachys rosea*: implications for fungal survival [J]. PLoS ONE. 2010, 5 (10): e13386.
- [112] 张颖, 李国红, 张克勤. 食线虫真菌资源研究概况 [J]. 菌物学报, 2011, 30 (6): 836–845.

撰稿人：杨怀文 邱德文 陈家骅 张克勤 曾凡荣 徐学农 陈志谊 赵小明

入侵生物学学科发展研究

一、引言

随着世界经济一体化格局的逐步形成，国际间的贸易往来日趋频繁，跨国经济活动日益增加，形式多样的国际博览会包括园林博览会、花卉博览会等在为经济发展提供商机的同时，亦为外来物种的入侵提供了机会，新的入侵疫情不断突发。现就近 10 年新发现的入侵物种种类，首次发现的时间和地点，寄主植物及危害，以及目前在我国的分布情况等做一简要介绍（见表 1）。

表 1 我国新发现的入侵物种

物种名称	首次发现的时间及地点	寄主植物 / 危害	国内分布
入侵昆虫（13 种）			
西花蓟马	2003 年，北京	蔬菜、花卉、果树等 500 多种	山西、甘肃、吉林、山东、北京、河南、黑龙江、宁夏、云南、陕西、辽宁、内蒙古、河北、贵州、江苏、新疆、湖南
烟粉虱 MED 隐种（Q 型烟粉虱）	2003 年，云南	蔬菜、花卉、棉花等 600 多种	浙江、江苏、江西、湖南、湖北、广东、广西、海南、云南、贵州、四川、重庆、北京、天津、河北、河南、山东、陕西、山西、新疆等
扶桑绵粉蚧	2008 年，广东	农作物、园林植物、杂草、灌木等 150 多种	台湾、广东、广西、云南、海南、湖南、湖北、福建、江西、浙江、四川、江苏、上海、新疆
二点委夜蛾	2005 年，河北	玉米	河北、山东、江苏、河南、北京、天津、山西、安徽
美洲棘蓟马	2009 年，北京	蔬菜、花卉、烟草等 100 多种	北京
悬铃木方翅网蝽	2008 年，湖北	悬铃木属植物，以及构树、杜鹃花科、山核桃属、白蜡树等	湖北、上海、南京、浙江、重庆、贵州、河南
唐菖蒲蓟马	2003 年，内蒙古	唐菖蒲、鸢尾、杜鹃、百合、大蒜等 20 多种	台湾、香港、北京、内蒙古、辽宁、上海、江苏、浙江、福建、山东、江西

续表

物种名称	首次发现的时间及地点	寄主植物/危害	国内分布
螺旋粉虱	2006年, 海南	蔬菜、花卉、果树、及林木等 480 多种	海南、福建、台湾
双钩巢粉虱	2007年, 广西	果树、林木等 60 多种	海南、广东、广西、香港
新菠萝灰粉蚧	1998年, 海南	金合欢属、人心果属、番荔枝属、玉蕊属、藤黄属、椰仁舅属、芭蕉属、仙人掌属、落尾木属、雨树属、可可树属等水果、观赏植物	广东、海南、台湾
三叶草斑潜蝇	2005年, 广东	茄科、菊科、葫芦科	台湾、广东、海南、浙江
刺桐姬小蜂	2005年, 广东	蝶形花科刺桐属植物, 包括刺桐、杂色刺桐、金脉刺桐、珊瑚刺桐(龙牙花)、鸡冠刺桐(美丽刺桐)、黄脉刺桐、毛刺桐、马提罗亚刺桐等	广东、海南、福建、台湾
桉树枝瘿姬小蜂	2007年, 广西	桃金娘科桉属植物, 包括巨园桉、巨尾桉广林9号、巨尾桉 DH3226 等无性系、窿缘桉、葡萄桉、尤加利、赤桉、蓝桉、西达桉、巨桉、柳叶桉、直杆桉、大叶桉、细叶桉等	广东、广西、海南、江西
入侵性植物病原物(4种)			
南方水稻黑条矮缩病毒	2001年, 广东	水稻、玉米	湖南、江西、广东、广西、海南、浙江、福建、湖北、安徽
香蕉条斑病毒	2007年, 海南	芭蕉属、象腿蕉属以及焦芋、甘蔗	台湾、广东、云南、海南
花生黑腐病菌	2009年, 广东	豆类、北美鹅掌楸、北美枫香以及其他阔叶树种苗	广东
木薯细菌性枯萎病菌	2001年, 广西	木薯	台湾、海南、广东、广西
入侵植物(3种)			
长芒苋	1985年, 北京	危害农田, 降低作物产量	北京、天津、山东、辽宁、广东、广西、江苏
西部苋	2011年, 福建	危害农田, 降低作物产量	福建
春一年蓬	2008年, 上海	危害农田, 影响景观	上海、浙江、江苏、安徽

部分资料引自(徐海根, 强胜, 2011; 万方浩等, 2012)

二、近年来入侵生物学学科取得的重大研究进展

近年来, 在科技部、农业部、国家自然科学基金委员会等相关部门的持续资助下, 使我国入侵生物学学科在基础研究与应用研究等方面取得了相当大的进展, 主要体现在以下几个方面。

(一) 入侵昆虫

1. 烟粉虱

解析了烟粉虱隐种分布和系统演化,推论烟粉虱是一个包含至少 28 个隐种的物种复合体。近期, Dinsdale 等根据全球 200 个烟粉虱单倍型 *COI* 基因序列的同源性进行了系统发育分析,提出 *COI* 基因序列的分化度达到 3.5% 时,即可用于确定烟粉虱在种水平上的分化,由此推论烟粉虱是由至少 24 个隐种构成的复合种,但该推论必须有生殖隔离的数据予以验证。通过对世界各地有关烟粉虱不同种群之间的杂交试验数据的详细分析与综合归纳,显示,到目前为止,全世界已在 14 个推测隐种之间进行了 54 个组合的杂交试验,其中 7 个组合还有详细的行为观察数据。结果表明,在已做过杂交试验的 14 个推测隐种之间,杂交组合多数不产生任何杂交(雌性)子代,或虽产生少量杂交子代,但这些子代或是不育或生命力低下,表明它们之间生殖上是隔离的或基本隔离的,从而从遗传上支持了烟粉虱是一个包含至少 28 个隐种的物种复合体的推论。对交配行为观察的数据均一致表明,生殖隔离主要是因为隐种之间不能交配导致的,即交配前生殖隔离。这些数据代表了 28 个隐种相互杂交的一个较大的随机样本,所得结果首次为“烟粉虱复合种包含许多隐种”这一复杂的自然现象提供了遗传学和行为学证据,使烟粉虱复合种的系统演化研究向前迈出了里程碑的一步。

阐明了交配行为互作在入侵烟粉虱竞争取代土著烟粉虱中的作用,研究了烟粉虱与代谢和抗药性以及双生病毒互惠共生的分子机制。综合应用行为观察、种群竞争试验和种群竞争计算机模拟,研究了多对入侵烟粉虱与土著烟粉虱之间的交配行为互作及其在隐种间竞争取代中的作用。结果表明,在 B 烟粉虱与 ZHJ-2 烟粉虱之间、Q 烟粉虱与 ZHJ-2 烟粉虱之间都存在显著的非对称交配行为互作,从而明显有利 B 烟粉虱和 Q 烟粉虱对 ZHJ-2 烟粉虱的竞争取代。近年来, B 烟粉虱和 Q 烟粉虱在全球范围内广泛入侵并逐步取代土著烟粉虱,入侵烟粉虱和土著烟粉虱隐种间差异的分子基础一直是本领域的关注热点。不过由于基因背景信息缺乏,烟粉虱入侵和取代的分子机制还完全不清楚。研究测定了本地 ZHJ-1 隐种烟粉虱的转录组并和两种入侵烟粉虱(B 和 Q 隐种)的转录组进行了比较。发现,代谢和抗药性相关基因在入侵型和本地型烟粉虱中有较为明显的差异,并找出了几个重要的基因进行了深入分析,研究结果部分解释了入侵型烟粉虱具有较强抗药性和环境适应性的分子机制。通过深入研究烟粉虱和双生病毒互惠共生的分子机制,解析了茉莉酸途径和萜类物质在烟粉虱-病毒通过寄主植物介导形成的间接互惠关系中的作用。研究表明病毒 DNA β 侵染可以抑制植物茉莉酸防御途径,影响茉莉酸的合成,进而导致烟粉虱适合度的提高。同时,病毒侵染可以抑制寄主植物萜类物质的合成,增加了寄主植物对烟粉虱的适合度。这些发现揭示了烟粉虱和病毒互惠关系的部分重要生理和分子机制。

明确了调控烟粉虱卵子形成和调控的相关功能基因,分析验证了转录表达谱及基因功能。克隆获得了 Q 烟粉虱保幼激素酯酶及其结合蛋白基因,并对其转录表达谱、基因功

能进行了分析验证。结果表明, Q 烟粉虱保幼激素酯酶含有昆虫保幼激素酯酶 (JHE) 常见的 5 个功能结构域, 即一个长疏水结合域 GxSxG, 4 个特殊结构功能域 RF、DQ、E 和 GxxHxxD/E, 其中 3 个特殊结构功能域又包涵有 3 个起催化作用的活性三联体 S、E、H。具催化活性的丝氨酸位点附近的 GxSxG 共有序列是 COEs 的关键组成部分, 代表性的是 GQSAG, 烟粉虱该功能域为 GMSAG, 功能结构域的改变可能代表激素信号通路功能的调整。利用推导氨基酸序列进行发育进化树分析表明, Q 烟粉虱保幼激素酯酶与果蝇、埃及伊蚊等的 JHEs 结构相似度很高, 由此推测, Btjhe (烟粉虱保幼激素酯酶) 为烟粉虱的保幼激素酯酶基因, 参与烟粉虱体内保幼激素的特异性降解。同源序列比对分析发现, 该基因与叶蜂相应的保幼激素酯酶基因具有较高的相似度, 为 48%, 与意大利蜜蜂相似性为 47%, 与系统进化分析结果一致。Q 烟粉虱 Btjhe 和 vg (卵黄原蛋白) 在若虫、成虫各时期均有不同程度的表达, 且两个基因的相对表达趋势较为一致。具体表现为若虫期 Btjhe 的表达量相对较低, 在成虫期的表达量随日龄的增长, 总体上呈先增高后降低趋势, Btjhe 基因在烟粉虱不同发育阶段的总体表达趋势为成虫大于若虫。

研究了 B 烟粉虱和温室粉虱在低适温区下的生长繁殖特性, 以及 B 烟粉虱在持续高温胁迫下的耐受能力。为了明确 B 烟粉虱和温室粉虱在低适温区下的生长繁殖特性, 在 15℃、18℃、21℃、24℃ 下研究了两种粉虱的生长发育和繁殖特性及其差异。结果表明, 温度、粉虱种类及两者之间的交互作用对发育历期、存活率和繁殖率均有显著的影响; 15℃ 和 18℃ 下, B 烟粉虱的若虫历期显著长于温室粉虱; 21℃ 和 24℃ 下, B 烟粉虱的若虫历期显著短于温室粉虱; B 烟粉虱的若虫存活率在 15℃ 条件下较 18℃、21℃ 和 24℃ 下显著降低, 但温室粉虱幼虫成活率在 15℃、18℃、21℃ 和 24℃ 条件下无显著差异; 在 15℃、18℃、21℃ 条件下, 温室粉虱若虫存活率较 B 烟粉虱的显著高, 但在 24℃ 条件下, 两种烟粉虱的若虫成活率无显著差异; 在 15℃、18℃、21℃ 条件下, 温室粉虱成虫繁殖率较 B 烟粉虱的显著高, 但在 24℃ 条件下, 温室粉虱成虫繁殖率较 B 烟粉虱的显著低。结果表明, B 烟粉虱适宜较高的环境温度, 而温室粉虱更适应在较低温度下生长繁殖。分别在室内 27℃、31℃、35℃、37℃ 条件下连续饲养 B 烟粉虱 5 代, 比较各处理温度和各世代间烟粉虱的存活、发育和繁殖特性及两性生命表参数。结果表明, 随着温度的升高和代数的增加, 烟粉虱种群适合度降低。27℃ 条件下, 烟粉虱各代间的存活率、发育历期、产卵量、种群内禀增长率 (r) 和净增值率 (R_0) 均较为稳定, 因此 27℃ 是 B 烟粉虱发育和繁殖的适宜温度。35℃ 条件下, 第 4 代和第 5 代的卵孵化率、若虫存活率和成虫产卵量均显著降低。37℃ 条件下饲养 1 代, 其种群内禀增长率和净增值率分别为 $0.0383d^{-1}$ 和 2.8 头, 表明 B 烟粉虱的致死高温高于 37℃。B 烟粉虱对持续高温胁迫的耐受能力将有利于其种群在全球变暖趋势下持续扩张。

阐明了大气 CO₂ 浓度和 O₃ 浓度升高对 B 烟粉虱的影响。① CO₂ 浓度升高: 在开顶式 CO₂ 控制气室 (OTC) 内, 研究了目前 CO₂ 浓度和倍增 CO₂ 浓度条件下转 *Bt* 基因棉 (GK-12) 和亲本棉 (S3) 上 B 烟粉虱的个体大小、解毒酶活性及其对 4 种处理的棉花寄主的选择性。结果表明, CO₂ 浓度升高, 使 F1 代烟粉虱拟蛹的长度、雌虫翅展以及雌、雄虫体

长显著低于对照 CO_2 条件下的, 而对其它世代的烟粉虱影响不显著。B 烟粉虱解毒酶的活性测定显示, 取食高 CO_2 浓度处理的转基因棉 GK-12 上的 F3 代 B 烟粉虱的谷胱甘肽 S 转移酶 (GSTs) 活性和取食亲本棉 S3 的 F1 代的乙酰胆碱酯酶 (AChE) 的活性分别比对照增加了 45.73% 和 27.68%; 而对照 CO_2 条件下, GK-12 棉花上 F1 代烟粉虱 GSTs 活性比 S3 棉花降低 35.12%, 且 CO_2 、品种、世代 3 个处理者间的交互作用对 AChE 酶活影响显著。选择实验结果发现, 4 种处理的 F3 代 B 烟粉虱均喜好选择在高 CO_2 处理的棉花, 而且选择高 CO_2 处理的 GK-12 的数量多于其他处理; 72 小时的产卵量在高 CO_2 处理的棉花上亦多于对照条件下的棉花。表明, 未来 CO_2 浓度升高将通过寄主植物对烟粉虱的个体大小、解毒酶活性及其寄主选择产生一定程度的影响。② O_3 浓度升高: 通过模拟未来加倍 O_3 浓度 (72.2 纳摩尔 / 升), 进一步分析了环境变化对 B 烟粉虱适合度的影响及其作用机制。结果发现, 升高的 O_3 浓度降低了番茄中可溶性糖和游离氨基酸的含量, 增加了苯基丙氨酸解氨酶 (PAL) 的活性和 SA 含量, 同时上调了 PR 蛋白的含量, 增加了次生物质如总酚及浓缩单宁的含量。由此, 延长了生长在 3 种番茄突变体上的 B 烟粉虱的发育历期, 降低了取食 35S 和野生型番茄的 B 烟粉虱的产卵量和内禀增长率。表明, 升高的 O_3 浓度通过降低番茄的营养成分含量、提高 SA 含量和 PR 基因的表达及次生物质的含量, 从而导致了取食 35S 和野生型番茄上的 B 烟粉虱适合度的降低。因此, 在 O_3 浓度的升高的环境下不利于烟粉虱种群的发生。

利用现代基因组学手段, 从基因和蛋白水平系统研究了 B 烟粉虱对噻虫嗪的抗性机制。通过对烟粉虱表达谱和蛋白质组的分析, 分别得到 1338 个和 52 个差异表达基因和蛋白。其中, 大部分基因和蛋白都参与了解毒代谢途径, 诱导烟粉虱产生抗性机制的主要原因与三大解毒代谢酶系的过量表达有关, 包括细胞色素 P450s、谷胱甘肽转移酶 (GSTs) 和羧酸酯酶 (CarEs)。其中, P450 基因家族的基因过量表达在烟粉虱对噻虫嗪药剂抗性产生过程中起重要作用, 是诱导抗性产生的关键因子, 研究结果对烟粉虱的有效防控具有重要意义。

2. 红脂大小蠹

开展了红脂大小蠹寄主偏好性研究, 明确了其对寄主的选择特性以及具有聚集活性 / 性信息素活性的化学物质。红脂大小蠹是 20 世纪 80 年代从美国传入我国的重要森林害虫, 经过数年蛰伏后, 于 1999 年在山西油松林区大暴发。前期研究发现红脂大小蠹喜危害胸径在 30cm 左右的大树。室内开展了红脂大小蠹对油松大树的偏好性模拟试验, 以胸径为 10cm 和 30cm 的油松为材料, 比较研究了红脂大小蠹的进攻行为、对不同树皮的挥发物行为反应, 并进行了寄主油松韧皮的物理测定和营养组分分析 (包括韧皮的厚度、可溶性糖和可溶性氮的含量等) 以及适合度的分析。室内模拟发现, 红脂大小蠹喜欢选择大树树皮进行钻蛀 (dual-choice), 并且在大树段木上有更高的钻蛀成功率 (no choice); Y 型嗅觉仪分析表明, 大树树皮的挥发物对红脂大小蠹有更强的吸引力。进一步分析大树和小树挥发物的组成和含量发现二者挥发物的组成基本一致, 只是相对含量发生了变化, 并

且证实挥发物含量的变化是红脂大小蠹对不同大小胸径寄主树木反应差异的主要原因，大树的韧皮不但为红脂大小蠹提供了更大的空间，减少了蛀食阻力，而且还能为其提供更多的营养物质，获得更大的适合度。以人工模拟红脂大小蠹危害过程的方法以及 GC-MS 分析，研究了红脂大小蠹的信息调控机制，从雌性取食处理组中发现了红脂大小蠹性信息素（frontalin），通过室内行为测定雄性对该种物质更为敏感；野外实验亦证实该种物质起聚集信息素的作用，其诱虫效果是标准诱芯的 3 倍，而且能更多的雄虫，具有性信息素的特性。

研究探讨了红脂大小蠹的配偶识别机制。野外调查和室内模拟发现红脂大小蠹雄虫趋向选择个体大的雌性配对，组成一夫一妻的家庭结构，并且发现子代数量和雌虫个体大小成正相关，从而说明红脂大小蠹雄性选择是基于雌性个体大小，且这种选择具有明显的适合度。通过继续对这种配偶选择机制的深入研究发现，动物偏好选择个体较大的异性是普遍现象，但尚缺乏深入的机制研究。进一步的研究发现信息素的释放量和个体大小不存在相关性，但红脂大小蠹雌虫产生的声音大小和体重存在显著的对应关系；通过声音的回放，证实红脂大小蠹雄虫能辨别声音产生的方向和声音的强弱，从而证实声音在红脂大小蠹配偶选择中具有重要的作用。

3. 稻水象甲

明确了稻水象甲内生菌的种类及其生物学意义。通过对美国得克萨斯州、加利福尼亚州和阿肯色州稻水象甲成虫中肠内生菌的分离和培养，得到了两种以往研究中未曾发现的新的细菌 *Enterobacter oryzae* 和 *Enterococcus faecalis*，两者的 16S rDNA 基因与 GenBank 已知同源序列均具 99% 的相似性。迄今为止，基于培养方法已从稻水象甲中共鉴定到了 6 种内生菌，隶属于 γ -变形菌纲和芽孢杆菌纲。其中一些细菌如 *Lactococcus*、*Pantoea* 在大多数地理种群中可分离到，但也有一些细菌的分布区域明显较窄，如 *Klebsiella* 和 *Acinetobacter* 只在乐清种群中分离到，*Enterobacter* 和 *Enterococcus* 只在美国阿肯色州种群中分离到。比较了稻水象甲原产地及入侵过程不同时空点上的地理种群内生菌的种类，发现美国德州种群（位于原产地）内生菌明显以 *Nardonella* 占优势，其他菌较少；而在意大利以及我国的湖南、云南等入侵地种群中，虽仍不同程度地感染有 *Nardonella*，但以其他菌占优势。先前对 *Wolbachia* 的检测表明，稻水象甲各入侵地种群中的 *Wolbachia* 株系明显不同于原产地种群。通过对细菌 16S rDNA 片段的大量测序，进一步验证了稻水象甲入侵过程中内生细菌种类发生变化的可能性。较晚入侵的地区（浙江、云南等）的稻水象甲其内生细菌种类呈现出少于较早入侵地区（河北唐海等地）种群的趋势。稻水象甲中肠和卵巢中的内生菌种类较少，中肠中发生较为普遍的种类有 *Wolbachia* 和 *Pantoea*，其中 *Wolbachia* 在各取样点均有发生，*Pantoea* 除美国得克萨斯州外其余 4 地均有发生。另外，发现原产地（美国得克萨斯州和阿肯色州）还较多发生有另外一种肠道菌 *Enterobacte* sp.，但在所调查的各入侵地均未发现该种细菌。在美国得克萨斯州、加利福尼亚州以及我国的河北唐海和浙江乐清 4 地，还发现了一些当地特有的肠道菌，这可能体现了稻水象甲在入

侵过程中的一种生态适应性。在两性生殖型和孤雌生殖雌虫卵巢中,除了 *Wolbachia* 外,还感染有 *Rickettsia* 及另外一类未知的内生菌。

研究确证了 *Wolbachia* 是稻水象甲孤雌生殖所必需的内生菌。明确了 *Wolbachia* 是稻水象甲孤雌生殖所必需内生菌的结论。在经庆大霉素处理的雌性成虫所产的卵粒(能正常发育和孵化)当中, *Wolbachia* 仍是优势内生菌, *Rickettsia* 几乎检测不到,另外一种未知菌完全不能检测到。但经四环素处理的雌虫,后代卵粒中这三类菌均检测不到。表明 *Rickettsia* 和另外一种未知菌不是稻水象甲孤雌生殖所必需,而 *Wolbachia* 则必不可少。发现内生菌 *Nardonella* 与稻水象甲生殖的关系十分密切。用针对 *Nardonella* 的抗生素利福平处理象甲后,其产卵量与对照相比无显著差异,但后代卵不能孵化。更为重要的是,在一定的利福平处理浓度范围内,稻水象甲成虫的存活时间随处理浓度的升高而延长。结合之前对 *Wolbachia* 等的研究结果,可知稻水象甲生殖过程中对某些内生菌具很强的依赖性,当这些内生菌缺失时,成虫虽然能够产卵,但所产卵的不能正常孵化。同时,半定量 PCR 法检测发现,稻水象甲幼虫期即感染有该种内生菌,成虫期感染最为明显;生殖系统感染明显,消化系统中少量,而脂肪体中则无。

(二) 入侵植物

1. 紫茎泽兰

构建了 BAC 文库,建立了其大片段核 DNA (HMW-DNA) 提取方法及 HMW-DNA 的部分酶切体系,利用 SSR 位点侧翼序列开发了 35 对标记,完成了紫茎泽兰遗传多样性分析。以紫茎泽兰暗培养幼嫩叶片为材料,采用添加强抗氧化剂、低熔点琼脂糖包埋、蛋白酶 K 原位裂解 DNA 胶块等方法,获得了大片段 DNA (HMW-DNA); 利用 Solexa Hi-seq2000 测序平台对紫茎泽兰的核基因组 DNA 进行了低丰度普查测序 (survey sequencing), 获得 36605831 个 reads, 包含约 3Gb 的序列,理论上覆盖基因组的 1.5 倍,拼接后获得大于 200bp 的序列 5 万多条,构建了紫茎泽兰 BAC 文库,为紫茎泽兰的基因组学研究提供了丰富的序列资源。利用 Solexa 测序技术测定了紫茎泽兰的叶绿体基因组,经拼装表明,其叶绿体基因组全长 150698bp, 编码 130 个基因,基因组组成结构与其他菊科相似;利用测序结果对 6 种菊科植物叶绿体基因组的重复序列、密码子偏性等进行了比较分析,在全基因组水平分析了菊科叶绿体编码基因的系统发生与分子进化;从其叶绿体基因组中鉴定出了 31 个串联重复元件 (tandem repeats) 和 28 Dispersed repeats, 为叶绿体分子标记开发奠定了基础。利用高通量测序及序列分析开发了紫茎泽兰的快速 SSR 分子标记,并对其入侵地和原产地种群的遗传差异和群体遗传结构进行了研究;据此,鉴定了 2835 个 SSR 位点,开发设计了 35 对 SSR 引物。以取自四川和陕西的 3 个向日葵品系为衡量标准,以开发的 SSR 引物和本项目已有的 ISJ 引物完成了来自墨西哥 (2 个地区)、泰国 (1 个地区)、缅甸 (3 个地区)、中国 (19 个地区) 等 25 个地理种群的遗传多样性分析,发现我国境内的紫茎泽兰多态性极低。

研究解析了入侵植物紫茎泽兰在异质环境条件下快速扩散的多因素互作机制。利用 GIS、空间回归和空间连接统计等构建了入侵植物紫茎泽兰多重扩散机制的定量研究方法，阐明了紫茎泽兰在我国横断山脉和长江上游交汇地区异质地理环境条件下突破天然屏障沿河流和公路快速扩散的多因素成因与机制。紫茎泽兰大约于 20 世纪 40 年代由缅甸传入我国与其接壤的云南省，后逐步向北、向东扩散蔓延。70 年代末期，紫茎泽兰向北扩散到了四川的南部与云南省毗邻的地区，此后沿河流和公路向北和东北方向快速扩散，尤其 2000 年以后，紫茎泽兰在扩散速度较之前更快，向北扩散到了重庆市长寿区，甚至湖北秭归都有发现。紫茎泽兰新入侵的川渝地区位于横断山脉的东段，长江上游，境内沟壑纵横，山川南北纵贯，岭谷相间，造就了多样化的地理与生态环境。这既包括了紫茎泽兰扩散的天然屏障——高大的山脉，又包括了扩散的通道——公路、铁路等。由于四川西南是连接云南、四川盆地以及重庆的交通枢纽，很多公路和铁路纵横交错穿过这一地区。紫茎泽兰的快速扩散是否和这一独特的生态地理条件有关，如果有关，哪些因素、如何促进或抑制了紫茎泽兰的扩散？这些都是探明紫茎泽兰在这一地区扩散机制的关键。通过对紫茎泽兰在四川和重庆（川渝）地区的系统调查，重构了其扩散的时空动态，进而结合 GIS、空间回归和空间连接统计等方法，揭示了紫茎泽兰在横断山脉和长江上游异质地理条件下沿河流和公路快速扩散是其自身生物学特性和当地地理生态特点多种因素之间一系列耦合关系共同作用的结果：即紫茎泽兰种子量大，种子轻且具冠毛，种子成熟期恰逢西南季风气候盛行季节，加之在西南季风风向与南北走向的山脉相一致等一系列耦合关系的共同作用下持续促进紫茎泽兰借助水流和风力沿河流向上游和下游迅速扩散。人类沿公路和铁路的各种活动，加速了紫茎泽兰沿河谷的扩散，并且促进了其在相邻山谷之间的扩散。此外，1998 年长江流域特大洪水使大量的紫茎泽兰地上茎破碎并以营养繁殖体的形式离开原位随洪流冲入河道从而获得远距离传播的机会和能力，进而极大地促进了紫茎泽兰的营养体沿河流的扩散。

开展了紫茎泽兰入侵种群的生物学和生态学适应性机制研究，为植物性状特征的差异对于外来植物成功入侵提供了直接的野外实验证据。低海拔地区紫茎泽兰生物量显著高于高海拔地区，紫茎泽兰在低海拔地区有更强的竞争力。紫茎泽兰植株 N、P、K 含量在花期内减少，表明植株由营养生长转向生殖生长。高海拔地区紫茎泽兰种子形态和重量大于低海拔地区紫茎泽兰种子，海拔 2100m 的紫茎泽兰种子在各因素下发芽率和发芽指数均最大。紫茎泽兰种子的萌发对环境因素有较宽的适应范围，表明紫茎泽兰可能会对其他未被入侵的地区造成威胁。通过连续三年入侵植物紫茎泽兰和共同生长的本土植物的物候模式、高度、生物量积累和分配的比较研究发现，紫茎泽兰的物候模式与共生的本土植物明显不同，相对于共生的本土植物，紫茎泽兰拥有更长的营养生长周期、较高的生物量积累和较大的地上/地下生物量分配。以紫茎泽兰的这种性状优势作为重要值，显著高于所有其他共生的本土植物，并不断地随时间而增强，导致本土植物优势逐渐减弱。研究结果为植物性状特征的差异对于外来植物成功入侵提供了直接的野外实验证据，同时也为外来入侵植物紫茎泽兰的防治提供了新的理论基础。

2. 喜旱莲子草（空心莲子草）

开展了喜旱莲子草表型可塑性的研究，为入侵杂草群体在不同生境条件下的快速适应机制提供了佐证。表型可塑性是许多生物的普遍性状，它能提高有机体在不同生境条件下的适合度。但在很多情况下有机体对环境的变化存在一个显著的延迟现象，这种时间延迟对物种适应性和个体适合度的影响一直缺乏研究。以喜旱莲子草的性别可塑性为研究对象，通过交互移栽实验深入研究了可塑性的反应延迟现象的意义。结果表明，喜旱莲子草的雄蕊发育表现出可塑性。这种可塑性在其无性后代上表现为显著受到环境和母体性特征两方面的影响。并且环境对喜旱莲子草性别转变的诱导存在一个阈值，当母体与其无性系后代环境的差值超过阈值范围时，后代群体的性别改变比例会显著的提高，环境差值和群体性比变化速率呈三次方曲线。对不同性别群体在同一生境条件下的生活史特征进行比较可以发现，两者之间有显著的不同。本研究表明，性系统可塑性的延迟特征为群体在提高不同生境条件下的适应性和维持表型分化之间提供了权衡，由于喜旱莲子草有性生殖的不成功，这种维持表型分化的机制不是选择的结果，而是可塑性的延迟（即亚稳定性）的结果。

进行了影响喜旱莲子草性别可塑性表现形式的环境因子的研究。亚稳定可塑性会显著影响植物个体的适合度和个体对环境的反应模式，因此，探讨其起因和维持机制成为非常重要的科学问题。喜旱莲子草性别特征表现为亚稳定可塑性而其他表型特征为常规的可塑性。通过正交控制实验，量化喜旱莲子草的表型特征在不同环境条件下的可塑性表现。结果表明，决定喜旱莲子草性别可塑性和其他大多数可塑性的环境因素相同；在不同环境条件下，喜旱莲子草个体性别大多表现为完全心皮化或雌雄同花，在二者之间的多种中间形态不足总个体数的 1%。进而可以推断，喜旱莲子草的性别亚稳定可塑性有两个亚稳态，亚稳定可塑性特征的产生由喜旱莲子草内部因素决定。

构建了喜旱莲子草花序正反向 SSH cDNA 文库并进行了 EST 分析，为解析喜旱莲子草快速入侵与适应性进化奠定了基础。利用 SSH 技术构建了喜旱莲子草雌雄同花和雄蕊心皮化花序的正反向基因表达的 cDNA 文库。对文库部分克隆的分析发现，EST 功能涉及花性别发育、细胞代谢、生长发育、抗性适应、转录调控、酶调节、叶绿体和胞质基因、细胞内组件等 8 种不同功能类型。共筛选到 8 类与已知调控花性别发育相关的 EST，如 HD 基因家族、MADS-box 基因家族、线粒体基因、CCLS4 家族蛋白等。

建立了莲草直胸跳甲“冬季保种—早春扩繁—大棚饲养”三步法的简易规模化生产流程，辅助以早春种群助增与夏季大量助迁等释放技术，实现了喜旱莲子草大区域的可持续治理。莲草直胸跳甲 (*Agasicles hygrophila* Selman Vogt) 是喜旱莲子草的专一性天敌昆虫，以成虫和幼虫聚集取食喜旱莲子草的茎秆和叶片，致使植株萎蔫、茎秆断折枯死、不能蘖生新苗，尤以 3 龄幼虫和产卵前期的成虫取食量最大。莲草直胸跳甲尤其适应温带和亚热带气候条件，发育适温范围为 20 ~ 30℃，这与我国喜旱莲子草分布区的气候条件非常吻合，因此其在我国具有广阔应用前景。此外，实地调查和低温模拟研究表明，莲草

直胸跳甲引入我国后的 20 年内越冬区域显著北移，而种群经历长期自然冷驯化是其成功北迁的关键机制。在明确莲草直胸跳甲规模化生产的环境参数的基础上，建立了莲草直胸跳甲“冬季保种—早春扩繁—大棚饲养”三步法的简易规模化生产技术流程；每个塑料大棚（240 平方米）年产莲草直胸跳甲 190 万头，实现了规模化生产（周忠实等，2011）。为了在短期内获取较高的天敌昆虫种群数量，以迅速达到最佳控制效果，研究建立了喜旱莲子草天敌昆虫莲草直胸跳甲早春种群助增与夏季大量助迁的释放技术。早春（5 月底前），在喜旱莲子草重灾区，采用多区域、多点、助增式释放天敌的方法（一般情况下，南、中、北亚热带每亩分别释放莲草直胸跳甲 1000 头、2000 头和 2000 头）；在夏季（7 月中下旬），天敌昆虫在释放区自然增殖 2 ~ 3 代后，采用远距离人工助迁（人工采集带有莲草直胸跳甲蛹的茎秆，或直接捕捉成虫，转移到释放点以外的区域进行释放）的方法，使控制区域扩大 50 ~ 60 倍。在生物防治区，莲草直胸跳甲对喜旱莲子草起到了良好的控制效果，显著降低了喜旱莲子草对农田的危害。

3. 薇甘菊

研究了林窗和开阔地两种生境中薇甘菊种群的生物量生殖分配，为寻求有效抑制薇甘菊入侵蔓延的生态防控对策提供了理论依据。从种群和构件水平上研究了两种生境（林窗和开阔地）中薇甘菊种群的生物量生殖分配。结果表明，当薇甘菊处于生殖生长过程中时，两种生境中的种群用于营养生长的生物量分配均占有绝对优势，而生殖生长的波动相对较大。花序的生物量分配（RA）总体上均呈现由低到高的变化趋势。在不同时期，林窗薇甘菊种群的营养枝生物量分配均小于开阔地，而除了种子形成期和种子成熟期以外的其他各个时期，林窗中生殖枝的生物量分配均大于开阔地，林窗中花序的生物量分配均显著大于开阔地。表明，薇甘菊能有效权衡其在不同生境中的繁殖策略，在开阔地中，薇甘菊种群的繁殖策略更倾向于克隆繁殖；而林窗生境中，薇甘菊种群则相对更倾向于有性生殖。

开展了薇甘菊可溶性蛋白和抗氧化酶活性对田野菟丝子不同寄生密度响应的研究，对入侵杂草薇甘菊的生物控制具有重要意义。以未被田野菟丝子寄生的薇甘菊为对照，研究了当有 1 棵、2 棵、4 棵和 8 棵田野菟丝子幼苗寄生时，薇甘菊可溶性蛋白和一些抗氧化酶活性的响应。结果显示，寄生后 30d，薇甘菊可溶性蛋白含量显著降低。与对照相比，当寄生密度为 1 棵 / 株时，超氧化物歧化酶（SOD）和过氧化物酶（POD）的活性显著增强；但随着寄生密度的加大两种酶的活性降低。当寄生密度为 4 棵 / 株时，SOD 的活性与对照相当，POD 的活性则低于对照；当寄生密度为 8 棵 / 株时，两种酶的活性均显著低于对照。在各寄生密度下，寄主的过氧化氢酶（CAT）活性均小于对照，而 SOD / CAT，SOD / POD 和 SOD / (CAT + POD) 比率均大于对照。表明，田野菟丝子的寄生对薇甘菊可溶性蛋白和抗氧化酶活性的影响依赖于寄生密度，在野外利用田野菟丝子控制薇甘菊的最理想寄生密度是 4 棵 / 株，从而可为野外利用田野菟丝子控制薇甘菊的技术体系提供参考。

(三) 入侵性植物病原物

1. 大豆疫霉

研究了大豆疫霉与寄主的协同进化,有助于揭示病原菌的致病机制以及与寄主的适应性进化。以大豆疫霉一类重要的 CRN 效应因子为研究对象,详细分析了它们在疫霉菌基因组中的分布特点和进化规律。发现它们在不同疫霉菌种中表现出不同的进化规律,在大豆疫霉中表现为“得”大于“失”,总数量达到 202 个,而在橡树疫霉中则相反,基因组中只有 61 个;进一步分析发现它们在大豆疫霉菌基因组中的扩张主要有两种方式,一是基因的复制,二是基因的重组,而且每种方式又有具体的三种机制;最后发现在基因组中新出现的基因表现出功能多样化的趋势,有的为诱导寄主的免疫反应,有的相反,它们共同起作用促进病原菌的侵染。在前期对大豆疫霉效应因子功能分析的基础上,进一步对其中的一组效应因子进行系统研究,发现,大豆疫霉为了与寄主大豆建立起成功的侵染,进化出了包含有多种功能的一组效应因子,这些效应因子有的能激活植物的免疫反应以促进植物的抗病性,有的能抑制植物的免疫反应以帮助病原菌的侵染;同时,大豆疫霉已经进化出了一套“巧妙”的转录调控机制,以控制那些具有免疫激发活性的效应因子在互作后期的表达,而那些具有抑制活性的效应因子则在前期表达,从而实现了其前期活体营养型后期死体营养型的目的;然后,这些具有不同时空表达特异性与活性功能的效应因子又通过互相协作来达到有效抑制寄主防卫反应的能力,该研究对于揭示病原菌的致病机制以及与寄主的适应性进化具有重要意义,研究结果以封面论文的形式发表在植物学权威期刊 *Plant Cell* 上。同时,利用生物信息技术鉴定了另外一组大豆疫霉效应因子,系统地研究了它们的功能及分子机制,该结果已发表在植物学权威期刊 *Plant Physiology* 上。

开展了大豆对大豆疫霉菌广谱抗病的机制研究,在分子水平上解释了大豆 *Rps1k* 基因能广为使用的主要原因。在生产上,控制大豆疫霉病害的主要策略就是抗病育种,其中大豆的 *Rps1k* 基因已经使用二十余年,并且发现该基因在大多数大豆种植地区有效,尤其对于国内的菌株具有很好的效果。为充分了解大豆 *Rps1k* 基因的广谱抗病机制,利用图位克隆的方法鉴定了其相对应的无毒基因 *Avr1k*。结果表明,大豆 *Rps1k* 基因能同时识别大豆疫霉的两个无毒基因,一个是已经克隆的 *Avr1b*,一个是本研究克隆的 *Avr1k*;这两个基因对于病原菌的致病性均具有重要作用,因此很难在进化上同时丢失,使得生产上常见的大豆疫霉菌株都含有其中的至少一个无毒基因,从而从分子水平上解释了大豆 *Rps1k* 基因能广为使用的原因。进一步的多态性分析发现, *Avr1b* 的丢失主要有三种机制,包括基因组上的删除、关键氨基酸位点的突变以及转录水平上的沉默;而 *Avr1k* 的丢失机制是假基因化,这为监控田间病原菌的变异奠定了工作基础。

2. 松材线虫

开展了松材线虫和拟松材线虫比较转录组分析,解析了寄生性相关蛋白在松材线虫

的寄生性和对松树寄主的适应性中的作用。利用高通量 RNA-Seq 技术对松材线虫和拟松材线虫进行了比较转录组分析, 组装出 23765 条和 21785 contigs (>300bp), 其中 60% 以上与秀丽隐杆线虫 (*Caenorhabditis elegans*) 相同。预测出 23467 条和 21370 条 ORFs。通过 KEGG 功能分析发现, 参与毒物代谢途径的酶的种类很丰富, 主要包括细胞色素氧化酶 (CYP450)、谷胱甘肽转移酶 (GST)、UDP-葡萄糖苷酸转移酶 (UGT) 和短连脱氧酶/还原酶 (SDR), 它们对寄主次生代谢物中有毒化合物的降解起重要的作用。除已报道的寄生性相关蛋白外, 在松材线虫转录组中还发现有 6 个新的寄生性相关蛋白 VAPs (venom allergen-like proteins), 其中 2 个在拟松材线虫转录组中找到同源序列。进一步的研究表明, 这些寄生性相关蛋白在松材线虫的寄生性和对松树寄主的适应性中起着重要的作用。

利用真菌介导松材线虫 RNAi 功能基因分析技术, 揭示了 *daf-3*、*daf-9*、*daf-12*、*daf-16-1*、*daf-16-2* 等滞育调控基因对发育、繁殖量、脂肪积累等性状的影响效应, 为进一步解析松材线虫繁殖-扩散转换的分子机制提供了依据。基于松材线虫全基因组分离出滞育相关基因 *daf-3*、*daf-9*、*daf-12* 和 *daf-16*, 利用农杆菌介导灰葡萄孢菌表达松材线虫基因 dsRNA 的技术, 敲低松材线虫 *daf-3*、*daf-9*、*daf-12*、*daf-16-1*、*daf-16-2* 基因的表达, 发现在 RNAi 菌和对照菌 (空载体、sGFP) 上培养松材线虫, 荧光定量 RT-PCR 检测连续培养 10 代后松材线虫 *daf-3*、*daf-9*、*daf-12*、*daf-16-1*、*daf-16-2* 基因 mRNA 的表达量均下降近 20 倍, 而取食转 sGFP 基因 dsRNA 菌株对松材线虫其各个靶标基因的表达量与对照 (转空载体) 无显著差异。同时, 研究建立的真菌喂饲法介导松材线虫 RNAi 功能基因分析方法, 解决了体外合成 dsRNA 浸泡法不能对松材线虫进行长期干扰的难题, 为松材线虫功能基因组学研究提供了高通量技术平台。统计连续 10 代干扰后对松材线虫发育、繁殖量、脂肪积累的影响, 发现外源基因 sGFP 与对照 (空载体) 对松材线虫的发育速度影响差异不大, 说明非靶性的外源 dsRNA 对松材线虫的发育速度没有影响, 但 *daf-9*、*daf-12*、*daf-16-2* 基因下调表达后, 松材线虫的发育速度显著低于对照, 而 *daf-3*、*daf-16-1* 基因表达下调后对其发育速度影响不大。培养 9 天后 *daf-9*、*daf-12* RNAi 处理的线虫繁殖总量显著减少, *daf-16-1* 和 *daf-16-2* RNAi 处理的线虫总量显著高于对照水平, 但 *daf-3*、sGFP RNAi 处理的线虫总量无影响。从转有各个靶标基因发夹结构的灰葡萄孢菌上洗脱连续培养 10 代的线虫后, 随机挑取 200 条接种于对应的灰葡萄孢菌上, 25℃培养 10 天后收集线虫, 分析各个处理对松材线虫脂肪含量的影响, 结果表明经 *daf-9* 和 *daf-12* RNAi 处理的线虫脂肪积累量菌有所增加, 其中 *daf-9* 基因 RNAi 处理的线虫脂肪积累量增加显著, 而 *daf-3*、*daf-16-1*、*daf-16-2* 基因 RNAi 处理的线虫脂肪变化不大, 但 GFP 基因 RNAi 处理的线虫脂肪含量增多 (Niu et al. 2012; Wang et al. 2012a; Yan et al. 2012)。

(四) 入侵生物早期预警与监测技术体系的构建

系统构建了入侵生物传入-适生-扩散的定性和定量风险评估技术, 使我国入侵生物风险分析从定性提升到了定量水平。基于外来有害生物入侵的有序过程, 首创了针对不同

入侵环节的定量风险评估技术：①研发了以路径分析、蒙特卡洛模拟仿真技术和最大虫口限量原理为基础的入侵生物传入的定量风险分析技术和方法，创建了计算机分析平台，本技术平台可精确定量评估进出口货物中特定有害生物的传入风险，为入侵生物疫情分析提供了快捷的判别方法。②采用生物数学、种群动态模拟和系统分析理论与方法，构建了适生性风险评估模型，结合 CLIMAX、GARP 和 MAXENT 等模型对比分析，创建了“模型构建—模型比较—风险划分”的适生性风险评估技术体系，阐明了入侵生物适生性风险分析的关键因素，实现了入侵物种适生区预测的通用性、现实性和精确性。③采用 GIS、时空动态等分析模型构建了入侵生物扩散的定量风险评估技术与方法，系统阐明了重要入侵生物种群扩张的过程与模式，明确了人类活动、地理环境因素与物种自身生物生态学特性对其种群扩张的影响机制。

首次创建了实蝇类和蓟马类 DNA 条形码鉴定技术与远程比对分析系统，实现了重大入侵昆虫的远程比对和鉴定。针对果蔬调运中经常截获幼体和成虫残体的问题，采用 DNA 条形码通用型引物，通过对靶标 DNA 片段的序列比对与分析，首次建立了适用于我国现状的从“样品保存→DNA 提取→PCR 扩增→序列测定→相似性比对→种类确定→二维识别码转换”的实蝇类鉴定 DNA 条形码技术系统。完成了来自泰国等地的实蝇种类鉴定，提高了检出率，使鉴定周期从 10 ~ 15 天缩短为 12 ~ 48 小时。目前本技术体系可对 5 属 185 种具有重要经济价值的入侵实蝇类进行种类鉴定 (Li et al., 2011; 刘慎思等, 2012)。蓟马类害虫体型小，种类多，为害隐蔽，易远距离携带传播扩散。以西花蓟马等为研究靶标，以近缘种属蓟马为参照，通过对靶标片段碱基序列的测序及比对分析，以邻接法构建系统发育树，Kimura 模型计算种内种间遗传距离，研发构建了蓟马类 DNA 条形码鉴定技术体系。完成了来自美国等国西花蓟马的鉴定，明确了我国的西花蓟马有羽扇豆和温室 2 个品系。目前本识别系统可对 3 科 35 属 133 种具有重要经济价值的蓟马类害虫进行种类识别 (乔玮娜等, 2012)。本项研究已获得计算机软件著作权 2 项 (实蝇条形码鉴定系统 V1.0, 2011SRBJ0406; 中国主要外来入侵昆虫 DNA 条形码识别系统 1.0, 2012SR034887)。

研制了重要入侵生物监测新技术，解决了人工调查存在时空间隙与疫情暴发难以及时发现的难题。针对传统野外考察工作中卡片式填写程序繁琐、工作量大且难以定位，对采集数据完整性无法实时掌控，业内数据录入工作量大，数据出错概率高等问题，研发了基于 PDA 的入侵生物野外数据和图像自动采集仪及实时远程传输软件系统。本系统集成 GPS 模块、图像采集模块和无线通信模块，实现了入侵生物的基础数据采集、经纬度数据采集、图像数据采集及其实时上传。针对入侵植物病害、入侵节肢动物和入侵植物等，分别制作了普查和标准地调查电子表单共计 24 套。建立了适用于田间调查的入侵生物野外数据采集软件系统。针对局部发生的毁灭性重大入侵害虫苹果蠹蛾、柑橘大实蝇等可自主扩散或被动传播的问题，将专一性性诱/食诱与红外电子感应、全球定位系统、视频监控、3G 无线通信、数据访问接口和地理信息系统等技术集成，建立了我国重大入侵害虫实时远程监控的信息采集、处理与发布技术体系，形成了用于大区域无线远程自动识别与监测

的设备——野外无人监测仪。以调查区域网格化、数据采集规范化、图片资料坐标化为准则，规范了紫茎泽兰等入侵杂草的监测方法。本项研究已获得计算机软件著作权 2 项（外来入侵物种野外数据采集系统 1.0，2011SR034082；中国重大外来入侵昆虫远程监控系统 1.0，2012SR034889）。

集成构建了入侵物种早期预警与监测检测信息平台，极大提升了入侵生物的预警和监控的水平与能力。基于研发的入侵物种信息编目、安全性评估、入侵生物传入—适生—扩散—危害的风险等级评估、入侵生物检测监测技术与条形码鉴定技术，创建了集基本信息库、野外数据库、地理分布信息库、安全性评价系统、DNA 条形码识别与诊断系统、远程监控系统等六大功能为一体的中国入侵物种早期预警与检测监测技术数据库系统，形成了一体化的农业入侵生物预警与监控技术信息平台。获得计算机软件著作权 4 项（中国外来入侵物种数据库系统 1.0，2011SR034815；中国外来入侵物种地理分布信息系统 1.0，2011SR034816；实蝇条形码鉴定系统 V1.0，2011SRBJ0406；中国主要外来入侵昆虫 DNA 条形码识别系统 1.0，2012SR034887），已经在全国范围应用。

三、与国内外研究进展比较

尽管在各层面研究团队的共同努力下，在入侵生物预警与监控方面已取得了一定的进展，构建了入侵生物预警平台，创建了重大入侵昆虫类群 DNA 条形码鉴定技术与远程比对分析系统，研发了基于 PDA 的入侵生物野外数据和图像自动采集仪及实时远程传输软件系统，建立了我国重大入侵害虫实时远程监控的信息采集、处理与发布技术体系，研制成了用于大区域无线远程自动识别与监测的设备——野外无人监测仪，形成了一体化的入侵生物预警与监控信息平台，基本形成了符合我国国情的入侵生物学学科体系。然而，就国外生物入侵学学科研究的发展趋势而言，入侵生物的检测和监测手段及其自动化水平尚有待提高，高度危险的潜在的外来有害生物的检测方法和标准尚未形成体系，还远远不能满足维护国家安全、应对国内突发事件的实际需求；持久的对国内外疫情调查、风险分析以及疫情数据库管理等方面尚有待进一步完善和加强；利用转基因技术控制入侵害虫的研究刚刚起步，与国外研究还存在相当大的差距。

四、入侵生物学学科发展趋势及建议

1. 生物入侵与微进化

入侵物种极易发生变异是其能在入侵地快速适应新环境并暴发成灾的根源，其中微进化起了主导作用。入侵种入侵到新环境后，必然对入侵地环境产生一系列的适应性变化，包括对非生物环境（如温度、湿度、光照、降水等）和生物环境（如入侵种、本地种、寄

主植物等的关系)的适应性变异,在这复杂的生态系统中,其遗传或表型发生改变是其快速适应新环境的先决条件。因此,从微进化角度研究入侵种适应机制及其与本地种和寄主的协同适应,解析入侵种暴发成灾机制具有重要意义。

2. 气候变化下入侵生物与天敌的格局变化

生物防治是持续治理入侵物种最有效的措施。然而,在全球气候变化下,入侵生物与自然控制因素(天敌昆虫和致病微生物)间的互作关系将发生显著的变化,从而影响天敌的控制效能。因此,明确气候变化下入侵植物、入侵昆虫及其生防天敌的生态适应性和应用协同性,建立气候变化下入侵植物及入侵昆虫的生物防治策略和技术体系及其协调应用,对于全面提升抵御外来生物入侵的能力,保障国家农业生产安全和生态安全具有重要的战略意义。

参 考 文 献

- [1] 邓汝芳,刘文平,刘卫. 影响喜旱莲子草性别可塑性表现形式的环境因子的研究[J]. 广西植物, 2011, 31(4): 485-489.
- [2] 洪岚,刘梦佼,沈浩,等. 两种生境中薇甘菊种群的生物量生殖分配[J]. 武汉植物学研究, 2010, 28(5): 598-605.
- [3] 刘梦佼,洪岚,沈浩,等. 薇甘菊可溶性蛋白和抗氧化酶活性对田野菟丝子不同寄生密度的响应[J]. 广西植物, 2011, 31(4): 520-525.
- [4] 刘慎思,张桂芬,武强,等. 橘小实蝇幼体及成虫残体 DNA 条形码识别技术的建立与应用[J]. 昆虫学报, 2012, 55: 336-343.
- [5] 乔玮娜,万方浩,张爱兵,等. DNA 条形码技术在田间常见蓟马种类识别中的应用[J]. 昆虫学报, 2012, 55: 344-356.
- [6] 万方浩,刘全儒,谢明,等. 生物入侵:中国外来入侵植物图鉴[J]. 北京:科学出版社. 2012, 303.
- [7] 王兰英,陈洁,刘卫. 喜旱莲子草花序正反向 SSH cDNA 文库的构建及 EST 分析[J]. 中国科学院研究生院学报, 2012, 29(6): 767-774.
- [8] 王学霞,王国红,戈峰. 大气 CO₂ 浓度升高对 B 型烟粉虱大小、酶活及其寄主的选择性影响[J]. 生态学报, 2011, 31(3): 629-637.
- [9] 徐海根,强胜 主编. 中国外来入侵生物[M]. 北京:科学出版社. 2011, 684.
- [10] 周忠实,郭建英,李保平,等. 豚草和空心莲子草分布与区域减灾策略[J]. 生物安全学报, 2011, 20(4): 263-266.
- [11] Chen SJ, Lu F, Cheng JA, et al. Identification and biological role of the endosymbionts *Wolbachia* in rice water weevil (Coleoptera: Curculionidae)[J]. Environmental Entomology, 2012, 41: 469-477.
- [12] Cui HY, Sun YC, Su JW, Ge F. Elevated O₃ reduces the fitness of *Bemisia tabaci* fed on three tomato genotypes differing in JA pathway[J]. Arthropod-Plant Interactions, 2012, 6(3): 425-437.
- [13] Guo JY, Fu JW, Xian XQ, Ma MY, Wan FH. Performance of *Agasicles hygrophila* (Coleoptera: Chrysomelidae), a biological control agent of invasive alligator weed, at low non-freezing temperatures[J]. Biological Invasions, 2011, 14: 1597-1608.
- [14] Guo JY, Dong SZ, Yang XL, et al. Enhanced vitellogenesis in a whitefly via feeding on a begomovirus-infected

- plant[J]. PLoS ONE, 2012, 7(8): e43567.
- [15] Guo JY, Cong L, Wan FH. Multiple generation effects of high temperature on the development and fecundity of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) biotype B [J]. Insect Science, 2012, DOI: 10.1111/j.1744-7917.2012.01546.x.
- [16] Li ZM, Li ZH, Wang FX, Lin W, Wu JJ. TBIS: a web-based expert system for identification of Tephritid fruit flies in China based on DNA barcode [C]. CCTA 2010: In: Computer and Computing Technologies in Agriculture, Part III, IFIP AICT, 2011, 346: 563-571.
- [17] Liu SS, Colvin J, De Barro PJ. Species concepts as applied to the whitefly *Bemisia tabaci* systematics: how many species are there? [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2012, 11: 176-186.
- [18] Liu TL, Ye W, Ru Y, et al. Two host cytoplasmic effectors are required for pathogenesis of *Phytophthora sojae* by suppression of host defenses [J]. Plant Physiology, 2011, 155: 490-501.
- [19] Liu W, Deng RF, Liu WP, et al. Phenotypic differentiation is associated with gender plasticity and its responsive delay to environmental changes in *Alternanthera philoxeroides* [J]. PLoS ONE, 2011, 6(11): e27238.
- [20] Liu ZD, Xu BB, Li L, Sun JH. Host-size mediated trade-off in a parasitoid *Sclerodermus harmand* [J]. PLoS ONE, 2011, 6(8): e23260.
- [21] Luan JB, Liu SS. Differences in mating behavior lead to asymmetric mating interactions and consequential changes in sex ratio between an invasive and an indigenous whitefly [J]. Integrative Zoology, 2012, 7: 1-15.
- [22] Nie XJ, Lü SZ, Zhang YX, et al. Complete chloroplast genome of a major invasive species, Crofton weed (*Ageratina adenophora* L.) [J]. PLoS ONE, 2012, 7(5): e36869.
- [23] Nie XJ, Song WN, et al. Development of microsatellite markers in *Ageratina adenophora* (Asteraceae) (crofton weed) using NGS technology [J]. American Journal of Botany, 2012.
- [24] Niu HT, Zhao LL, Min Lu, et al. The ratio and concentration of two monoterpenes mediate fecundity of the pinewood nematode and growth of its associated fungi [J]. PLoS ONE, 2012, 7(2): e31716.
- [25] Wang R, Wang YZ. Invasion dynamics and potential spread of the invasive alien plant species *Ageratina adenophora* (Asteraceae) in China [J]. Diversities and Distributions, 2006, 12(4): 397-408.
- [26] Wang DD, Cheng XY, Wang YS, et al. Characterization and expression of *daf9* and *daf12* genes in the pinewood nematode, *Bursaphenches xylophilus*. [J]. Forest Pathology, 2012, doi: 10.1111/efp.12011.
- [27] Wang P, Crowder DW, Liu SS. Roles of mating behavioural interactions and life history traits in the competition between alien and indigenous whiteflies [J]. Bulletin of Entomological Research, 2012, 102: 395-405.
- [28] Wang QQ, Han C, Ferreira AO, et al. Transcriptional programming and functional interactions within the *Phytophthora sojae* RXLR effector repertoire [J]. Plant Cell, 2011,23: 2064-2086 (cover story).
- [29] Wang R, Wang JF, Qiu ZJ, et al. Multiple mechanisms underlie rapid expansion of an invasive alien plant [J]. New Phytologist, 2011, 191: 828-839.
- [30] Xie M, Wan FH, Chen YH, Wu G. Effects of temperature on the growth and reproduction characteristics of *Bemisia tabaci* B-biotype and *Trialeurodes vaporariorum* [J]. Journal of Applied Entomology, 2011, 135: 252-257.
- [31] Xie W, Yang X, Wang SL, et al. Comparison of the gene expression profiles of thiamethoxam-resistant and susceptible B-biotype *Bemisia tabaci* [J]. Journal of Insect Science, 2012, 12: 46.
- [32] Yan X, Cheng XY, Wang YS, et al. Comparative transcriptomics of two pathogenic pinewood nematodes yields insights into parasitic adaptation to life on pine hosts [J]. Gene, 2012, 505: 81-90.
- [33] Zhao YJ, Yang XJ, Xi XQ, et al. Phenotypic plasticity in the invasion of crofton weed (*Eupatorium adenophorum*) in China [J]. Weed Science, 2012, 60: 431-439.

撰稿人：万方浩 张桂芬 刘树生 郭建英 郑小波 王瑞
王源超 谢丙炎 刘万学 孙江华 周忠实

植物病虫害监测预警学

学科发展研究

一、引言

1. 植物病虫害监测预警学科的定义

农作物重大病虫害灾害的实时监测和早期预警，是及时、有效地控制其暴发成灾的先决条件之一。由于农作物病虫害鼠等生物灾害的发生危害受作物布局、栽培耕作制度、品种抗性、害虫的迁飞、滞育规律、病害流行规律、农田小气候及气象条件等诸多因素的影响，鉴于我国幅员辽阔、耕作栽培制度各不相同，加之近年来气候条件的改变，致使我国农作物病虫害的发生表现出突发性、暴发性和流行性为害的特点，对农作物稳产丰产造成巨大威胁。因此，利用现代信息化技术如昆虫雷达对迁飞性害虫的迁飞行为进行实时监测；利用地面高光谱和低空航空遥感技术对病虫害为害程度进行监测；利用空中气流场分析研究高空气流对迁飞昆虫和病菌孢子的传播作用以及利用物联网等网络信息技术开展数字化预测预报和信息的收集与发布等，对于指导该类生物灾害的有效治理具有重要作用。

植物病虫害监测预警学是研究植物病虫害生物灾害发生危害动态、监测预警原理和方法的科学，是近代发展起来的植物保护分支学科。农作物病虫害监测预警学定位于利用遥感（remote sensing, RS）、地理信息系统（geography information system, GIS）和全球定位系统（global positioning system, GPS）等“3S”技术、分子定量技术、物联网、灯诱、性诱、黄板和田间抽样调查技术，对农作物病虫害的发生危害动态开展系统监测，结合计算机信息技术、数理统计建模、人工智能、大区宏观分析等技术，开展农作物病虫害发生危害动态的监测，暴发危害趋势的评估，并开展早期预警和防治决策，以指导农业生产防治。信息技术、分子生物学技术等其他学科发展的思路和方法直接推动了病虫害监测预警学科的进步，因而决定了有关病虫害灾变预测研究迫切需要突破在单学科、单一系统的封闭框架内进行研究的方式而代之以开放的多学科交叉和多途径综合研究。“3S”技术等高新技术的应用和非线性科学、大气科学等的迅猛发展，为进一步开展灾变发生的关键信息和引发灾变

的关键因子进行大规模综合研究提供了前所未有的基础平台和技术手段。同时，病虫害测报学又是一门实践性极强的应用学科，其优先研究领域和当前国家农业生产的重大科技需求及潜在的需求高度相关，国家宏观政策的调整、农技推广队伍的变化，农作物种植制度和栽培方式的演替都随时在影响着病虫害监测预警研究的重点和方向。因此，病虫害监测预警研究从来都是紧扣国家目标紧贴生产实际、与国家行政和农业技术推广部门密切互动共同发展的。

2. 植物病虫害监测预警学科的研究概貌

中国的粮食问题历来是对国计民生具有特殊重要性的重大问题，21 世纪的中国粮食问题对世界的影响更为举世瞩目。人口和资源的双重压力使我国农业当前和今后都将面临着长期食物安全保障的重大任务，进一步提高对有害生物的灾变预警能力已成为各级政府的共识。将农作物病虫害的测报和防控从专业技术部门的研究和推广行为上升到了国家层面的政府行为尤为重要。近年来，国家对农业研究和推广的投入大幅增加，一批“973”项目和公益性行业专项先后立项，国家现代农业产业技术体系的建设全面开始，国家植保工程大规模铺开，国家级和省级病虫害测报区域站得到了前所未有的大发展。由全国农业技术推广服务中心牵头建立的全国 600 多个区域站，初步实现了病虫害情报的网络化传输、自动化处理和可视化发布，为病虫害监测预警研究的深入开展和逐步实现有害生物的数字预警奠定了良好的基础。

近年来，中国农业科学院植物保护研究所程登发和吴孔明研究团队组建的毫米波和厘米波昆虫雷达系统，布局于广西桂林兴安、山东省北隍城岛、内蒙古锡林浩特，加上河南省农业科学院植物保护研究所封洪强研究团队位于河南新乡的厘米波垂直监测昆虫雷达、南京农业大学翟保平研究团队位于江苏江浦的收发分离的垂直监测昆虫雷达和北京市农林科学院植保环保所石宝才研究团队位于北京延庆的厘米波垂直监测昆虫雷达，对我国主要迁飞性害虫如稻飞虱、稻纵卷叶螟、草地螟、黏虫、棉铃虫等开展了实时监测，在 2008 年草地螟大暴发和 2012 年黏虫大暴发提供了可靠的监测数据，为防草地螟保奥运会和草地螟、黏虫的治理以及稻飞虱防控决策方面均做出了贡献。南京农业大学翟保平研究团队 2008 年以来与全国多家研究单位合作组团，考察越老缅泰近 30 次，基本上明确了我国东部稻区（包括滇东、滇东南）两迁害虫的早期迁入虫源来自越南中南部和中部、老挝万象平原和沙湾拿吉及泰东北，主迁峰虫源来自越南红河三角洲，而滇西和滇西南的虫源来自缅甸伊洛瓦底平原和泰北。2011 年和 2013 年的六次回迁种群考察，初步明确了回迁到越南的稻飞虱种群因食物链被打断而全军覆没，而春季迁入我国的稻飞虱种群源于越南中部稻区飞虱种群的重建。种群重建的虫源则来自于越南中南部沿海稻区广南、广义和平定三省，富安省及柬埔寨洞里萨湖周边稻区也能提供少量虫源。中国农业科学院植物保护研究所周益林研究团队和中国农业大学马占鸿研究团队等利用高光谱遥感技术，通过对地面高光谱和低空航空遥感技术对小麦白粉病和小麦条锈病田间危害进行了研究，明确了遥感参数与这两种病害发生程度的关系，并建立了相应的基于遥感参数的病害估计模型。中国农

业科学院植物保护研究所周益林研究团队还利用车载和固定式病菌孢子捕捉器研究了田间小麦白粉病空中孢子数量与田间发病程度的关系,结果表明它们存在显著正相关,并建立了预测预报模型。全国农业技术推广服务中心建立了数字化的预测预报信息系统,开展了我国主要农作物病虫害发生危害动态的数字化数据收集和结合地理信息系统的预报信息发布,并在引进比利时马铃薯晚疫病自动化监测预报系统的基础上加以改进和完善,在我国主要马铃薯产区进行了推广应用。

二、植物病虫害监测预警学科近年的发展现状

我国在农作物病虫害监测预警研究和应用的许多方面已经取得了突破性进展。利用遥感、地理信息系统和全球定位系统等“3S”技术、分子定量技术、生态环境建模分析和计算机网络信息交换技术,结合各种地理数据如病虫害发生的历史数据和作物布局及气象变化与预测等众多相关信息,采用空间分析、人工智能和模拟模型等手段和方法,开展系统和科学的分析,在此基础上进行预测预报和防治决策,将农作物病虫害的监测预警提高到一个新的高度。在水稻“两迁”害虫的监测、黏虫大发生的预警、小麦病虫害发生危害的监测预警等应用方面都取得了可喜的进展。

1. 小麦条锈病菌源区勘界和异地测报技术的研究

以中国农业科学院植保所陈万权研究员研究组为牵头单位的全国小麦锈病和白粉病协作组,通过全国多个单位多年的协作攻关,在中国小麦条锈病菌源区勘界、异地测报以及生态治理技术体系应用和成效等方面取得了重大创新与突破,此成果《小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系的构建与应用》获得了2013年国家科技进步一等奖。该研究通过对陇南、陇中小麦条锈病菌源区病菌越冬和秋苗发病情况进行了连续9年的大面积考察和系统调查,结果表明,甘肃省天水、陇南、定西、临夏等地区小麦自生麦苗剪密度高、苗龄大、感病重;秋苗发病早、秋季菌源量大,是导致当地乃至全国小麦条锈病春季流行的最关键因素。根据最近20年大量的调查数据综合分析,发现陇南秋苗菌源数量与全国小麦条锈病发生流行程度密切相关。以菌源区秋季菌源数量为基础,结合全国小麦品种布局、气候发生趋势等进行小麦条锈病发生趋势中长期异地测报,准确率达到100%,已在小麦条锈病预测预报中应用。其具体指标是:菌源区秋苗条锈病病田率达到90.0%以上、病叶率5.0%以上,全国小麦条锈病大流行;菌源区秋苗条锈病病田率70.0%~90.0%、病叶率2.0%~5.0%,全国小麦条锈病中度偏重流行;菌源区秋苗条锈病病田率40.0%~70.0%、病叶率0.5%~2.0%,全国小麦条锈病中度偏轻流行;菌源区秋苗条锈病病田率40.0%以下、病叶率0.5%以下,全国小麦条锈病则轻度流行或不流行。例如,2009—2012年利用该技术对全国小麦条锈病大流行态势于冬前做出了准确预测,为赢得小麦条锈病防控的全面胜利发挥了重要作用。

2. 小麦白粉病监测预警技术的研究

中国农业科学院植保所小麦白粉病实验室近年来分别利用地面高光谱和低空数字图像对小麦白粉病的发生情况进行了监测,分析了病情和其相关遥感参数的关系,建立了基于遥感参数的病害估计模型。在对两年度病害发生数字图像的颜色特征值 R (红)、G (绿)、B (蓝) 分析的基础上,对 H (色调)、S (饱和度) 和 I (亮度) 也进行了分析,结果发现在正常种植密度情况下,基于距地面不同高度数字图像的 H、I、S 值与田间小麦白粉病病情存在极显著的关系,在种植密度较稀的条件下,仅 I 值与田间病情之间存在显著地相关性,而且 2 年度基于 I 所建的白粉病病情指数估计模型在正常种植密度下无显著差异。

近年来该实验室利用定容式孢子捕捉器对空气中白粉菌分生孢子的流行动态监测的结果表明,在病害的春季流行阶段空气中白粉菌的分生孢子浓度首先逐渐增加,在灌浆期达到最大值后逐渐减小。空气中的分生孢子浓度与大气的温度、太阳辐射及风速有关,其中温度是影响田间病害发生发展的主要因素;空气中病原菌孢子浓度存在两种方式的日变化,其中一种和环境条件有显著地关系,另一种和环境的关系不大;时间序列分析结果表明 2 年度空气中白粉菌分生孢子浓度均符合 ARIMA (1, 1, 0) 模型,在此分析的基础上,建立了基于空气中孢子浓度的田间病情预测模型。

在对小麦白粉菌及小麦的特异性引物筛选和其对其灵敏度研究的基础上,该实验室还建立了 Real-time PCR 定量测定小麦叶片中潜伏侵染的小麦白粉菌的方法和技术,采用此技术对田间人工接种和田间自然发生情况下不同地区未显症小麦叶片进行检测,并与实际调查病情指数或取样培养发病的病情指数进行比较,结果表明不同时间不同地块小麦叶片样品、中国农业科学院植物保护研究所农场人工接种小麦试验田和陕西省眉县槐芽镇地块不同小区小麦叶片样品 Real-time PCR 检测的 MDX 与病情指数 DX 之间有显著的相关性,相关系数分别为 0.7201 ($P=0.0001$)、0.6222 ($P=0.0005$) 和 0.6803 ($P=0.0001$),说明 Real-time PCR 能够快速检测到田间潜伏侵染的小麦白粉菌,并且可以应用 MDX 与 DX 的相关性预测小麦白粉病发生情况,此研究为早期预测田间小麦白粉病流行趋势提供了新的手段。

在建立孢子捕捉带上白粉菌孢子 DNA 提取技术的基础上,利用以上开发的 Real-time PCR 技术对定容式孢子捕捉器上捕捉的孢子进行了定量检测,结果发现此技术检测并计算出来的孢子浓度和显微镜下人工计数计算出来的孢子浓度具有极显著的正相关性,由于 Real-time PCR 技术具有特异性、准确性和工作效率高等优点,表明 Real-time PCR 技术可用于对捕捉带上病菌分子孢子的定量检测和监测。

3. 马铃薯晚疫病监测预警系统的研究和应用

马铃薯晚疫病监测预警系统是由农业部全国农技中心和比利时瓦隆区农业工程中心负责实施,马铃薯晚疫病监测预警系统由比利时引进,在各地应用中不断创新,由重庆市牵头与相关公司合作,在硬件设备改进,软件系统研发方面取得了成效,采用 B/S、C/S 混合结构,完成数据上报、数据查询、统计分析、内部办公等功能,满足部、市与县三级对

病虫害信息实时监控的需要,通过 internet 上报数据、查询、数据同步等需要,满足系统内部的办公自动化的需要。将监测终端、无线通信、Web 技术、地理信息系统(GIS)、疫病知识、防治建议有机地结合在一起,利用现代通信手段和计算机技术进行信息收集与综合分析,能够对监测地的马铃薯晚疫病信息进行实时监控、预警和诊断的信息系统。该系统在马铃薯生长期全程实时监测田间温湿度特环境因子,分析并预测疫病田间流行时间,对农户种植的马铃薯是否需要药剂防治进行科学的预测决策,从而在及时组织预防、降低病害损失方面取得了良好的效果。系统在相关数据的采集、分析、预警及防控技术信息发布等方面具有操作简便,界面友好,实时性强等特点,具有较好的推广前景。研讨过程中,与会代表建议将专家经验、人工智能技术、决策支持系统(DSS)和药剂供应等内容增加到系统中,形成智能化、数字化的防治决策支持系统,更有效地为马铃薯生产、特别是病虫害防治服务。

4. 水稻“两迁”害虫的实时监控

毫米波扫描昆虫雷达由中国农业科学院植物保护研究所与成都锦江电子系统有限公司合作,于 2007 年成功组建,雷达波长为 8.0 毫米,旋转抛物面天线直径为 1.2 米、焦距长为 405 毫米,峰值功率为 10 千瓦,发射频率 3500 兆赫兹。天线扫描和信号采集由工控计算机控制,其回波信号在计算机上显示并同步存储为图像和数据文件供分析用。

2007 年以来,毫米波昆虫雷达设置在农业部广西桂林有害生物防治野外科学观测试验站开展水稻“两迁”害虫的监测。对稻飞虱的迁飞过程的系统监测结果表明:秋季褐飞虱一般在 300 ~ 1100 米范围内密度较高,分别在 300 ~ 400 米、500 ~ 700 米和 800 ~ 1100 米范围内形成三个虫层。在褐飞虱迁飞高峰期,一般日落之后雷达回波就开始增加,回波一般在 20:00 时左右达到最大,凌晨之后空中回波数量明显减少,有时后半夜也会出现回波高峰,回波高峰持续到 5:00 时以后才逐渐消失。毫米波昆虫雷达观测到了褐飞虱定向现象,褐飞虱在秋季大致呈南—北定向,与当时的东北风向呈一定的夹角。稻飞虱在年度间的迁入高峰期和迁入量都有一定的差异,但大体上迁飞走向是一致的,5 ~ 6 月份的虫源主要是在西南气流的运载下,从广西南部 and 越南北部迁入而来。随着本地早稻的成熟,在西南气流的支持下稻飞虱将飞往湖南中东部稻区,在 24 小时的迁飞长度下将到达安徽中部以及河南西南部稻区。秋季的迁飞较复杂,因为我国南北水稻并不是严格的从北向南依次成熟,在稻飞虱从北部迁向桂东北地区时,本地因水稻处于成熟期也存在向外迁出的虫源,在东北风发生变化的情况下,稻飞虱有可能不向南迁,而发生方向不定的“乱迁”和“回迁”,湖南中东部地区是秋季迁入广西兴安的主要虫源地。秋季从广西兴安迁出的褐飞虱经过 12 小时的迁飞主要到达广西中部稻区,24 小时后主要到达广西西南部稻区。稻飞虱前期迁入受降雨影响较大,一般每次的迁入都伴随着降雨,在迁飞高峰期垂直气流都比较微弱,因而对其影响不明显。

5. 2012 年黏虫大发生的原因分析及预测

2012 年 8 月上旬三代黏虫幼虫在我国华北北部和东北地区突然暴发,面积之大、范

围之广、密度之高为近 10 年罕见，中国农业科学院植物保护研究所监测预警研究室通过探照灯和垂直昆虫雷达的多年连续监测，结合气象因素、迁飞高峰期的天气背景分析和迁飞路线的轨迹模拟，分析了 2012 年三代黏虫大发生的原因。在 1 代已积累较高虫源量的基础上，7 月中下旬华北和东北地区适中温度和频繁降雨为 2 代成虫迁飞、繁殖提供了有利的条件，适宜的寄主为 3 代幼虫取食提供了充足的食物来源，是导致华北和东北地区 3 代黏虫大发生的两个主要因素。虫源分析显示华北北部和辽宁中西部重灾区虫源主要来自本地，部分虫源来自重灾区的周边地区，受降雨和下沉气流影响大部分集中降落华北北部和辽宁中西部地区，一部分继续迁飞进入东北地区。东北重灾区虫源大部分来自本地，受偏西气流和降雨的影响，东北地区二代成虫未形成有效迁出，黑龙江北部二代成虫在气流运载下向南迁飞，受锋面天气影响降落在黑龙江、吉林交界处，与华北地区迁入的成虫汇集后，不断进行短距离迁飞扩散，聚集危害，造成东北地区大面积发生，局部严重发生。

针对大家对第 4 代黏虫可能会继续暴发成灾，并且发生面积和危害程度可能超过 3 代黏虫的担心，研究者根据前人研究资料和近年的野外监测结果、大气环流对成虫迁飞的影响、农作物生育期、暴发危害的气候条件等方面，分析预测了第 4 代黏虫不会在我国农作物上造成大范围的危害，建议局部地区加强监测。该建议于 2012 年 9 月 14 ~ 15 日在北京召开了全国黏虫监控工作研讨会上提出，得到了农业部种植业管理司和全国农业技术推广服务中心的认可。从目前情况来看，当时的预测是完全准确的，为指导农业生产防治提供了有力的技术支撑。

6. 蚜虫监测预警网络系统的建立

吸虫塔 (suction trap) 是当前欧美等国用于蚜虫动态监控和预警的大型植保测报设备，已经在欧洲和北美形成成熟的蚜虫监测预警网络系统，为蚜虫的防控提供了依据。在公益性行业 (农业) 科研专项“蚜虫防控技术研究 with 示范”和“作物蚜虫综合防控体系研究与推广”的支持下，中国科学院动物研究所和河南省济源白云实业有限公司联合，借鉴英国和美国的吸虫塔工作原理，经过半年多的摸索试验，成功研发出国产吸虫塔，同国外产品相比较，国产吸虫塔具有成本低廉，材料轻便、坚固耐用等特点。自 2008 年开始陆续在我国的东北、华北、华中、华东、西北等地布局，共安装了 21 台吸虫塔。初步构建了覆盖我国小麦和大豆主要产区的基于吸虫塔的蚜虫迁移动态的监测预警系统，为其综合防控提供重要的监测数据。初步建成的基于吸虫塔蚜虫预警网络及其试运行结果表明，该网络所获得的数据不仅可以作为蚜虫发生为害预警的重要依据，为早期制定和布置防控措施提供依据，而且同时也可以作为其他小型迁飞性害虫的测报预警的重要手段，相信随着吸虫塔在更广地域的布局 and 不断完善，以及各监测点数据的综合分析，该网络系统必将为我国包括蚜虫在内的小型迁飞性害虫的早期预警和指导防控做出重要贡献。

7. 地理信息系统平台应用

中国农业科学院植物保护研究所和南京农业大学等在地理信息系统数据平台和现代统

计方法的支持下,开展了棉铃虫、草地螟、稻飞虱等重大病虫害区域性暴发成灾的风险分析和生产季节中的植被数据、气象数据对病虫害发生过程的影响,分析各种因素在病虫害暴发成灾过程中的贡献程度以及各因子之间的相互关系,建立了响应的统计模型;研制了马铃薯甲虫、红火蚁、烟粉虱、小麦矮腥黑穗病等重大入侵性害虫的暴发成灾风险评估系统,开展标准化的定性定量风险评估,为重大入侵性病虫害暴发成灾提供风险治理对策。利用稻飞虱、蚜虫、棉铃虫、小麦条锈病、小麦白粉病等重大病虫害区域性暴发的历史数据、地形地貌数据,结合室内、田间试验结果,区域性大尺度监测结果以及统计模型分析结果,研究了重大农作物病虫害暴发成灾动态机理模型、越夏和越冬区划和早期预警模型,提供了农作物病虫害预警与治理的决策支持。

8. 数字化监测预警系统的建设

数字化监测预警系统的建设是提高农作物重大病虫害测报能力的重要途径和手段。近年来,在农业部领导的高度重视和种植业管理司的大力推动下,在全国农业技术推广服务中心的组织协调下,我国农作物重大病虫害数字化监测预警通过信息的标准化采集、网络化传输、自动化处理、可视化发布以及信息的咨询服务、视频会商与防控指挥、远程诊断与实时监控、数据库和网络管理等技术,使农作物病虫害的监测预警工作逐渐走向数字化和信息化。目前已经初步建成了全国农作物重大病虫害数字化网络平台,显著加快了测报信息的传递速度和处理能力。数字化监测预警系统平台主要实现了以下功能:①系统内容基本覆盖了主要粮食、经济作物以及果树、蔬菜病虫害近百种,占各地监测对象的85%以上;②系统功能基本覆盖主要测报业务,包括了测报信息上报、数据智能分析、预报信息发布、监测站点管理、内部网络办公等功能;③系统应用基本覆盖了国家系统平台及20多个省级系统以及约1340个病虫害测报区域站、监测点,推广使用测报站点覆盖率达85%以上,江苏、安徽等省数字化系统实现了全覆盖。实现了测报数据报送网络化、加快了信息传输速度;初步实现了测报信息分析智能化、提升了快速反应能力;实现了预报发布方式多元化,提高了测报信息到位率;实现了数据库建设标准化,初步建成国家病虫害测报数据库。在数字化监测预警方面通过加大宣传、加大投入、加大培训和行业推动,再通过3~5年的建设,进一步完善国家系统、健全省级系统、推进全国联网,逐步构建起以国家系统为支撑、省级系统为骨干、县级用户为单元的重大病虫害数字化监测预警网络体系,显著提高重大病虫害的监测预警能力,为植保防灾减灾提供更为有力的技术支撑。

三、植物病虫害监测预警学科国内外研究进展比较

总体而言,我国在农作物病虫害监测预警研究和应用的许多方面与国外先进水平相比,尽管起步比较晚,但部分研究已基本与国际先进水平接轨。

在植物病虫害测报学的昆虫迁飞规律和昆虫雷达监测研究方面,英国洛桑试验站主

要开展空中种群迁飞行为及蜜蜂取食花蜜后的低空回巢行为方面的基础性研究。近年他们从马来西亚招聘了一位雷达专业的博士，继续自主地开展昆虫雷达组装和测试研究。2010年英国洛桑农业研究所科学家 Jason Chapman 在 *Science* 杂志上撰文指出，蝴蝶和蛾子在迁徙时会借助风的力量，“搭便车”用很短时间便可到达温带气候地区。英国科学家通过两套特别的雷达设备，跟踪调查蝴蝶和蛾子的迁徙情况。结果发现，蝴蝶和蛾子在迁徙时会寻找吹往目的地的风，然后顺风飞行。这样它们的飞行速度最高可达每小时 100 千米，比鸟类还快，仅仅几个晚上便可成功抵达地中海海岸。同时，Jason Chapman 及其同事根据昆虫雷达、地面灯诱集和种群建模探索了丫纹夜蛾的年度迁徙，2012 年在 *PNAS* 上发表研究论文研究发现，昆虫每年夏季从那些位于低纬度地区的水上栖息地迁往温带区域时，与昆虫种群规模会减少的观点相反，向高纬度进行季节性迁徙，可能给昆虫带来较高的生殖收益。澳大利亚的雷达专家近年来继续开展澳大利亚沙漠蝗的监测和垂直昆虫雷达目标识别方面的研究。我国近年来主要把经历放在利用目前所具备的 7 台昆虫雷达开展稻飞虱、稻纵卷叶螟、黏虫和草地螟等在我国迁飞规律和大暴发的实时监测和早期预警方面。其目标瞄准切实解决生产实际问题，为农业生产提供技术支撑方面。同时，密切与国内雷达公司相结合，继续研制组装高性能昆虫雷达系统，完善监测技术。

美国爱荷华州立大学 Guan 等（2003）运用地面 GPS 定位，通过地面高光谱测量、小型飞机搭载光谱仪低空飞行和 Landsat-7 分别获得地面、航空和卫星三个不同平台的遥感数据，利用 GIS 系统进行数据分析，监测大豆孢囊线虫（*Heterodera glycines*）的危害范围和程度，建立了田间病情与地面光谱以及航空和卫星遥感数据的关系。

在植物病害的高光谱研究方面，国外早在 20 世纪 70 年代初就已开始这方面的研究，特别是进入 21 世纪后国外利用光谱反射率对多种植物病害进行了研究，涉及大田作物、蔬菜等 10 多种病害。我国 2001 年才开始有利用光谱反射率开展植物病害研究报道，但近年来国内广大研究人员在多种作物病害上做了大量相关研究。在植物病害的航空遥感研究方面，国外在 1929 年就有利用航空相片开展植物病害遥感识别的报道。70 年代前国外的研究者就利用航空照片对多种农作物、果树病害如棉花根腐病、香蕉穿孔线虫等进行了遥感研究。由于当时技术条件的限制，研究均采用的是胶卷照片，后来随着数码技术的发展，利用航空数码照片和多光谱图像结合航空平台在植物病害监测研究上得到了广泛应用，研究的病害涉及多种作物和果林病害等。国内刘良云等（2004）首次利用多时相的高光谱航空图像对冬小麦条锈病进行了研究，以后石进等（2006）、乔红波等（2006）、罗菊花等（2010）、冷伟锋等（2012）、曹学仁（2012）、姚冬明（2013）等先后利用航空或无人机遥感技术对松材线虫、小麦白粉病、条锈病等病害进行了研究。在植物病害的高空卫星遥感研究方面，美国爱荷华州立大学 Guan 等（2003）运用地面 GPS 定位，通过地面高光谱测量、小型飞机搭载光谱仪低空飞行和 Landsat-7 分别获得地面、航空和卫星三个不同平台的遥感数据，利用 GIS 系统进行数据分析，开展了大豆孢囊线虫危害范围和程度的监测研究。我国虽然最早从 80 年代初就开始运用陆地卫星数据进行农作物的估产，但是由于作物病害往往只在局部发生，而且同一地块的不同区域发病程度往往差异较大，特

别是由于常用的卫星和国产卫星的分辨率较低，而高分辨率卫星图像获得比较难，因此利用卫星遥感技术估计田间病害研究报道还较少。郭洁滨（2009）和张玉萍等（2011）采用 SPOT2 和 SPOT5 对小麦条锈病的遥感监测技术进行了探索性研究。

在利用孢子捕捉器监测病害研究方面，国外早在 1953 年 Hirst 就利用孢子捕捉器对苹果黑星病的初侵染源进行了研究。以后的研究者先后利用孢子捕捉器对大蒜紫斑病病菌、苹果白粉病菌等多种大田作物、蔬菜、果树病害进行了监测及其相应病害预测模型的研究。国内目前这方面的研究报道较少，胡同乐等（2002）使用“河农型”电动式孢子捕捉器对苹果冠层斑点落叶病分生孢子的飞散动态进行了研究；曹学仁等（2012）采用 Burkard 定容式孢子捕捉器对田间小麦白粉病菌空气孢子进行了监测研究。在分子生物学技术在植物病原物监测上的应用方面，国内外均得益于近年来 Real-time PCR 技术的发展进步，国外 Fraaije 等（2005）根据孢子捕捉器捕捉到的小麦壳针孢叶枯病菌，利用 Real-time PCR 技术研究了该病原菌对 QoI 类杀菌剂的抗性状况。Luo 等（2007）研究开发出了空气中核果褐腐菌孢子的 Real-time PCR 定量技术，可通过测定来自 Burkard 孢子捕捉器的样品孢子的 DNA 浓度，定量估计空气中此病原菌的孢子浓度；以后的研究者采用此技术还对油菜的三种重要病害和葱鳞葡萄孢菌等进行了 Real-time PCR 定量检测技术的研究。我国在这方面的研究报道较少，曹学仁（2012）开发出了用于检测孢子捕捉器捕捉带上孢子的 Real-time PCR 技术，用此技术获得的空气中小麦白粉菌分生孢子浓度和显微镜下计数获得的孢子浓度具有极显著地正相关性。

四、植物病虫害监测预警学科主要发展趋势及对策

1. 目前我国植物病虫害监测预警学科存在的问题

“十二五”期间，由于国家改变了项目的设立机制，一些科研单位也在研究导向方面发生了一些改变，使农作物病虫害监测预警、预测预报的研究被纳入了不同的作物之中，使其研究力量有所分散，重视程度也不如以前，加之目前的评价体系也导致一些年轻人不愿从事田间生态方面的宏观研究，导致监测预警研究遇到困难。学科的设置，也使监测预警学科后继乏人，特别是随着高等教育改革后第一批大学毕业生陆续退休，病虫害监测预警学方面的人才又再次面临青黄不接的局面，亟待引起各级部门的高度重视。

2. 主要发展趋势与展望

研究生物灾变预测的目的在于事先的应变，即尽力找到引发病虫害灾变的触发点和临界值，以便在灾变发生前采取相应措施，化解大发生种群或群体的形成。生物灾变的发生具有大强度、小概率、复杂性（多因子相互作用）、混沌性（非常规趋势）和突变性、量变到质变，能量积累后的突然释放的特点。多尺度效应是复杂系统所具有的典型特征，系统的变异程度往往取决于研究时所取的尺度。在非常细微的时空尺度上，随机现象会使系

统变得不可预测，但若放大研究尺度，也即将不可预测和无法重复的个例上升到这些事例的集合，系统的行为便可表现出某种程度的规律性。从而使系统的变异性下降而可预测性增强。因此，开展宏微观结合，多学科交叉的多尺度和多途径综合研究应是植物病虫害监测预警学科的最佳选择。

随着全球气候变化的加剧，近年来我国气候出现北涝南旱、气温急剧变化等特点，导致我国农业生态环境发生明显改变，由于北方雨水充沛使北方地区农作物和杂草等都长势茂盛，为杂食性害虫如草地螟和黏虫等的大暴发提供了有利条件。环境条件的变化，也导致迁飞性害虫的暴发危害规律和气传性病害的流行规律也发生重大变化，其大发生的频率和程度都不同程度的加大，农业生产防治面临严峻挑战，也给病虫害监测预警研究提出新的更高的要求，遥感、地理信息系统和全球定位技术以及物联网等网络信息技术的迅猛发展，为植物病虫害监测预警学科提供了发展的良好机遇，技术的进步将使迁飞性害虫和气传病害的监测预警技术发生重大变革。

农业部余欣荣副部长在 2012 年中国植物保护学会成立 50 周年的农作物重大病虫害科学防控高层论坛上的“建设现代植保，服务现代农业”讲话中提出要创新理念，建立科学植保、公共植保和绿色植保，其中就要求实现农作物病虫害监测预警的信息化，采用重大措施大力推进植保科技创新与应用，大力加强重大病虫害监测预警工作。相信有各级领导的重视和支持以及全体植保科技工作者的努力，必将推动我国植物病虫害测报学的向前发展。

3. 对策及建议

针对近年来我国农作物上的主要病虫害呈现突发性、暴发性和流行性危害的特点，我们一方面要加强暴发和流行危害机理的研究，同时加强“3S”技术、分子定量技术等高新技术在病虫害发生危害实时监测和早期预警方面的研究和推广应用。只有微观和宏观相结合、传统手段和高新技术相结合，科研、教学和推广密切结合，才能最终使测报科学应用于农业生产实践。

1) 针对一些突发性、暴发性和流行性的重大病虫害（如黏虫、草地螟、稻飞虱、小麦条锈病、赤霉病等），建议加强监测预警、迁飞流行规律和暴发流行危害机理等方面的研究，为控制其大暴发和应急防控提供技术储备。

2) 加强既懂“3S”技术、计算机网络信息技术和又掌握农业病虫害发生为害规律及暴发流行成灾机理方面的人才培养。

3) 昆虫雷达监测迁飞性害虫和病菌孢子捕捉技术已经基本上成熟，建议相关部门考虑推广应用。

4) 加强基层农技推广部门的建设和经费支持，强化田间监测和预测预报等公益性工作，做到对突发性、暴发性和流行性病虫害及早发现，及时预警，确保有效防控。

5) 建议国家各级财政，事先留出一些突发性农作物病虫害灾害的应急防控资金，各级农技推广服务部门做好农药和药械的储备，健全和完善专业化的防控队伍，做到重大农作物病虫害的统防统治和群防群控。

参考文献

- [1] Chapman J.W., Bell J.R., Burgin L.E., et al. Seasonal migration to high latitudes results in major reproductive benefits in an insect [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2012, 109 (37): 14924–14929.
- [2] Chapman J.W., Drake V. A., Reynolds R.D. Recent insights from radar studies of insect flight [J]. *Annual Review of Entomology*, 2011, 56: 337–356.
- [3] Chapman J.W., Nesbit R.L., Burgin L.E., et al. Flight orientation behaviors promote optimal migration trajectories in high-flying insects [J]. *Science*, 2010, 327 (5966): 682–685.
- [4] Chapman J.W., Reynolds D.R., Hill J.K., et al. A seasonal switch in compass orientation in a high-flying migrant moth [J]. *Current Biology*, 2008, 18 (19): R908–R909.
- [5] Wood C.R., Clark S.J., Barlow J.F., et al. Layers of nocturnal insect migrants at high-altitude: the influence of atmospheric conditions on their formation [J]. *Agricultural and Forest Entomology*, 2010, 12 (1): 113–121.
- [6] Xueren Cao, Xiayu Duan, Yilin Zhou, Yong Luo. Dynamics in concentrations of *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* conidia and its relationship to local weather conditions. and disease index in wheat [J]. *Eur J Plant Pathol*, 2012, 132: 525–535.
- [7] Yaming Zheng, Yong Luo, Yilin Zhou, et al. Real-time PCR quantification of latent infection of wheat powdery mildew in the field [J]. *Eur J Plant Pathol.*, DOI 10.1007/s10658-013-0188-5.
- [8] Xueren Cao, Yong Luo, Yilin Zhou, et al. Detection of powdery mildew in two winter wheat cultivars using canopy hyperspectral reflectance [J]. *Crop Protection*, 2013, 45: 124–131.
- [9] Jia Wenming, Zhou Yilin, Duan Xiayu, Luo Yong, Ding Shengli, Cao Xueren and Bruce D L Fitt. Assessment of risk of establishment of wheat dwarf bunt (*Tilletia controversa*) in China [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2013, 12 (1): 87–94.
- [10] 蒋春先, 齐会会, 孙明阳, 等. 2010年广西兴安地区稻纵卷叶螟发生动态及迁飞轨迹分析 [J]. *生态学报*, 2011, 31 (21): 6495–6504.
- [11] 蒋春先, 齐会会, 孙明阳, 等. 稻纵卷叶螟种群动态变化的探照灯诱虫器监测 [J]. *植物保护学报*, 2011, 38 (03): 193–201.
- [12] 蒋月丽, 武予清, 段云, 等. 吸虫塔诱捕的昆虫种类及对麦蚜的监测效果研究 [J]. *应用昆虫学报*, 2011, 48 (6): 1708–1714.
- [13] 刘万才, 姜玉英, 张跃进, 等. 我国农业有害生物监测预警 30 年发展成就 [J]. *中国植保导刊*, 2010, 30 (9): 35–39.
- [14] 刘宇, 刘万才, 韩梅. 农作物重大病虫害数字化监测预警系统建设进展 [J]. *中国植保导刊*, 2011, 31 (2): 33–35.
- [15] 齐会会, 张云慧, 程登发, 等. 褐飞虱 2009 年秋季回迁的雷达监测及轨迹分析 [J]. *昆虫学报*, 2010, 53 (11): 1256–1264.
- [16] 齐会会, 张云慧, 蒋春先, 等. 广西东北部稻区白背飞虱早期迁入虫源分析 [J]. *中国农业科学*, 2011, 44 (16): 3333–3342.
- [17] 乔格侠, 秦启联, 梁红斌, 等. 蚜虫新型预警网络的构建及其绿色防控技术研究 [J]. *应用昆虫学报*, 2011, 48 (6): 1596–1601.
- [18] 翟保平. 农作物病虫测报学的发展与展望 [J]. *植物保护*, 2010, 36 (4): 10–14.
- [19] 张云慧, 张智, 姜玉英, 等. 2012 年三代黏虫大发生原因初步分析 [J]. *植物保护*, 2012, 38 (5): 1–8.
- [20] 钟天润, 刘万才, 黄冲. 加快数字化监测预警建设为建设现代植保提供支撑 [J]. *中国植保导刊*, 2012, 32 (12): 5–7.

- [21] 曹学仁. 小麦白粉病的遥感监测及捕捉器中孢子的 Real-time PCR 定量检测技术 [D]. 中国农业科学院博士论文, 2012.
- [22] 姚冬明. 遥感和病菌孢子捕捉技术在小麦白粉病监测中的应用研究 [D]. 安徽农业大学硕士论文, 2013.

撰稿人: 程登发 周益林 张云慧 曹学仁 李祥瑞

农业生物多样性控制 病虫害发展研究

一、引言

利用农业生物多样性持续控制作物病虫害，是近年来国内外的研究热点之一。该领域的研究主要是应用生物多样性和生态学原理，利用分子生物技术和其他高新技术，从遗传多样性，物种多样性和生态多样性出发，研究作物的分子、细胞、个体、群体间的相互关联和相互作用，阐明农业生物个体之间相互依存、相互制约的基本规律，明确通过农业生物多样性控制病虫害的分子基础及其相互关系，建立品种优化搭配、优化群体种植模式的技术参数、技术标准和技术规程。生物多样性控制植物病虫害研究，是多学科交叉形成的新研究领域，不仅在理论上具有重要的学术意义，而且实践证明有着十分广阔的应用前景。

（一）农业的可持续发展所面临的挑战

中国幅员辽阔，生态环境复杂，农业历史悠久，是世界上生物多样性最为丰富的国家之一，是世界农作物的八大起源中心之一，也是世界栽培植物四大起源之一，物种多样性高度丰富，作物种质资源十分丰富。据初步统计，世界上栽培植物有 1200 余种，中国就有 600 余种，其中有 300 余种是起源于中国或种植历史在 2000 年以上，如此丰富的遗传资源，在培育新的抗病品种、为人类提供食物和食品源、为医疗卫生保健提供药用生物及生物生存环境资源、为工业提供原料等方面有着不可估量的作用。但随着人口增加、良种推广，农业生产朝着集约化方向发展，尽管现代化、大规模、集约式农业生产在保障粮食数量安全方面作出了巨大贡献，但以高消耗、单物种、集约化为特征的现代农业也带来了一系列严重的生态环境问题，特别是土地退化、环境污染、生物多样性丧失、食品安全等，已经引起了国际社会的广泛关注。其中，种质资源对于现代农业发展具有重要的意义，栽培植物多样性急剧减少，形成栽培植物种类较少，作物品种单一和遗传基础狭

窄，给生产造成了巨大损失。与国外情况相同，我国作物种质资源多样性的破坏和丧失也异常严重，1949年我国有1万多个小麦品种（主要是农家种）在种植使用，到70年代仅存1000多个；野生水稻和野生大豆的原生境生长地已遭到严重破坏，面积越来越少。有报道指出，目前种植的玉米、甜菜、水稻等作物杂交种的遗传基础日趋狭窄，存在着遗传上的脆弱性和突发毁灭性病害的隐患。实践证明，最大限度地保护农作物及其多样性，大力开发新的农业植物和未被开发利用的栽培植物种类，使农业生产的良种多样化，并努力拓宽优良品种的遗传背景，是我国农业实现可持续发展的重要研究课题。中国农业发展自古以来就一直面临着耕地不足、地力下降、劳动力不足、天灾人祸等诸多挑战。通过“杂种”，保持农业生物的多样性，是精耕细作等举措之外中国传统农业应对各种不利因素、发展生产所采取的重要措施之一。它不仅成功地扩大了农地面积。提高了土地利用效率，维持了土地的永续利用，而且对于自然灾害的控制和劳动力的调节也助了一臂之力。

19世纪以后，随着资本主义的侵略，特别是第二次世界大战之后的最近几十年，迅速发展的工业化和全球化，使传统农业开始面临危机，自给自足的自然经济遭到破坏。市场经济对于农产品产量和成本的要求，使得规模化和机械化成为经营农业的必然途径，专业化和单一化则是必然的选择。同时，依靠现代科技成果积累起来的生产力和传统农业中长期存在的富余劳动力，也为治山改水和园田化建设提供了强大的动力，导致农业生态系统单一化。传统农业通常是通过不同生物的组合来应对各种灾害，甚至变害为利，但在单一栽培的情况之下，只能通过使用农药、化肥和灌溉等来确保收成。而农药、化肥和灌溉的大量使用，在增加农民负担的同时，又会对环境和生态造成破坏和农产品的品质下降，最终危害人类的健康，这就是现代农业的通病。“现代农业危机四伏，都是单一栽培惹的祸”。

如此一来，原来的生物多样性农业模式就完全被打破了。在单一化的过程中，一些农作物的种植面积扩大了，而另一些作物的种植面积却下降了，虽然农业总产量提高了，却出现了结构性短缺。大豆和高粱等作物种植面积的减少乃至消失便是单一化种植的后果。品种单一化趋势在20世纪50年代以后加速。中国各级农业科研机构组织调查、收集整理农家传统品种，进行农家品种的比较试验，从中选择优良高产的品种进行大力推广，淘汰当地原有的低产农家品种。这项工作取得显著成效，一些高产的农家品种得到迅速推广，粮食获得明显增产，但数以万计的被淘汰品种中不少优良性状如抗病、耐旱、耐瘠、优质等基因也随之遭到淘汰。20世纪六七十年代，科学家利用遗传学原理，培育出一批批以矮秆高产为主要特征的品种，取代了原有的农家高产品种。70年代以后，杂交育种的成功和大面积推广，加速了品种单一栽培的进程。农业收成过分依赖于少数高产品种，地方品种资源遭到淘汰。不仅如此，单一栽培还使上述问题变得更加严重。由于品种缺乏多样性，病虫害容易更加容易发生，使作物蒙受巨大的危害，比如长期大面积种植单一水稻品种，导致优势稻瘟病菌菌群大量繁殖而使病害流行。

近代以后，随着人口的快速增长和迅速发展的工业化和全球化，农业生物多样性在市场经济的作用之下，日益为单一栽培和规模经营所取代，其中一个突出的表现就是粮食在增产的同时出现了结构性的短缺。而单一栽培所导致的农民负担加重、土地退化、环境破

坏等问题,使农业的基础变得更加脆弱。展望未来农业的发展,或许可以从历史上农业生物多样性中得到一些有益的启示,这就是以农业生物多样性来满足人口的需要,维护人类健康,应对自然灾害,提高资源的利用率,实行因土种植、因需种植,为农业的可持续发展奠定坚实的基础。

(二) 农业生物多样性控制病虫害研究背景

现代农业生产的特点是以少数栽培或驯化的物种取代了自然状态下的生物多样性,而单一种植模式更使这种简单化达到极致。人为造就的农田耕作系统只能依靠人为的持续干预才能维持其生产力。在绝大多数情况下,为了提高产量只能一味增加农用化学物质的投入,这种生产方式已使人类付出了沉重的社会与环境代价。破坏性的生产方式不仅造成了盐碱化、土壤侵蚀、水资源污染等严重的环境问题,而且也造成了多种作物病、虫、草害的一次又一次暴发,现代农业生态系统的不稳定性也就在所难免,在作物单一种植模式中,病、虫、草害日益恶化也就是顺理成章的事情。在全世界大约 1.5×10^9 公顷农田中,91%的农田种植一年生作物,其中绝大多数是单一种植小麦、水稻、玉米、棉花和大豆。这种耕作系统在面对病、虫害暴发时束手无策,暴露了单调农田耕作系统的脆弱。为了避免病、虫、草害等对作物的危害,1995年全世界的农药使用量达 4.7×10^9 磅(其中仅美国就使用了 1.2×10^9 磅,1磅 \approx 0.45千克),而且在近10年内农药的使用量还在持续增加。尽管如此,因病、虫等危害导致的作物产量年损失仍达30%左右,与40年前的状况别无二致。可以预见,今后全世界仍将为此继续付出代价。

二、近年的发展现状

(一) 农业生物多样性的研究现状

农业生物多样性(agro-biodiversity)的研究是许多国家和国际机构在密切关注的事情。这个学科正在确立成为农业环境学研究领域的一门新学科,而且已经成为许多国际机构和行政机构制定农业政策时所考虑的重点。农业环境学的研究对象是在积极的农业生产劳动中,在农业和农村环境下生物如何生存延续,还有农业生产方式的变化如何影响农业生物多样性的变化。世界经济合作与发展组织(OECD)为明确农业环境政策的效果和经济效益的关系,正在指定可以作为农业生物多样性的国际比较的指标。所谓农业生物多样性是指在农业环境下发现栖息地的生物,其可分为以下三类:①作物和家畜的品种以及其遗传上的多样性,主要是指传统品种。②支持农业生产的野生种:土壤生物和花媒昆虫等,指构成农业生产基础的生态系统的生物。③由农业生产产生的栖息地上生活的野生种:指对农业生产利害无关的其他全部的野生种,包括只是单单的虫子及很多与人类生活接近的生

物。当然，与农业生产完全没有接触的生物将排除在农业生物多样性以外。农业生物多样性是把和农业有关联的生物作为对象的。

农业生物多样性是中国农业得以维持几千年而不衰并且成功地支持了由人口不断增长引起的对农产品不断扩大需求的重要原因之一。自有农业以来，在数千上万年的时间里，中国传统农业一直保持着杂植五种的传统，它保护着农业生物的多样性。“相地之宜”，因土种植，即已成为人们经营土地的一个原则。它要求人们根据土地的不同性质，种植不同的作物或品种，即便是采用相同耕作方法的农田，其所种植的作物也不尽相同，人为地组成一种“多物种”（multispecies）的生态系统，使土地、光热、水、气等自然资源得到充分利用，不仅扩大了农业用地面积，提高了土地利用效率，保持了地力常新，更重要的是，农业生物多样性在应对水旱虫等自然灾害以及调节劳动力等诸多方面起着重要的作用，它从整体上提高了抗灾害的能力，保证了农业持续稳定的发展。

农业生物多样性是土地利用的一个基本要求，多样化的土地利用方式和多样性的作物及作物品种相辅相成。土地的深层次利用主要是通过改变耕作制度，实行多熟种植乃至种植和养殖相结合等方式来实现，而保持生物的多样性就是其中的关键。农业生物多样性的存在为不同生物间的组合、充分利用土地和形成新的生态系统提供了有利的条件，而不同生物组合所形成的新的农业生态系统。其产生的生态经济效益要远远大于单一物种的简单相加。稻田养鱼出现于汉代，稻田养鸭、养鹅可追溯到宋代，而桑基鱼塘等也在宋代出现，在明清时期得到了较快的发展。多层次的种植和养殖结合，实现了土地的综合利用、立体利用和循环利用，极大地提高了土地的利用率。到耕地不足的商周时代，就开始通过施肥的方式来维持并增进地力。通过农业生物的多样性来维护地力。不同作物和作物品种的生长发育对于土壤肥料元素种类、数量要求各有不同，因此，品种的轮换种植，作物的轮作、间作及套种，甚至种植和养殖的结合，是充分利用土壤肥力、维持地力、发挥作物及品种增产潜力的重要途径。美国的农史学家格拉斯（N.S.B.Gras）说过：“中国给农业历史学家一种极有意思的情况，他把两种以上的作物同时种在一起：他把田地结结实实地种满，使他的农场像鱼鳞一般……那是聪明的耕种制度，使这个国家不致枯竭。”

现代农业科学研究中与生物多样性相关的传统研究较多，如轮作、覆盖耕作、间作、虫害综合管理及生物控制等。这些研究在减小农作生产的环境影响的同时提升了生态系统服务功能。当前，新的农作制度已经在逐步替代集约式农业，进而利用提高生物多样性来拓宽生态系统服务功能，如采用营养循环和进行害虫管理等方法来代替施肥和施用杀虫剂。

目前，国际上农业生物多样性的主要研究内容研究焦点之一是确定农业景观中导致生物多样性增加的因素并预测社会和环境变化对农业生物多样性的影响。这主要是研究遗传多样性、物种多样性、群落多样性和生态系统多样性，并从基因、生态、景观、社会、经济等不同尺度开展生物多样性发生的变化评估，研究农业景观中生物多样性所提供的生态系统服务功能的社会和经济价值，并筛选生物多样性的管理模式生态系统服务的经济价值。

研究焦点之二是利用农业景观中的生物多样性提高生态系统的产品和服务，供给持续

农业的发展。这主要是由于现代农业生产给环境带来了巨大影响，如杀虫剂的使用、酸雨、水体富营养化，最终影响食物的长期供给和社会生活质量。研究焦点二将关注生物多样性是如何影响生产过程和农业可持续发展的，评估现存的土地利用方式对生态系统功能和生物多样性的影响。此外，该研究焦点还研究利用不同尺度水平上的生物多样性如何维持农业生态系统的适应性和恢复力，如生物的耐受力、疾病的抵抗力和生态风险的缓冲能力。

研究焦点之三是建立能支撑可持续农业的生物多样性和保护生物多样性的收益公平分配的社会体系。农业景观中的生物多样性在很大程度上受各界人士对产品和消费的需求所做的决策的影响，评估和预测导致农业景观生物多样性发生变化的人为因素，评估农业景观中生物多样性丧失的社会价值，确保农业景观中的生物多样性可持续地利用并互惠共享其利益。土地利用者的个人决策影响着农田的生物多样性，特别是作物和牲畜的多样化、土壤的多样性和昆虫的种群，而且也影响着农业景观中的非农业要素，如自然降解的残留物、自然保护区和水域等。一般说来，农业生态系统的管理水平短期内不会反应生物多样性保护的所有利益，但是，如果考虑保护生物多样性对环境的正面影响，如杀虫剂用量的减少、环境的破坏等，那么人们将会理解保护生物多样性的真正的经济收益。世界文化遗产的云南元阳哈尼梯田就是一个很好的例子。如果当地农民的利益在开发和保护过程中不能得到体现，那他们的生产活动就可以影响现有梯田的存在。

研究焦点之四是利用农业生物多样性持续控制作物有害生物。植物保护学领域的难题之一是单一品种大面积种植易造成病虫害流行，致使农药用量大幅增加，对生态环境和粮食生产构成潜在危机。追溯世界农业发展的历史，依赖化学农药控制植物病害的历史不足百年，在几千年的传统农业生产中，作物品种多样性无疑是持续控制病虫害的重要因素之一，生物多样性与生态平衡无疑是维系生物发展进化的自然规律之一。我国几千年的传统栽培技术，尤其是作物间作套种和林木混交等，体现了作物多样性的内涵，在病虫害流行减缓上起到了明显的作用。近年来利用农业生物多样性控制病虫害的研究成果的应用推广逐年扩大，农业生物多样性控制病虫害的机理和农业生态系统多样性的功能逐步被认知。生物多样性是大自然赋予人类的宝贵财富，是植物病虫害流行的天然屏障，必将在现代农业生产中发挥越来越重要的作用。

现在人们已经认识到单一栽培的危险，对生物多样性的价值及其意义也有充分的认识，并且开始采取措施保护生物多样性，在育种时有意识地利用一些生物的抗病虫害等基因。似乎人们对于生物多样性已有充分的认识，但回顾历史，传统农业中的生物多样性实践仍然可以带给我们许多启示。

（二）农业生物多样性与农作物病害的持续控制

农作物病害是农业生产上重要的生物灾害，是制约农业可持续发展的主要因素之一。据联合国粮农组织估计，世界粮食生产因植物病害造成的年损失约为总产量的10%。近年来，由于全球性气候反常，加之，在人口数量增加、而耕地面积逐年递减和水资源有限

的情况下,为满足人类的粮食需求,少数高产、高抗品种的大面积单一化种植,导致了农业生物多样性的严重降低;同时,野生近缘种的遗传资源也随着改良品种的大面积种植和农业生产模式的改变而逐渐丧失,农业生态系统变得更加脆弱,病害暴发的周期缩短,从而加大了农药的使用量,使得农业生态环境进一步恶化;同时加大了对病原菌群体的定向选择压力,使得稀有小种迅速上升为优势小种,导致了品种抗性“丧失”,主要病害流行周期越来越短,次要病害纷纷上升为主要病害,造成更加严重的经济损失。如美国大面积推广T形胞质雄性不育系配制的杂交种,造成了1970年玉米小斑病的大流行,产量损失15%,造成数亿美元的损失;欧洲大面积推广种植PlugsIntensive大麦品种,导致含Vg毒性基因的小种迅速上升为优势小种,造成大麦白粉病的流行;澳大利亚推广小麦品种Eureka,造成小麦秆锈病的大流行,因此农业生物多样性的过度丧失已经成为可持续农业所面临主要的矛盾和难题。面对农作物病害发生危害的严峻形势,回首审视我国减灾的关键措施,虽然综合防治取得了十分可喜的成就,但是仍然存在诸多问题,主要表现在基础研究薄弱;监测手段落后,设备简陋,部分地区病害测报实为气象资料单因子预报;抗病品种选育及应用严重滞后;生防技术没有重大突破;我国大部分地区病害的防治主要依赖于化学农药,但是长期使用农药,不仅使许多病原菌抗药性增强,导致病害再度猖獗,而且由于含有铅、砷、汞和有机氯的杀菌剂化学性质稳定,脂溶性高,不易分解,可以在环境和农产品中长期残留,除了直接污染土壤外,对大气、水体都有不同程度的污染。其中土壤是农药的贮藏库和集散地,大气和水是传递、扩大农药污染范围的媒介,农作物是直接受污染者,动物是间接受污染者,动物的富集能力强,受污染程度最严重。环境中的农药通过各种渠道进入人体,如果人体摄入量超过允许的限度,则会诱发癌症,严重威胁人类的生命安全。

1. 利用品种遗传多样性持续控制作物病害

20世纪30年代绿色革命之前,农学家已经认识到了大面积种植单一作物品种具有潜在的病害流行的后果,1998年联合国粮农组织在全球遗传资源对粮食生产的报告中强调了遗传多样性与可持续农业生产的重要性。各国科学家都在努力提高田间抗病品种的抗病基因多样性,寻求利用抗病基因多样性持续控制作物病害的新方法。目前,增加农田生物多样性的方法很多。从育种角度目前育种学家正在试图引进几个主要的抗性基因到同一个品种中。Vanderplank提出水平抗性理论,选育多个主效基因或微效基因的水平抗性品种,减缓垂直抗性或单基因引起病害流行问题。Yoshimura等提出聚合多个不同主效抗病基因选育广谱抗病品种,利用基因多样性解决单基因抗性引起病害流行。Jensen提出由Norman和Browning等发展的多系品种控病理论,利用抗病基因多样性减少病菌选择压力,解决品种单一化病害难题。但这些措施也面临着品种选育周期太长、抗病基因缺乏等问题。

在长期的农业生产实践中,农业技术工作者和农民自觉或不自觉地利用多样性来减轻农作物病害的危害,在全球许多地区,农民就有混种不同品种来减轻病害,提高作物产

量的情况。早在 1872 年，达尔文就观察到小麦混种比种植单一品种病害少、产量高。近年来，国外在利用品种混合种植防治病害方面进行了大量研究，20 世纪 80 年代，前民主德国运用大麦品种混合种植成功地在全国范围内控制了大麦白粉病的发生；丹麦、波兰在大麦上也做了类似的研究，并获得了同样的结果；加拿大进行了大麦和燕麦混种的研究，也获得了对白粉病的控制效果；美国俄亥俄州进行了十余年利用小麦品种混合种植控制锈病的研究，完成了数十个小区试验，获得了较好的防治效果。后来国内外的许多学者也做了大量的工作。Trenbath 通过分析总结了采用间作模式防治作物病害的原理和机制，将生物多样性控病机制归纳为 3 种可能的实现途径，一是非病原体合适寄主，二是直接影响病原体活动，三是改变田间环境使之不利于病原体。Finckh 等分析了利用生物多样性控制植物病害以及对农业生产者、社会发展的影响，指出传统农业利用作物种间差异和种内品种差异在生产实际中显示了其强大的生命力，人们在实践中建立了诸多利用当地品种制约病害发生的作物种植模式，促进了生产模式的生态化发展。我国对生物间的相生相克的认识很早，以虫治虫、稻田养鱼、家禽治虫等方面有着悠久历史和广泛的民间基础，不同民族都有许多间作套种的做法，近年来广大农技工作者在农作物复种、套种方面做了大量的研究和推广工作，有效地控制了病虫害的发生，提高了复种指数，增加了单位面积产量，为我国的粮食生产做出了重大贡献。

因此，应用生物多样性与生态平衡的原理，进行农作物遗传多样性、物种多样性的优化布局和种植，增加农田的遗传多样性和农田生态系统的稳定性，利用物种间相生相克的自然规律，有效地减轻植物病害的危害，大幅度减轻因化学农药的施用而造成的环境污染，提高农产品品质和产量，实现农业的可持续发展，已成为国际农业研究的热点和农作物病害防治的发展趋势。

（1）利用水稻品种多样性控制病害

解决品种单一化的一个途径是利用栽培措施增加农田的遗传多样性。可以进行同一作物不同品种的间栽、混播、抗病品种的合理布局及轮换种植等，不同作物的间作、轮作等。云南农业大学在利用水稻遗传多样性控制稻瘟病方面进行了深入研究，在完成大量水稻品种遗传多样性分析的基础上，筛选最佳品种搭配组合，在田间进行多样性优化种植。深入研究了不同品种搭配和不同种植模式对稻瘟病的防治效果，开展了水稻多样性混栽田块中稻瘟病菌群体遗传结构、田间稻瘟病菌孢子空间分布、田间发病环境条件等研究。完成了水稻品种抗病基因和候选抗病基因的多样性研究及大量的水稻品种农艺性状、经济性状分析，明确了水稻遗传多样性控制稻瘟病的分子机制和品种优化搭配规律，建立了筛选品种组合的技术体系，筛选了大量的品种组合，完成了田间试验的示范验证。在这些研究的基础上，在国际上创建了“水稻遗传多样性持续控制稻瘟病的理论和技术”，在云南省和其他 9 个省（直辖市、自治区）完成了 400 余个小区试验、对比试验和累计 700 余万亩的示范研究，结果表明：水稻品种多样性混合间栽对感病优质水稻品种的稻瘟病发病率平均控制在 5% 以下，与净栽优质稻相比，对稻瘟病的防效达 81.1% ~ 98.6%，减少农药施用量 60% 以上，抗倒伏率 100%，每公顷增产优质稻 630 ~ 1040 千克，平均每公顷增收

1500元以上,获得了显著的经济、社会和生态效益。在多年试验研究的基础上,构建了品种混栽的技术参数和推广操作技术规程,建立了利用水稻遗传多样性持续控制稻瘟病的理论和技术体系,探索出了一条简单易行的控制稻瘟病的新途径。

利用水稻品种多样性控制稻瘟病的成功,引起了国际植物病理学界的浓厚兴趣,印度尼西亚、菲律宾、越南、泰国等一些国家,根据自己的实际情况,引入我国的品种多样性混栽技术,开展了利用遗传多样性控制水稻病害的应用研究。在印度尼西亚,稻瘟病是早稻生产的主要限制因素,与云南省传统品种多数感病的情况不同,印度尼西亚的传统早稻品种对稻瘟病表现高抗或中等程度抗性,而现代品种却在育成2~3年后就丧失抗性。农民愿意种植现代高产品种来增加收入,而保留传统品种自己消费或者作为防止稻瘟病流行的措施。为了明确不同混栽模式的效果,在印度尼西亚的稻瘟病多发地区 Lampung 进行了传统抗病品种 Sirendah 和现代感病品种 Cirata 的混栽试验。初步研究发现,混栽田块稻瘟病的严重度要低于净栽田块。菲律宾水稻东格鲁发生非常普遍,危害严重,在菲律宾的 Lloilo 地区进行了品种多样性混栽试验,将两个具有相同农艺性状,但抗病性不同的品种的种子按1:1的比例混合后播种,经过两个生长季的试验,发现混栽与净栽相比,混栽田块中东格鲁病的发病率降低了50%。

(2) 利用小麦品种多样性控制病害

中国农业科学院植物保护研究所利用抗小麦条锈病近等基因系分析不同混合方式的抗病效应,通过不同小麦品系混播研究对条锈病的防治效果以及抗病基因丰富度对小麦条锈病菌生理小种的影响。研究表明,用小麦不同近等基因系品种进行不同的两两组合混播可降低条锈病严重度的日增长率,并能够明显看出混合种植有利于降低优势生理小种的出现频率,促进小麦条锈病菌生理小种的稳定性进化。小麦不同品系/品种组合的间作与不同品系/品种单作的病情曲线面积(AUDPC)比较分析,混作的种植模式下同样对小麦条锈病有控制作用。且不同组合产量和千粒重的比较发现,间作比单作的产量增加,且增产明显;小麦籽粒粗蛋白含量增加,改善了小麦的品质,符合我们在田间筛选合理搭配品种组合重要原则,做到筛选抗病增产组合且提高品质。

此外,还对小麦不同基因型品种混作控制小麦白粉病开展了研究。选用了五个抗病性不同的小麦品种京双16、京411、京冬8号、轮选987和保丰104,在田间多样性进行布局,研究在人工接种的条件下,不同抗性品种混种对小麦白粉病、小麦产量以及粗蛋白含量的影响;利用ISSR技术分析田间小麦白粉病菌的群体遗传多样性。研究表明,不同组合表现出对小麦白粉病的良好控制作用,其病害相对防效分别为13.08%、16%和15.25%。不同品种混种时对产量的影响差异较大,且混种组成品种之间有互作效应,其中,京411和保丰104对混种有正面影响,当有这2个品种时,混种组合有增产,而轮选987、京冬8号和京双16对混种产量有负面影响。

2. 利用物种多样性种植持续控制作物病害

在利用物种多样性控制作物病害方面,云南农业大学经过近20年的研究,深入研究

了不同作物间多样性种植控制作物病害的效应、原理和应用技术等方面的研究,在利用作物多样性控制病害方面取得了明显的进展。一是明确了在农业生态系统中作物品种多样性是调控病害的基本要素;二是明确了作物品种多样性调控病害的效应和作用;三是建立了作物品种多样性时空优化配置调控病害的应用模式和技术规程,并在生产上大面积推广应用;四是初步解析了作物品种多样性稀释病菌、阻隔病虫害协同作用、诱导抗性和改善农田小气候等物理学、气象学和生物学方面的主要因素,为阐明作物多样性调控病虫害的作用机理打下了良好的基础,为利用作物多样性种植控制病害,增加粮食产量做出了重要贡献。

这些研究从栽培生态角度提出了利用物种多样性时空优化配置控制病害的新途径。通过不同生态区禾本科与豆类、禾本科与薯类等 36 个作物品种搭配的 384 组控制病虫害的试验研究,结果表明对主要病虫害控制效果在 16% ~ 88% 之间,探明了控制效应与作物类型、株高株型、种植方式和时间等因素相关,明确了农田生态系统中作物多样性是控制病虫害流行的重要因素之一,利用物种多样性能够有效控制病害。在会泽、宣威、陆良、楚雄、玉溪、保山、嵩明等地进行了马铃薯与玉米、玉米与大豆、小麦与蚕豆条带种植的同田对比小区试验。试验结果表明,马铃薯与玉米条带套种与对照单作相比,马铃薯晚疫病和玉米大斑病分别平均降低病情指数 43.37% 和 26.96%;玉米与大豆条带套种与对照单作相比,玉米大小斑病和蚕豆叶斑病(锈病、炭疽病和细菌性斑疹病)分别平均降低病情指数 21.68% 和 19.41%;小麦与蚕豆条带套种与对照单作相比,小麦条锈病和蚕豆褐斑病分别平均降低病情指数 16.75% 和 23.64%。在弥勒虹溪、玉溪红塔和石屏龙蓬等地进行了马铃薯与玉米、烟草与玉米,甘蔗与玉米,小麦与蚕豆等作物搭配控制病害同田小区试验。试验结果表明,马铃薯与玉米搭配条带种植处理与对照净栽相比,马铃薯晚疫病平均降低病情指数 36.13%,大斑病降低 16.75%;烟草后期与玉米搭配套作处理与对照净栽相比,烟草赤星病病情指数与对照无差异,玉米大斑病平均降低 18.42%;甘蔗前期与玉米搭配条带种植与对照净栽相比,甘蔗黄斑病与对照无差异,玉米大斑病平均降低病情指数 52.71%;小麦与蚕豆搭配条带种植与对照净栽相比,蚕豆褐斑病平均降低病情指数 32.55%,小麦条锈病降低 15.43%。

华南农业大学对“水稻—水蕹菜”间作种植模式的进行了初步研究,结果表明间作处理能显著降低水稻稻瘟病、纹枯病和蕹菜的锈病发病率,此外,该种植模式还能控制稻纵卷叶螟的发生,也显著降低蕹菜的虫害,田间昆虫多样性增加。两个水稻品种与蕹菜间作均比单作显著增加水稻的生物量、分蘖数,而对株高差异不大。间作比单作显著提高水稻叶片的叶绿素含量,而降低蕹菜叶片的叶绿素含量合生物量。间作模式对改善稻米粒型和提高直链淀粉含量有一定促进作用;水稻与蕹菜间作能显著提高土地当量比和土地利用效率。

(三) 农业生物多样性与作物虫害的持续控制

生物多样性与农田害虫生态控制的关系密切,合理的生物多样性能作用于害虫活动的

农田小气候、土壤栖所、寄主偏好性、招引天敌、机械屏障等而影响害虫的分布型和种群数量，农业生物多样性控制害虫的现象及理论的探讨是生物多样性研究的重要内容。

1. 作物多样性配置控制作物害虫

农田植物多样性可为捕食性天敌和寄生性天敌提供所需的食物（特别是花蜜和花粉）、避难所和替代寄主等基本资源，使得天敌在害虫种群附近便可得到一切所需，而不需要到很远的地方去寻觅。增加生物多样性可使天敌替代猎物的种群密度增加，亦可增加其他可利用资源的数量。与此同时，可增加替代猎物在作物系统中的存在时间和增加替代猎物种群的空间均匀度，从而使天敌能够在较长时间内留于田地中。因此，利用生物多样性调控昆虫种群达到生态控制害虫，减少危害损失已成危害虫综合治理的重要内容。

云南农业大学进行了玉米与马铃薯多样性种植控制主要害虫的试验：玉米与马铃薯分别以 2:2、3:3、4:2 行比进行间作，结果表明，玉米与马铃薯 2:2 及 3:3 间作对马铃薯块茎蛾有明显的控制作用，控制效果分别达 54.94% 及 70.59%。此外还进行了蚕豆与小麦多样性种植控制主要害虫的试验结果：蚕豆与小麦以 1:1、1:3、1:5、1:7、1:9、3:6、3:9 与 3:12 行比间作种植，研究小麦与蚕豆间作对斑潜蝇、麦长管蚜及其天敌种群的影响。结果表明，蚕豆与小麦以 1:7 行比种植模式下的南美斑潜蝇种群密度最低 ($F=2.23, P<0.05$)，斑潜蝇取食孔与虫道的虫情指数值也最低，蚕豆植株上斑潜蝇密度降低了 25.06%；蚕豆与小麦间作田麦长管蚜无翅蚜的平均数量降低了 28.5% ~ 35.6%，显著低于净种田 ($F=5.89, P<0.01$)，麦蚜虫情指数高低顺序为豆麦比分别为 0:1>3:12>1:1>1:5>1:9>3:6>3:9>1:3>1:7。甘蔗与大豆、花生、玉米多样性控制主要害虫的试验结果：通过甘蔗植株上蓟马群落及蜘蛛群落动态调查结果表明：甘蔗单作、甘蔗玉米、甘蔗花生、甘蔗大豆间作后甘蔗植株上蓟马种群的总体平均密度分别为 (6.86 ± 6.57) 头/株，(1.47 ± 2.00) 头/株，(10.96 ± 3.61) 头/株，(1.53 ± 1.83) 头/株；蓟马虫情指数分别为 2.8 ~ 41.6, 0.4 ~ 20.7, 9.0 ~ 31.7, 0.4 ~ 26.6；蜘蛛密度分别为 0.02 ± 0.03 ~ 0.59 ± 0.10 , 0.02 ± 0.03 ~ 0.71 ± 0.55 , 0.03 ± 0.02 ~ 0.70 ± 0.13 , 0.00 ± 0.00 ~ 0.49 ± 0.09 。甘蔗玉米间作对玉米植株的玉米螟着卵量、茎秆蛀食率、雌穗受害率及收获后百粒虫量均有显著的降低作用，间作田玉米植株平均蛀茎率比玉米单作降低 48.43%，玉米雌穗受害率降低 62.1%。

特定作物的间作或套作，能干扰害虫赖以寻找寄主的视觉或嗅觉刺激，从而影响了害虫对寄主植物的定向；通过利用较大或较高的非寄主植物作为有效的隐藏寄主植物的屏障，从而增加了害虫定殖的难度。例如：Altieri 和 Doll 利用高秆植株玉米作为屏障来保护豆类植株使其不受害虫的侵害。间作套种适宜作物也可改变生境内的微环境和害虫的运动行为，致使害虫从寄主植物中迁出，导致寄主植物上的害虫下降。如马铃薯与矮性菜豆间作、甘蓝与番茄混作、芥末与洋葱或大蒜间作、小麦与大蒜或油菜间作等，能驱避害虫又能吸引天敌。小麦蚕豆以不同行比间作，能提高田间麦蚜及豆长管蚜天敌昆虫种群密度，从而提高了对麦蚜及蚕豆上豆长管蚜的控制作用；甘蔗玉米间作对提高了田间甘蔗绵蚜的

捕食性天敌昆虫的密度，从而有效控制了甘蔗棉蚜；甘蔗辣椒间作，间种田辣椒植株上斑潜蝇的主要天敌昆虫有潜蝇姬小蜂、潜蝇茧蜂和栉角姬小蜂，密度均高于净种田。同时，净种辣椒田中斑潜蝇性比显著高于间作田。因此，辣椒甘蔗间作显著影响了辣椒上斑潜蝇性比，且有效降低了辣椒上斑潜蝇的种群密度。

福建农林大学开展了不同蔬菜对小菜蛾的行为影响研究。小菜蛾对小白菜、芥蓝、番茄和辣椒这四种蔬菜的行为不同。小白菜植株对小菜蛾雌虫具有较强的产卵引诱力，甚至波及旁边的芥蓝，使得引诱处理中芥蓝植株上的产卵比例显著大于对照，引诱—忌避的作用>忌避作用。小菜蛾在这四种蔬菜植株上的卵大多都会孵化，辣椒和番茄植株上的卵孵化率略低于芥蓝和小白菜上的卵。在幼虫存活率上，芥蓝和小白菜植株上的幼虫存活率比较高，辣椒和番茄植株没有存活的幼虫个体。通过不同植株布局对小菜蛾产卵选择的影响的结果表明，小白菜在不同植物布局中均表现出对小菜蛾极强的产卵引诱力。在各种引诱—忌避处理中，小菜蛾在小白菜上的卵分布比例均显著高于在芥蓝植株上的卵分布比例，而在芥蓝植株上的卵分布比例均显著高于在辣椒（或番茄）植株上的卵分布比例。对小菜蛾对不同蔬菜挥发物及组合也有选择。芥蓝和小白菜的植株气味具有一定的引诱作用，而辣椒和番茄的植株气味具有一定的忌避作用。相比芥蓝，小白菜的植株气味具有更强的引诱作用；相比番茄，辣椒的植株气味具有更强的忌避作用。当四种植物挥发物混合时，辣椒和番茄的作用已不明显，小白菜的强引诱作用作为主导，导致小菜蛾选择混合植株气味源的虫数显著多于选择芥蓝植株气味源的虫数。此外小白菜叶片汁液对小菜蛾的产卵具有一定的刺激作用，而辣椒和番茄叶片汁液对小菜蛾的产卵有一定的抑制作用。

通过研究小菜蛾对 12 种特征挥发物的触角电位反应和 Y 型嗅觉行为反应发现：小菜蛾对 12 种不同浓度的特征物质均引起一定的触角电位反应（EAG）反应，不同物质反应强度不同，总体趋势是醛类>醇类>烯类>青芹酮。且小菜蛾雌雄蛾对各物质的 EAG 反应值随着物质浓度的增大而增加，有些物质各浓度间 EAG 反应值差异显著。但雌蛾对芳樟醇的 EAG 反应随物质浓度增大反而减弱，雄蛾对苯甲醇的 EAG 反应在 1:100 时最强，1:10 时反应减弱。雌雄 EAG 反应比较，雄蛾的反应总体较雌蛾强，其中雄蛾对叶醛和苯甲醛的反应较其他物质强，而雌蛾对壬醛和苯甲醛的反应较其他物质强。小菜蛾雌雄蛾的 Y 型嗅觉行为反应实验表明同一浓度的不同物质或同一物质的不同浓度对小菜蛾的驱避引诱作用有明显区别。小菜蛾对大多数物质在高浓度时具引诱或驱避作用，随着浓度的降低小菜蛾对其无行为定向反应或作用会变化。芳樟醇、法尼烯在高浓度时对雌蛾具驱避作用，但在低浓度时对雌蛾具引诱作用。青芹酮则相反，在低浓度时对雌蛾具引诱作用，高浓度则无引诱或驱避作用。

云南农业大学开展了玉米间作控制玉米螟发生的研究。甘蔗对玉米螟产卵行为及幼虫生长发育有显著影响。通过玉米螟对甘蔗玉米的产卵选择行为研究发现，甘蔗上玉米螟卵粒密度明显高于玉米植株。玉米螟对玉米叶片正反面产卵具有选择性，单作甘蔗和间作甘蔗叶片背面玉米螟卵块密度高于叶片正面；单作玉米玉米螟卵块集中在叶片背面，玉米叶

片背面卵块密度显著高于叶片正面，间作玉米叶片背面与正面玉米螟卵块密度间无显著差异。即间作甘蔗影响了玉米螟在玉米叶片背面和正面的产卵量。玉米螟卵孵化后，1龄幼虫在甘蔗叶片上停留几小时后开始分散，在甘蔗叶片上活动到1~2龄后进入死亡高峰期，大量幼虫因死亡而不能有效蛀入甘蔗。通过对玉米螟的取食痕密度及取食痕面积的分析结果表明，甘蔗上存活的玉米螟成虫也可发育而危害甘蔗茎秆和心叶，在甘蔗上玉米螟幼虫主要取食叶片表皮，而在叶片上留下天窗状取食痕，间作甘蔗叶片上玉米螟取食痕密度明显高于玉米叶片。

作物多样性的农田中，寄主植物的挥发性次生物质、背景、色彩、形状以及植物表面结构等对昆虫的取食、产卵、聚集及交配行为都会产生不同的影响。如大豆玉米间作提高了赤眼蜂对棉铃虫卵的寄生率、玉米—大豆—番茄混作提高了赤眼蜂种群密度，夏玉米田间作匍匐型绿豆提高了玉米螟赤眼蜂对玉米螟卵的寄生率，棉花与绿豆间作能提高螟黄赤眼蜂和玉米螟赤眼蜂对棉铃虫卵的寄生率。此外，昆虫对外界环境特定的物理、化学信号（主要包括视觉的和化学的线索或信号）等信息具有一定的行为反应往往是各种信息综合结果，研究害虫在取食、产卵、聚集及交配等行为过程中的感觉线索，将害虫综合治理提供新理念。当前，根据昆虫对有些植物的趋向行为或驱避行为，将诱集植物与驱虫植物联合使用模式，构建害虫引诱驱避（pull-push）生态调控体系已是害虫综合防治策略。

2. 农田杂草对害虫的保护与控害的促进作用

杂草是农田生态系统中的重要元素，农田杂草危害虫天敌提供替代寄主。农田杂草为天敌提供补充营养、产卵场所、提供栖息场所。杂草丰富的农田中，害虫暴发的可能性远低于杂草少的农田。这是因为农田杂草能为天敌提供补充营养，有些杂草则具有诱集或化学驱避和屏蔽作用，从而提高了天敌的存活率和繁殖率及在田间的定殖成功率，由此也提高了田间天敌的种群密度，为害虫控制奠定了基础。此外，有些杂草还对害虫的生存繁殖有一定的影响。有关农田杂草对提高生物防治效果的例子很多，且涉及多种作物和杂草。同时，有些杂草能释放出一些特殊的气味，这些气味对许多天敌昆虫都有很强的吸引力。因此，植物种类丰富的田块比植被单一的田块有更丰富的化学信息，更容易被寄生蜂所接受，从而更有利对害虫的控制。

另外，农田周围非作物生境，包括草带、篱笆、树、沟渠、堤等景观要素可以为节肢动物如步甲、蜘蛛、隐翅虫等天敌提供丰富的食物、水分、遮蔽物、小气候、越冬场所、交配场地等生存环境。如二化螟（*Chilo suppressalis* Walker）就在稻田附近的茭白（*Zizania caduciflora* Hand-Mazz）上越冬，黑尾叶蝉（*Nephotettix bipunctatus* Fabricius）以4龄若虫在田埂及灌溉渠附近的禾本科杂草上越冬。此外，大田周围的非作物生境可以有效地提高害虫天敌的寄生或捕食效能。作物附近的野生植被是作物生境中捕食性天敌种群建立的重要来源地。当作物上寄主稀少时，害虫的捕食性天敌会转移到其他生境中捕食替换寄主，苹果园周边环境的生物多样性对果园生态系统内的天敌的生物多样性起决定性的作用。

3. 立体种养控制作物害虫

复合立体种植模式具有复杂的结构、化学环境以及综合小气候。云南农业大学研究发现,在云南元阳梯田立体气候条件下,白背飞虱在传统地方水稻品种上聚集原因存在差异,白脚老粳、白皮糯、车甲谷、过沙谷、红脚老粳、冷水谷、慢车红略、糯谷、香谷、小谷、月亮谷 11 个传统品种上个体间呈相互吸引,而在阿佩谷、黄皮糯、老皮谷、花谷与早谷品种上个体间表现为相互排斥。同时,每种植物都对有害生物有自己独特的抗性,在生态系统中,当多种植物混合后会表现出一种对有害生物群体组合抗性,因此,多样性增加了植食性害虫在作物系统中的生存压力。农田多样性系统中,由于物种多样性和微环境气候的耦合作用,导致植食性害虫数量下降。

稻田生态种养模式实质上是对一个多样化系统结构的优化过程,是生态种植的技术集成模式,包括稻田养鸭、稻田养鱼、稻田养萍等。如稻田养鸭能有效控制稻飞虱、稻纵卷叶螟;稻田养鱼能有效控制稻纵卷叶螟、稻飞虱和三化螟;稻田养蟹能有效控制稻飞虱。稻田立体种养模式对控制水稻害虫的机制是稻田种养系统中鸭、鱼、蟹等可直接捕食稻飞虱、稻纵卷叶螟、三化螟等害虫,从而达到直接控制这些害虫种群的作用。浙江大学、华南农业大学以延续了 1200 年历史的稻鱼系统为研究范例,通过剖析农业物种间的相互作用关系及其产生的效应,揭示物种之间的正相互作用(facilitation)是物种多样性维持农业系统稳定的重要机理,研究结果以封面论文的形式在《美国国家科学院院刊》上发表(PNAS, 2011, 108(50): 1381-1387)。PNAS 杂志论文评审专家对此成果给予了高度评价,指出该研究所揭示的机理对未来可持续农业的设计具有非常重要的借鉴意义,同时有关生态系统功能的研究也会从中得到启迪。这篇论文研究了农业生物多样性(以稻鱼系统为例)降低水稻生产对农药和化肥的依赖程度,进一步研究发现,由于生物之间(稻和鱼)的相互作用可降低病虫害的发生。同时,生物之间(稻和鱼)互补利用氮素,是维持土壤肥力和降低化肥使用的原因。研究了适于稻鱼系统的再生稻技术,以延长水稻与鱼的共生期。结果表明,通过建立再生稻技术(包括水稻播期和割期的选择、收割植株的高度、水深管理等),水稻与鱼的共生期延长了 65 天,一方面保护了稻鱼系统,另一方面提高水稻总产量(由 6.30 吨/公顷提高到 7.13 吨/公顷)。通过鸭稻共作系统天敌和害虫的生态位的田间对比实验,结果表明,化肥区、稻鸭区和空白区分别以球蛛、管巢蛛和跳蛛的空间生态位宽度为最高,均在 0.80 以上;稻鸭区中稻飞虱的空间生态位宽度达 0.83,比空白区、化肥区分别低 5.0% 和 5.9%;稻鸭共作使得肖蛸、瓢虫、跳蛛、隐翅虫与稻飞虱发生的空间同域性增强,相遇概率提高,一定程度上提高了对稻飞虱的潜在控制作用,但同时也降低了狼蛛、皿蛛和管巢蛛等与稻飞虱的生态位重叠,削弱了这些天敌对稻飞虱种群的控制潜能;稻鸭共作对天敌在稻株中的发生部位和同域性也具有一定的影响。稻鸭共作可能通过改变稻飞虱及其天敌类群的空间分布格局和生态位特征等影响稻飞虱种群的发生和数量消长。通过对“水稻直播养鸭控制福寿螺”效应的田间研究结果表明,福寿螺对水稻危害主要在水稻移栽的前 15 天内,水稻移栽方式的秧苗易遭受福寿螺的侵害,而

水稻直播方式下（湿直播，无水层），不利于福寿螺的活动，因而可以保证水稻全苗，且在放入鸭子进行稻鸭共作后，鸭子对福寿螺的危害进行捕食和干扰控制，后期福寿螺危害程度降低。直播稻鸭共作对减少福寿螺幼螺的田间密度，干扰其产卵和取食行为有明显作用，且其水稻产量相对移栽田有大幅度增加。

果园合理种植覆盖作物除了可以提高营养吸收水平、改善土壤物理结构和土壤湿度外，还具有抑制杂草生长、保护天敌，提高天敌对害虫的控制作用等良好的功效。果园中大量的开花植物能够增加天敌数量、提高天敌的捕食和寄生率、降低虫害的发生率。果园种植覆盖作物增加天敌种群数量来控制害虫一直是害虫综合治理研究的重要内容。其中研究最多和应用最为成功的为苹果园覆盖种草对天敌的保护与害虫的控制研究和应用，如苹果园种植白香草木樨可明显增加天敌拟长毛钝绥螨和中华草蛉的数量，降低了山楂叶螨种群数量；苹果园中交替刈割方式可使有益昆虫保留在树下的覆盖植物中，避免二斑叶螨的暴发；苹果园以 3:3:1 的比例种植黑麦草、三叶草和苜蓿后，可有效保护苹果棉蚜的主要天敌如草蛉而提高对苹果棉蚜的控制作用。

（四）物种多样性控制病虫害的主要机理

云南农业大学通过不同作物搭配、不同种植方式、不同群体结构、不同种植时间等 1000 多组试验研究，探明了作物多样性对病虫害的稀释和阻隔作用，明确了对改变微环境气象因子的效应，深入研究了作物多样性根系互作过程。从病虫害流行的要数特征，阐释了作物多样性控制病虫害的主要机理。

1. 作物多样性稀释阻隔病虫害研究

田间群落结构稀释病菌研究结果：根据不同病害不同病菌，作物合理搭配形成病菌互不侵染植株群体，有效地稀释单位面积内亲和病菌的数量。在宣威虹桥、玉溪红塔和高明小街等地进行了玉米与马铃薯、小麦与蚕豆等不同套种比例的病菌孢子观测试验。观测结果表明，两种作物不同种植比例均明显降低病菌孢子数量。与净栽对照相比，马铃薯与玉米 1:1 至 5:5 行比种植的单位面积内有效侵染的晚疫病病菌孢子平均降低 53.45%，有效侵染的玉米大小斑病孢子降低 40.1%；小麦与蚕豆 1:1 至 5:5 种植行比的单位面积有效侵染的条锈病孢子平均降低 39.3%，蚕豆褐斑病孢子降低 43.2%。

田间群落结构阻隔病害研究结果：根据不同作物不同病害，不同作物合理搭配形成的条带群体，互为病害蔓延的物理障碍，阻隔病害传播的原理。在曲靖富源、昆明嵩明、保山隆阳等地进行了魔芋与玉米、蚕豆与小麦、蚕豆与大麦条带种植阻隔病害的田间试验观测。观测结果表明，魔芋与玉米条带种植能有效地阻隔了魔芋软腐病的传播蔓延，与对照净种魔芋相比，发病中心向四周传播病害速度明显呈梯度降低，其发病率从发病中心至 2 米、4 米、8 米和 16 米的最高发病率分别为 64.5%、46.2%、40.6%、31.1% 和 21.4%，而对照为 62.5%、62.8%、61.5%、62.2% 和 62.3%，发病率分别递减 -0.03%、26.5%，

35.0%，50.2%和65.6%。蚕豆与小麦条带种植处理与对照净栽相比，蚕豆褐斑病病情指数分别递减2.53%，19.8%，46.6%，55.7%和59.7%。蚕豆与大麦条带种植处理观测结果相似蚕豆与小麦处理，蚕豆褐斑病病情指数递减明显，分别递减1.4%，14.3%，27.2%，35.2%和40.0%。

条带轮作减少病菌初侵染源的研究结果：不同作物带状种植，次年对调轮作，长期形成条带轮作，减少土壤病菌积累和初侵染菌量。在宣威、会泽、富源和玉溪等地进行了魔芋与玉米、马铃薯与玉米、小麦与蚕豆等作物条带轮作田间小区试验。试验结果表明，条带轮作与不轮作对照相比，魔芋软腐病初侵染源减少90.1%，玉米大斑病初侵染源减少63.1%，马铃薯晚疫病初侵染源减少86.1%，小麦条锈病初侵染源减少38.2%，蚕豆褐斑病初侵染源减少61.7%。

稻田多样性复合种养调控有害生物机制研究结果：系统研究了稻田物种多样性利用对病虫害的防控效应，进一步揭示了物种间的相互作用控制水稻病虫害的机制。在鸭稻共作系统中，明确了鸭对土壤杂草种子库干扰的控草机制，鸭机械刺激对水稻茎秆结构及其形态建成的影响及其对水稻抗虫性、抗病性与抗倒伏性的作用机制，鸭子活动对稻田福寿螺的控制机制，鸭活动对稻田环境的改善效应及其对温室气体的减排效应等。在稻鱼共作系统中，发现水稻与鱼的互惠关系及其与水稻病虫害控制的效应，探明了稻鱼系统水稻产量的稳定性，降低农药化肥的依赖程度的机制；稻和鱼之间氮素利用的互补是维持土壤肥力和降低化肥使用的重要原因。

2. 作物多样性错峰种植消减叠加效应研究

马铃薯提前推后播种避雨避病田间研究结果：在昭通邓子村、鲁甸砚池村、昭阳静安、会泽矿山、宣威板桥、陆良小百户等地进行了多年多点同田小区试验。提前播种试验处理比传统播种节令提前两个月，播种时间从5月上旬提前到3月上旬。推后播种试验处理比传统播种节令推后两个月，播种时间从5月上旬推后至7月上旬。提前推后两组试验对照均为马铃薯传统播种时间5月上旬。多年多点试验结果表明，与对照相比，提前播种处理的两个品种的晚疫病平均降低病情指数50.7%，平均增产幅度18.5%，其中品种会-2降低病情指数52.1%，增产幅度为17.1%；合作88降低病情指数49.3%，增产幅度为18.9%，品种间差异不明显。推后播种处理的两个品种的晚疫病平均降低病情指数为43.8%，平均增产幅度为11.6%，其中会-2品种降低病情指数40.1%，增产幅度为8.9%；合作88降低病情指数45.4%，增产幅度为14.4%。晚疫病发生流行与雨水密切相关，马铃薯提前种植试验处理是3月上旬播种7月上旬收获，避开7~9月的降雨高峰。试验数据表明，提前种植与对照相比避开阴雨日58%，避雨避病效果显著。马铃薯推后试验处理是7月上旬播种11月上旬收获，9月降雨高峰过后，马铃薯现蕾开花，晚疫病发生流行期避开降雨高峰，推后种植与对照相比避开阴雨降雨日47.0%，避雨避病效果显著。

玉米提前推后播种避雨避病田间研究结果：在红河弥勒、石屏、楚雄东华、昭通昭阳、曲靖会泽、宣威、陆良等地进行了多年多点同田小区试验。玉米提前播种，即将播种

时间从5月上旬提前到3月上旬,该处理采用集中育苗4月底带土移栽方法进行。推后播种,即将播种时间从5月上旬推后至7月上旬。提前推后两组试验对照均为玉米传统播种时间5月上旬。多年多点试验结果表明,与对照相比,提前播种处理的两个品种的玉米大小斑病发病时间平均推迟32天,平均降低病情指数17.6%,平均增产幅度22.1%。其中宣黄单-2推迟发病38天,降低病情指数21.4%,增产幅度为19.1%;会单-4推迟发病26天,降低病情指数13.7%,增产幅度为25.2%。推后播种处理的两个品种的玉米大小斑病发病时间平均推后14天,平均降低病情指数为13.8%,平均增产幅度为7.2%,其中宣黄单-2推迟发病17天,降低病情指数15.5%,增产幅度为8.2%;会单-4推迟发病11天,降低病情指数12.0%,增产幅度为6.1%。其主要原因是玉米生育期提前获退后播种2个月,发病高峰避开降雨高峰,推迟了玉米大小斑病的发病时间,起到了较好的避雨避病效果。

3. 作物多样性根际互作过程研究

近年来中国农业大学对作物多样性种植的多种模式进行了根际互作过程研究。通过长期定位试验比较多多样性种植和单一种植条件下产量的变化和土壤肥力的变化,证明多样性种植能够维持较高产量的同时,在高肥力土壤上能够维持土壤肥力,在低肥力土壤上能够提高土壤肥力,是可持续的种植体系。研究结果在一定程度上填补了国内外相关研究的空白,具有一定的新颖性;对多样性种植可持续发展和低肥力土壤的改良具有重要指导意义。

作物多样性种植促进营养利用的研究结果:通过多年田间试验和室内模拟试验,明确了蚕豆促进玉米磷营养的作用。4年定位试验结果表明,与单作对照相比,间作玉米产量4年平均提高了43%,蚕豆产量平均提高26%,证明玉米/蚕豆间作具有显著的互惠作用。应用根系分隔技术,发现地下部根系间的相互作用在间作产量优势中起了很重要的作用,该作用一方面优化了不同作物根系(深根系与浅根系)在土壤中空间分布,另一方面蚕豆的根际效应有利于玉米从土壤中获得更多的磷。试验结果表明,蚕豆比玉米具有较强的质子释放能力,蚕豆根系释放更多的有机酸,能够显著地酸化根际,有利于难溶性土壤磷的活化,促进作物对磷的吸收利用。

蚕豆与玉米间作减缓“氮阻遏”效应研究结果:深入研究了蚕豆与玉米种间相互作用促进蚕豆结瘤固氮并减缓“氮阻遏”效应。结果表明:与单作相比间作蚕豆的根瘤干重和固氮量在初花期分别增加了7%~58%和8%~33%,盛花期分别增加了8%~72%和54%~61%,灌浆期分别增加了4%~73%和18%~50%,成熟期分别增加了7%~62%和7%~72%。蚕豆与玉米间作显著减缓了“氮阻遏”效应并提高了间作产量。蚕豆与玉米根系相互作用在蚕豆结瘤固氮中起着重要作用。与蚕豆单作和蚕豆根系隔离的对照相比,蚕豆与玉米种间根系相互作用通过增强蚕豆结瘤固氮能力和土壤氮素吸收而促进了间作蚕豆的总氮吸收,并提高蚕豆生物固氮转化为生产力,从而使间作蚕豆增产又减缓了“氮阻遏”效应。

根系分隔和施氮对蚕豆与玉米间作体系根系分布和形态影响的试验结果:蚕豆和玉米根系分别主要分布在0~40厘米浅土层和0~60厘米土层,且间作玉米根系较深土层

比单作的分布多,即间作扩展了玉米根系垂直方向的生态位,较深根系分布有利于玉米后期的竞争恢复生长。间作扩展了两种作物水分和养分生态位,增加了作物吸收养分的有效空间。通过田间原位根系分隔试验进一步证实这种物种间互惠关系主要由于地下部根系作用,随着根系相互作用时间的延长,促进作用越明显,尤其共生期显著提高了蚕豆结瘤与固氮能力,增加了蚕豆根长密度、根表面积等根系形态学参数,促进了氮素吸收。

4. 作物多样性互作的化感作用研究

云南农业大学还开展了作物多样性互作的化感作用研究:筛选了大蒜、葱、韭菜、芹菜、玉米挥发物和根系分泌物对辣椒疫霉菌抑菌和趋化活性,深入研究了这些作物根系与疫霉菌互作现象。结果表明,大蒜、葱、韭菜根系及其分泌物对黄瓜和辣椒疫霉菌均有抑菌和吸引活性,根系能分泌物质吸引游动孢子,同时使靠近大蒜根系的游动孢子迅速休止并裂解,最终使辣椒疫霉菌丧失在土壤中的移动和侵染能力。玉米挥发物对疫霉菌无显著抑菌活性,但根系分泌物对游动孢子的游动和休止孢萌发具有抑菌活性,根系顶端还能分泌根边缘细胞吸附并裂解孢子。芹菜的挥发物和根分泌物对黄瓜和辣椒疫霉菌无显著抑菌效果,但芹菜根系伤口分泌物也能吸引游动孢子,使其聚集于根系伤口附近。这些试验结果均表明,供试作物的根系的根系分泌物及根边缘细胞会影响疫霉菌的传播和对寄主的识别,在多样性种植系统中具有利用价值。

温室试验比较了大蒜与辣椒 1:1、2:1 和 3:1 间作模式下辣椒疫病在行内和行间扩展情况,结果表明大蒜与辣椒间作能降低接种行辣椒疫病从接种点在行内扩展的速度,且控制效果从大到小的顺序为 3:1>2:1>1:1。另外,大蒜和辣椒间作后中心行辣椒疫病不能跨过大蒜行传播到另外一行辣椒上。大蒜和辣椒 1:1 间作模式中大蒜行部分植株缺失后辣椒疫病便能传播到隔行的辣椒上。试验进一步通过活性炭吸附试验表明,活性炭吸附掉大蒜的根系分泌物后会降低大蒜间种对疫霉病扩展的控制效果。大蒜与辣椒多样性种植控病机理研究结果表明,一方面,大蒜根系能分泌物质吸引游动孢子的游动,对辣椒根际的游动孢子起稀释和阻隔作用;另一方面,大蒜根系又能分泌抑菌物质使靠近大蒜根系的游动孢子迅速休止并裂解,还能抑制休止孢的萌发及菌丝生长,最终使辣椒疫霉菌丧失在土壤中的移动和侵染能力。

玉米与辣椒按照 2:3; 2:5; 2:7; 2:9; 2:10 的行比种植与单作相比对辣椒疫病的防治效果随辣椒行数的增加由 59.8% 逐渐增加到 32.5%。另外,间作玉米可以限制辣椒疫霉菌在田间的蔓延速率。玉米根系与辣椒疫霉菌的互作研究表明,玉米根系顶端能分泌根边缘细胞吸附游动孢子,同时根系分泌物对游动孢子的游动和休止孢萌发具有抑菌活性。通过根系的吸附和抑菌效应限制了辣椒疫霉菌游动孢子的传播。试验进一步利用根系分泌物连续收集装置收集了玉米的根系分泌物,利用 GC-MS 和 HPLC-MS 对根系分泌物进行了分析,鉴定了四个苯苯噻唑类化合物对辣椒疫霉菌游动孢子的游动、休止和萌发具有显著的抑菌效果。这些化合物的复合效应、作用机制及玉米辣椒多样性种植对这些化合物产生的影响等现象还待进一步深入研究。

三、本分支学科国内外研究进展比较

近年来农业生物多样性已成为国际农业研究的热点。国际生物科学联盟(IUBS)、环境问题科学委员会(SCOPE)、联合国教科文组织(UNESCO)、国际微生物学联盟(IUMS)和国际科学联合理事会(ICSU)联合发起的国际生物多样性研究计划(Diversitas)。该计划的研究内容涉及不同尺度(如基因、物种和生态系统等层次)水平上的生物多样性观测和描述,生物多样性变化如何影响生态系统功能及其服务,促进生物多样性保护与可持续利用有效措施的发展以及开发有助于发现、记录和保护生物多样性的新策略和新手段,增进对生物多样性在不同时空尺度上演变机制的认识等各个层面。还建立了全球山区生物多样性评估、农业生物多样性、淡水生物多样性、全球外来物种研究计划和生物健康几个研究网络。世界保护联盟(IUCN)制定了2009—2012年的战略计划,重点关注物种生境和生态系统的管理,包括保护生命多样性,改善气候变化预测,自然化改造未来的能源系统,人类福祉管理生态系统及绿化世界经济等5个主要领域。从上述各项计划的实施进展来看,目前对生物多样性的研究热点主要表现在如下几个方面:生物多样性变化与生态系统功能、生物多样性和生态系统服务的价值评估、生物多样性与气候变化、生物多样性的长期动态监测、生物多样性的评价指标。

生态系统服务功能研究作为生态经济学的一个重要方向,是生态学研究的一个热点问题。国内外学者已经进行了许多有意义的尝试。农业生态系统的服务功能得到了广泛关注,Björklund认为农田生态系统服务功能包括直接生产、土壤肥力维持、水质维持、营养供应、栖息地和生态承载能力维系等。Wood等的评价结果显示,1997年世界农业生态系统食物生产的价值为 1.3×10^{12} 美元,提供了人类消费的94%的蛋白质和99%的热量;土壤盐碱化导致的生产力下降的损失为 11×10^9 美元;全球17%的灌溉耕地,生产了全世界30%~40%的粮食;农业生态系统分担了全球碳储存的18%~24%。李忠佩等研究千烟洲实验站农田土壤有机质含量的变化,结果显示,经过11年人为利用后,水田和菜地土壤有机质增加了2.04克/千克和4.01克/千克,而旱地土壤有机质减少了4.93克/千克。肖玉等研究了稻田生态系统气体调节功能,结果显示,稻田生态系统 O_2 释放物理量变化范围为16518~38517千克/公顷,其价值量也有相同的变化趋势,变化范围是6217~11873元/公顷;稻田温室气体调节物理量的变化范围为-997~2787 $kgCO_2-C/$ 公顷,价值量变化范围为-751~2098元/公顷;稻田生态系统气体调节功能的综合价值变化范围为5467~12842元/公顷。李文华与刘某承对比研究了稻田养鱼与常规农业生产模式的综合效益,结果表明,稻鱼共生系统的净收入比常规稻作高5144元/公顷,投入多1493元/公顷,其投入产出比和投资利润率较低,不能有效激励农户的生产;稻鱼共生系统的生态系统服务价值比常规农业生产高7447元/公顷,而常规农业在扣除劳动力成本后其社会效益为负值。从国内外研究现状来看,众多学者在生态系统服务功能的理论框架、评估技术与方法和案例研究等方面做了较

为全面的探索,并已经开始进行生态系统服务功能形成和变化机制及其驱动力的研究。但是,农业复合种植系统的服务功能研究甚少,大多研究主要针对单一生态系统进行。相对于单一种植系统而言,复合系统在生物多样性保护,土壤肥力保持及降低土壤污染等方面有着重要作用,这方面的研究还有待进一步深入。其次,在生态系统服务功能的价值评估中,并没有区分评估的主体,由于生产目标、相关利益等的不同,农户个体尺度和国家尺度在农业生产上有不同的价值选择标准,评估主体的缺失导致生态系统服务功能的评估结果不能很好地起到政策支持作用。因此,针对不同作物栽培模式分别从农户和国家两个角度进行财务分析和经济分析(生态系统服务价值评估)成为综合评估的需要。

国内外大量的研究证实,作物多样性种植条件下病害的发生程度轻于单一作物种植模式。Brophy 等报道了种植具有遗传多样性的小麦种群,不同品种小麦混作模式其时空分布对病害发生动态、植株种间竞争以及产量上的影响,研究显示随机混作及顺序排列间作两种模式对小麦叶斑病、条锈病均具有抑制作用,其中随机混作增产明显。Luo 等依据冬小麦条锈病小种频率指数,设计了应用不同小麦品种间作模式控制病害的计算机决策模型,为制定小麦安全生产策略提供了重要参考。Sharma 等报道了抗性水平不同的小麦品种混作对小麦根腐病菌(*Bipolaris sorokiniana*)及其产量的影响,结果显示,混作区的病程曲线图面积指数(AUDPC)显著低于品种单一种植模式均值9%~57%,其产量显著增加5.1%~8.6%,表明小麦品种间作模式可作为防病促产的重要途径。Jackson 等采用小麦混作对病害防治、作物产量及品质的影响,认为品种 Yolo 和 Serra 按 2:1 方式间作可作为美国加利福尼亚州谷地值得推广的小麦种植模式。朱有勇等分别在 *Nature* 和 *Bio Sciences* 科学杂志上报道了历时 10 余年的研究成果,通过利用水稻品种多样性成功控制了稻瘟病。研究结果显示,抗病和感病品种混栽的发病率比净种减少 94%,产量增加 8.9%,杀菌剂用量减少 60%,这充分证明了利用作物种内的遗传多样性是一种重要的病害生态防治方法,该方法在大面积条件下更有效而且更有助于作物产量增加的持续性。朱有勇等研究还阐述了水稻病害的治理应着力在利用基因水平以及品质资源多样性方面寻求研究突破,通过品种资源多样性利用可有效降低病害发生风险,为病害治理提供新途径。

物种多样性促进植物生产力提高,是农业生物多样性研究的另一个重要方面。1999 年 Hector 等人在欧洲的 8 个试验地就农作物多样性促进粮食增产进行了田间试验,结果表明作物产量与种植物种数量呈对数线性关系,研究还发现,作物多样性促进粮食增产随不同的物种组合和地理位置存在差异。李成云等改变传统种植节令,提前推后播种,避雨避病增产;优化群落空间,作物合理搭配,条带轮作,稀释病菌阻隔病害;集成作物多样性时空优化配置要素,构建简单易行的控病增产技术,有效控制了马铃薯、玉米、小麦、大麦、蚕豆、魔芋等作物主要病害的流行,大幅度增加了粮食产量和提高土地利用率。

国内外的许多研究表明,作物多样性种植也是提高养分空间有效性的重要措施。如在间作系统中,不同作物在一定生长期共生在一起,作物种间就会发生相互影响。不同植物根系形态及其在土壤中的分布不同,因此不同根系特点的作物就能取长补短,提高养分的空间有效性。实行连年复种的多熟制,也能取得作物持续增产和土壤培肥的效果。不同

作物适应养分胁迫的机理和适应能力不同，可以利用它在根系形态和生理方面的差异，改善植物的根际环境，提高其对养分的利用效率。通过间作和轮作豆科植物、休闲空间种植和翻压绿肥、秸秆还田、增施畜肥和生物多样性的应用等增加土壤肥力，改善土壤理化性质。在多样性种植系统中，可以根据不同作物的生物学特性而表现出的各种资源表现出来的时间利用上的差异，或是不同来源的养分满足作物的相同要求，来提高土壤养分、水分的利用效率。

云南农业大学由朱有勇院士带领的团队近年来进行的农业生物多样性控制病虫害的研究，创新点突出，一是阐明了降雨高峰与病虫发生高峰的叠加规律，并利用物种多样性优化配置消减叠加效应，显著降低病虫危害和促进增产。二是明确了物种多样性控制病虫害的基本原理，利用物种多样性时空合理配置等方法，凸显了物种多样性对病虫害稀释阻隔及相互制约等生态功能，有效地减缓病虫害流行。三是探明了物种根际互作过程的主要机理，并利用物种合理配置促进营养利用，增加生物固氮，增强作物抗逆性。四是集成物种多样性时空优化配置要素，构建控制病虫害促进增产的技术体系。发展绿色植保，缓解农药不合理使用状况，是我国植保行业重要的研发领域。这些研究顺应了绿色植保发展的方向，得到了同行专家学者的认同，国内同行评价认为应用生物多样性促进粮食安全提供了成功范例，国际上尚无类似系统和规模化的成功研究，探明了作物多样性控制病虫害的基本原理，构建了技术体系，大面积推广通过了实践检验，具有显著的理论和技术创新特色，为解决作物品种单一化造成的病虫害流行难题探索了新途径，对发展绿色植保有着重要意义。2009年在88个县推广应用2025.81万亩，2010年在104个县推广应用4004.7万亩，2011年在126个县推广应用4013.2万亩，促进了农业结构调整和优势特色生物产业的发展，为云南粮食增产和农民增收做出了很大贡献，产生了显著的社会经济效益，对我国的粮食安全和农业持续发展都有重要意义。农业生物多样性已成为目前国际农业研究的热点，国际上利用作物多样性控制病虫害的研究从理论研究转向应用研究，开展了水果、蔬菜、粮食等作物利用生物多样性控制病虫害的田间小试和中试，但大面积推广应用尚未形成规模。云南农业大学的该研究形成的大面积推广应用的成功范例，受到了国际学术界高度关注。近年来该团队与国际农业生物多样性中心（Broversity Centre），国际水稻所（IRRI），欧盟生物多样性与农业委员会（EBA），法国国家农业科学院（INRA），新西兰国家农业生物多样性研究中心（NSAB），中国、日本、韩国和美国生物多样性保护和利用交流中心等机构建立了科技合作和学术交流。国际农业生物多样性理事会主席 Emile Frison 博士，美国植物病理学会会长堪萨斯大学首席教授 Leach Jan E. 博士，美国《植物病理学报》执行主编 Chris Mundt 教授，国际植物病理学会种子病理学会原主席 Mew Tom W. 教授，国际水稻所高级研究员 Leung Hei 教授，英国沃尔夫汉普顿大学教授 Hocking Trevor J. 博士，国际农业生物多样性研究中心 Devra Jarvis 教授，法国国家农业科学院 Morel Jean-Benoit 教授等 200 位外国同行学者多次到应用现场考察和深度合作研究。2008 年欧盟在法国举办的生物多样性与农业大会特邀朱有勇教授作了大会主题报告，大会认为本研究是国际上应用生物多样性控制病虫害的成功范例。

四、本分支学科发展趋势与展望

农业生物多样性学科是近年来快速发展的新兴交叉学科，学科的理论和技术创新潜力十分巨大。该学科领域的研究的重点之一，就是揭示生物与环境之间，生物之间所发生的物质循环、能量流动和信息传递。对生物多样性与生产力，多样性与稳定性，多样性与可持续性的研究也逐步增多。但国外的研究目前仍然以野生植物为主要对象，由于生物之间关系十分复杂，因此，研究结果就会随着对象、方法的不同而出现很大差异，有的甚至截然相反。这样的研究结果难于直接用于指导生产。结合我国农业生产实际和特点，以主要农作物为研究对象，尤其是结合作物多样性栽培进行，对从基因、群体、生态到景观四个不同层面进行生物多样性变化与生态系统功能的分析，不仅对于促进农业生物多样性理论的发展有重要作用，而且能够将应用技术的研发和集成创新有机结合，形成有我国特色的研发体系。从利用作物多样性调控病虫害到提高土壤肥力，提高作物生产力，发展可持续农业等急需解决的关键问题，近年来都越来越受到国内外高度重视。此外，从化感作用方面研究农业生物多样性控制作物病虫害的机理也成为研究热点，化学物质是如何在利用多样性种植系统中影响寄主和病原物，植物与病原物、害虫之间的化学感应又是如何启动和作用？探索其中的关键问题和机理以及进一步拓展农业生物多样性控制病虫害的应用将是今后该学科发展的方向。

总之，生物多样性是大自然赋予人类的宝贵财富，是植物病虫害流行的天然屏障，必将在现代农业生产中发挥越来越重要的作用。当前，利用生物多样性持续控制作物有害生物，已成为国际农业科学研究的热点，研究成果的应用推广逐年扩大，农业生态系统多样性的功能逐步被认知。我国科技工作者在利用生物多样性调控作物病害方面做了大量研究和实践，长期活跃在该领域的研究前沿，在多方面取得了明显的进展。但利用作物多样性控制有害生物的机理涉及方方面面，解析其机理涉及植物病理学、植物病害流行病学、生物信息学、分子生物学、分子生态学、基因组学和表达组学等学科的交叉和融合，需要更多感兴趣的科学家或科技工作者共同努力，从不同的角度揭示作物间相克相生自然现象，为利用生物多样性促进粮食安全做出贡献。

参 考 文 献

- [1] Aharma R.C., Dubin H.J. Effect of wheat cultivar mixtures on spot blotch (*bipolaris sorokiniana*) and grain yield [J]. Field Crops Research, 1996, 48: 95-101.
- [2] Anne Larigauderie. Towards a new biodiversity science [J]. DIVERSITAS Newsletter No.1.2002, July.
- [3] Brophy L.S., Mundt C.C. Influence of plant spatial patterns on disease dynamics, plant competition and grain yield in genetically diverse wheat populations [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 1991, 1: 1-12.

- [4] Biosustainability: Developing The conservation and sustainable use of biodiversity. <http://www.diversitas-international.org/biosustainability>.
- [5] Björklund, J., K. E. Limburg, T. Rydberg, Impact of production intensity on the ability of the agricultural landscape to generate ecosystem services: an example from sweden [J]. *Ecological Economics*, 1999, 29: 269–291.
- [6] Chen B, Wang JJ, Zhang LM, et al. Effect of intercropping of pepper with sugarcane on populations of *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae) and its parasitoids [J]. *Crop Protection*, 2011, 30: 253–258
- [7] Chen L Z, Ma K P. Biodiversity Science: Principles and practice [M]. Shanghai: Shanghai Science And Technology Press, 2011.
- [8] Communication from the commission.halting the loss of biodiversity by 2010– and beyond: sustaining ecosystem services for human well-being [EB/OL]. Http://Ec.Europa.Eu/Environment/Nature/Biodiversity/Current_Biodiversity_Policy/Biodiversity_Com_2006/Pdf/Com_En.Pdf.
- [9] Costanza, R., d'Arge R, De Groot R, et al. The value of the world's ecosystem services and nature [J]. *Nature*, 1997, 387: 253–260.
- [10] Dong K, Chen B, Li ZY, et al. A characterization of rice pests and quantification of yield losses in the japonica rice zone of Yunnan, China. *Crop Protection*, 2010, 29 (6): 603–611.
- [11] Daily, G. C. eds, *Nature's Service: Societal dependence on natural ecosystems*, Island Press, Washington D C.1997.
- [12] Ecoservices: Assessing the impacts of biodiversity changes on ecosystem functioning and services [EB/OL]. Http://www.Divemitas-International.Org/Core_Ecoserv.Html.
- [13] Finckh M.R, Wolfe M.S. The use of biodiversity to restrict plant diseases and some consequences for farmers and society [J]. *Ecology in agriculture*, San Diego, USA, 1997. 203–237.
- [14] He XX, Zhu SS, Wang HN, et al. Crop diversity for ecological disease control in potato and maize. *Journal of resource and ecology*. 2010, 1 (1): 45–50.
- [15] Hector A, Schmid B, Beierkuhnlein C, et al. Plant Diversity And Productivity Experiments in european grasslands [J]. *Science*, 1999, 286: 1123 – 1127.
- [16] Jackson L.F, Wennig R.W. Use of wheat cultivar blends to improve grain yield and quality and reduce disease and lodging [J]. *Field Crops Research*, 1997, 52: 261–269.
- [17] Kumwenda, J. D. T., S. R. Waddington, et al. Soil Fertility management research for the maize cropping systems of smallholders in southern africa. NRG Paper. 1996.
- [18] Lai RQ, You MS, Lotz LAP. Responses of green peach aphid populations and other arthropod communities to garlic as a deterrent intercrop in flue-cured tobacco fields [J]. *Agronomy Journal*, 2011, 103 (3): 856–863.
- [19] Yao FL, You MS, Vasseur L, Yang G, Zheng YK. Polycultural manipulation for better regulation of planthopper populations in irrigated ricebased ecosystems [J]. *Crop Protection*, 2012, 34 (4): 104–111.
- [20] Lai RQ, You MS, Jiang LC, et al. Evaluation of garlic intercropping for enhancing the biological control of *Ralstonia solanacearum* in flue-cured tobacco fields [J]. *Biocontrol Science & Technology*, 2011, 21 (7): 755–761.
- [21] Leung H., Zhu Y.Y., Imelda Revilla–Molina, et al. Using genetic diversity to achieve sustainable rice disease management [J]. *Plant Disease*, 2003, 87: 1155–1169.
- [22] Li CY, He XH, Zhu SS, et al. Crop diversity for yield increase [J]. *PLoS ONE*. 2009, 4 (11): e8049.
- [23] Lin S, You MS, Yang, G, Chen LL. Can polycultural manipulation effectively control rice lanthoppers in rice-based ecosystems? [J]. *Crop Protection*, 2011, 30 (3): 279–284.
- [24] Liu JN, Gui FR, Li ZY. Genetic Diversity of planthopper, *Sogatella furcifera* in the Great Mekong Subregion detected by inter-simple sequence repeats (ISSR) markers [J]. *Journal of Insect Science*, 2010, 10 (52): 1–14.
- [25] Li L, Li SM., Sun JH, et al. Diversity enhances agricultural productivity via rhizospher phosphorus facilitation on phosphorus-deficient soils [J]. *PNAS*, 2007, 104 (27): 11192–11196.
- [26] Li L, Sun JH, Zhang FS, et al. Root distribution and interactions between intercropped species [J]. *Oecologia*,

- 2006, 147: 280-290.
- [27] Luo Y, Zadoks J.C. A decision model for variety mixtures to control yellow rust on winter wheat [J]. *Agricultural Systems*, 1992, 38: 17-33.
- [28] Matian, W.S. Crop strength through diversity [J]. *Nature*, 2000, 406: 681-682.
- [29] Millennium Ecosystem Assessment Synthesis Report [EB/OL]. [Http://www.coo-index.org/Search/Pdfs/Millennium-Ecosystem-Assessment-Pdf](http://www.coo-index.org/Search/Pdfs/Millennium-Ecosystem-Assessment-Pdf).
- [30] Picasso VD, Brummer EC, Liebman M, et al. Crop species diversity affects productivity and weed suppression in perennial polycultures under two management strategies [J]. *Crop Sci.*, 2008, 48: 331-342.
- [31] Pimentel, D. W., C. Wilson, C. McCullum, et al. Economic and environmental benefits of biodiversity [J]. *Bioscience*, 1997, 47 (11): 747-757.
- [32] Sun S, Sun X X. Census of marine Life [J]. *Advances In Earth Science*, 2007, 22: 1081-1086.
- [33] The IUCN, Programme 2009-2012-Shaping A Sustainable Future [EB/OL]. [Http://www.Iucn.Org/Programme/Files/Iucn_Programme_2009_2012_Dfc.Pdf](http://www.Iucn.Org/Programme/Files/Iucn_Programme_2009_2012_Dfc.Pdf).
- [34] Trenbath B R. Intercropping for the management of pests and diseases [J]. *Field Crops Research*, 1993, 34: 381-405.
- [35] UNEP-WCMC. Biodiversity and poverty reduction: the importance of biodiversity for ecosystem services [EB/OL]. [Http://www.Unep-Wcmc.Org/Latenews/Biodiversity%20and%20Poverty%20Reduction%20UNEP-WCMC.Pdf](http://www.Unep-Wcmc.Org/Latenews/Biodiversity%20and%20Poverty%20Reduction%20UNEP-WCMC.Pdf)
- [36] Wood S., K. Sebastian, S. J. Scherr. Pilot analysis of global ecosystems: agroecosystems, a joint study by international food policy research institute and world resources institute. International Food Policy Research Institute And World Resources Institute. Washington D.C., 2000.
- [37] WWF. Zoological Society Of London, Global Footprint Network. 2010 and beyond: rising to the biodiversity challenge [EB/OL]. [Http://www.Wwf.Or.Jp/Activity/Wildlife/Lib/2010_And_Beyond.Pdf](http://www.Wwf.Or.Jp/Activity/Wildlife/Lib/2010_And_Beyond.Pdf).
- [38] Xie J, Hu LL, Tang JJ, et al. Ecological mechanisms underlying the sustainability of the agricultural heritage rice-fish coculture system [J]. *PNAS*. 2011, 108 (50): E1381-E1387.
- [39] Zhu Y.Y, Wang Y.Y., Chen H.R., et al. Conserving Traditional Rice Varieties Through Management For Crop Diversity [J]. *Bioscience*, 2003, 53 (2): 158-162.
- [40] Zhu Y.Y, Chen H.R., Fan J.H., et al. Genetic diversity and disease control in rice [J]. *Nature*, 2000, 406: 718-722.
- [41] 程序. 可持续农业的几个理论问题 [J]. *生态农业研究*, 1999, 7: 14-18.
- [42] 高旺盛, 董孝斌. 黄土高原丘陵沟壑区脆弱农业生态系统服务评价——以安塞县为例 [J]. *自然资源学报*, 2003, 18: 182-188.
- [43] 郝芳华, 常影, 宁大同. 中国耕地资源面临的挑战与可持续利用对策 [J]. *环境保护*, 2003, 30-33.
- [44] 姜延书, 夏友富. 我国大豆产业遭进口冲击的根源分析及其应对 [J]. *商业时代*, 2009, 37-38.
- [45] 孔箫铤, 靳佩贞. 低碳背景下的农业生物多样性保护思考 [J]. *中国农学通报*, 2010, 26 (21): 297-300.
- [46] 李文华. 我国西南山区生态建设的几个问题 [J]. *云南畜牧兽医*, 2000, (1): 1-2.
- [47] 李文华. 李文华主编. 生态农业——中国可持续农业的理论与实践 [M]. 北京: 化学工业出版社. 2003.
- [48] 李文华, 刘某承, 张丹. 用生态价值权衡传统农业与常规农业的效益 [J]. *资源科学*, 2009, 31: 899-903.
- [49] 李延梅编译. 农业生物多样性科学计划与实施战略简介 [J]. *科学新闻*, 2006, 19: 31-33.
- [50] 李正跃, 朱有勇, 李正跃, 等主编. 生物多样性与害虫综合治理 [M]. 北京: 科学出版社, 2011.
- [51] 李忠佩, 王效举. 小区域水平土壤有机质动态变化的评价与分析 [J]. *地理科学*, 2000, 20: 182-184.
- [52] 刘某承, 张丹, 李文华. 稻田养鱼与常规稻田耕作模式的综合效益比较研究 [J]. *中国生态农业学报*, 2010, 18: 164-169.
- [53] 林而达, 王京华. 全球变化对农业的影响及适应对策 [J]. *地球科学进展*, 1995, 10: 597-604.

- [54] 骆世明. 论生态农业模式的基本类型 [J]. 中国生态农业学报, 2009, 17: 405-409.
- [55] 倪长春编译. 西欧和日本对农业生物多样性的概念和价值观 [M]. 2008, 30 (5): 23-26.
- [56] 欧阳志云, 王效科, 等. 中国陆地生态系统服务功能及其生态经济价值的初步研究 [J]. 生态学报, 1999, 19: 607-613.
- [57] 欧阳自远. 中国西南喀斯特生态脆弱区的综合治理与开发脱贫 [M]. 2007, 20: 53-56.
- [58] 单绪南, 朱恩林, 杨普云. 2008 年全国农作物病虫害发生概况、防治进展及 2009 年防控对策 [J]. 中国植保导刊, 29: 16-18.
- [59] 肖焱波, 段宗颜, 金航, 等. 小麦/蚕豆间作体系中的氮节约效应及产量优势 [J]. 植物营养与肥料学报, 2007, 13: 267-271.
- [60] 肖玉, 谢高地, 鲁春霞, 等. 稻田生态系统气体调节功能及其价值 [J]. 自然资源学报, 2004, 19 (5): 617-623. 13: 267-271.
- [61] 曾雄生. 农业生物多样性与中国农业的可持续发展 (上、下) [J]. 鄱阳湖, 2011, (5, 6): 54-66, 90-100.
- [62] 张壬午, 冯宁澄, 王洪庆, 等. 从国外替代农业探讨我国生态农业发展前景 [J]. 国外农业环境保护, 1989, 1: 1-3.
- [63] 张伟东, 王雪峰. 几种典型生态农业模式的优点及实现途径 [J]. 中国生态农业学报, 2007, 15: 179-181.
- [64] 朱有勇主编, 遗传多样性与作物病害持续控制 [M]. 北京: 科学出版社, 2007.

撰稿人: 朱有勇 李成云 李正跃 何霞红 朱书生 陈斌

ABSTRACTS IN ENGLISH

Comprehensive Report

Advances in Plant Protection

Plant Protection is a comprehensive discipline, which study the biology, occurrence and outbreak regularity of crop pests and the interactive mechanism between pests with biotic or abiotic factors. As one of important approach to forecast and alleviate agricultural pests, the major aim of plant protection is to ensure national food security, the quality and safety of agricultural products, ecological environmental safety, guarantee public health and major agro-products effective supply, and is an important components and a key link in the modernization agriculture building chain.

The advanced report of plant protection placed the emphasis on several sub-disciplines research, for example, plant virology, plant functional genomics for disease and pest resistance, insect chemical ecology, biological control, biological invasions, monitoring and forecasting of plant diseases and insect pests, technology of crop pest control based on biodiversity. There are two major parts: comprehensive report and special topic reports. The whole report mainly summarized the major scientific research advancement and the important achievements in the recent two years, compared with the interational research level, provide a prospects of the development trend and research direction in plant protection, and the aim is to promote the discipline for better development.

In the recent two years, the major research advancements are as follows: Firstly, a significantly progress has been made on both of theoretical basis and applied technology. Scientists have achieved internationally competitive research results in plant viral molecular biology and detection technology, plant virus gene function, mechanism of the viral pathogenicity, plant virus and vector interaction, plant antiviral mechanism, plant related genes exploration for disease and pest resistance, some important pathogens and insects genomics, insect chemical perception characteristic and molecular mechanism, the important invasive species introduction – spread-suitable –evolution, the mechanism of invasive species contest and replace to native species, the impact of biologic invasions on ecosystem structure and function, the mechanism of crop pest control based on increasing biodiversity in agriculture. Secondly, a rapidly development has been made in hi-tech: In the area of plant functional genomics for disease and pest resistance: using genetic engineering techniques, a series of plant materials for disease and insect resistance have been

developed, thus provide a prerequisite for further crop breeding for disease and insect resistance; In the insect chemical ecology area, a significant advancement has made mainly in identification and application of insect pheromones, manipulating and modifying of insect (pest insect and natural enemy) behaviors of infochemicals, development and application of plant infochemicals mediating plant-insect interactions; In biological control area, based on the induced plant immune defence to plant disease, the research and products development have been made a significant advancement on new bio-pesticide of elicitors protein, polypeptide or polysaccharide; In the area of monitoring and forecasting of plant diseases and insect pests, using “3S” techniques (including remote sensing-RS, geographic information systems-GIS, and global positioning system-GPS) , along with molecular quantitative techniques, ecological environment modeling and computer- based informatics network technique, etc, a good progress has been made on monitoring and forecasting the outbreak of the rice migratory insect pests (plant hopper, leaf roller) , armyworm, wheat disease and insect pests. Thirdly, some key technologies have made a great break through: for example, wheat strip rust pathogen source border and remote area forecast technology, plant virus disease control technology, natural enemy of insect research and application technology, bio-pesticide to plant disease development and application, some important invasive insect pests detection and monitoring technology, the plant disease and insect pests control technology by increasing biodiversity in agriculture.

On generally, the whole research level of plant protection in China still exist a larger gap in basic research, compared with developed countries, like European countries and USA, and in the international frontier aspects. In the following few years, we should make great efforts to combine with high-throughput sequencing technology on small RNA analysis, transcriptome, proteomics and mass spectrometry technologies, to promote the hi-tech R&D and reach the advanced international levels in the basic research field of plant protection in China.

Written by Wu Kongming, Chen Wanquan,
Ni Hanxiang, Wen Liping, Chen Julian

Reports on Special Topics

Advances in the Plant Virology

In recent years, research progresses in plant virology have been significantly achieved with internationally standard in China. Characterization of viral genomic organization and genetic diversity is indispensable for fundamental and applied research of plant viruses. Southern rice black-streaked dwarf virus (SRBSDV), occurs as a sudden outbreak disease on rice crop, was firstly identified based on completely sequencing of the viral genome by a collaboration between Professor Zhou Guohui at South China Agricultural University and Professor Chen Jianping at Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, which provides an important theoretical basis for the follow-up detection, molecular and applied studies of the disease.

At the aspect of viral pathogenesis, Professor Zhou Xueping's research group at Zhejiang University discovered that β C1 encoded by geminivirus TYLCCNV satellite DNA, can inhibit methylation-mediated TGS by interacting with S-adenosyl homocysteine hydrolase and inhibiting its activity. Professor Guo Huishan from Institute of Microbiology and Professor Xie Qi from Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy Sciences, found that Leaf beet curly top virus (BSCTV) C2 protein, a silencing suppressor, interferes with the host defense mechanism of DNA methylation-mediated gene silencing by attenuating the 26S proteasome-mediated degradation of S-adenosylmethionine decarboxylase 1SAMDC1. Professor Chen Jianping's group analyses the transportation of Chinese wheat mosaic virus (CWMV) from the root phloem, xylem, then sieve tube, catheter to complete the long distance movement in wheat plant, proved that the 37 k protein was a movement protein.

In virus-insect-host interactions, Professor Wei Taiyun at Fujian Agriculture and Forestry University, illustrates the mechanism of Rice dwarf virus (RDV) spreading inside of the viral leafhopper vector. Professor Zhou Xueping's team reveals the mechanism of the plant-mediated mutualism between a virus and its vector through the indispensable connection between TYLCCNV accompanying satellite TYLCCNB and whitefly. Guo Huishan's group has found that the CMV 2b-AGO interactions in vivo required the nucleolus targeting of 2b, but the direct 2b-AGO interaction was not essential for the 2b suppression of posttranscriptional gene silencing (PTGS) and RNA-

directed DNA methylation (RdDM) in vivo.

In plant antiviral mechanism, Professor Liu Yule's team from Tsinghua University found NbRbCS interacted with ToMV MP, was involved in the movement of Tobacco mosaic virus group, the viral sensitivity of plant, and Tm-2² mediated high resistance to the virus. Professor Zhou Xueping's group showed that SlSnRK1 protein in Tomato attenuates geminivirus (TYLCCNV) infection by interacting with β C1 protein.

A number of expert groups including Professor Chen Jianping' team, Professor Zhou Guohui' team and Professor Song Baoan's team at Huizhou University, have contributed the control technologies of Southern rice black-streaked dwarf virus disease in nationwide. For Citrus viral disease control, Professor Zhou Changyong's team at Citrus research institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences established the micro-scale, rapid DNA template preparation technology, and stem tip virus-flee early evaluation standard to screen resistant citrus seedlings to Citrus virus disease.

Chinese scientists have achieved international standard of research in plant RNA silencing mechanism and its components, and the de-methylation ability of virus silence suppressor. They have done excellent studies for viral molecular detection and identification of virus movement proteins of RDV, RSV, RBSDV, SRBSDV and TYLCV. In the mechanism of virus transmission, they have revealed the life cycles of several important virus in their insect vectors, which opens the way for further research. In research of viral pathogenesis, they have established a system to screen plant interaction proteins for interpretation their roles in the pathogenic process. Deficiency mainly reflected on how to interpret the occurrence of plant virus disease which was caused by virus gene, small RNA, viral protein and virus particles in gene, protein, small RNA, tissues, organs by different analytic level. There is still a certain distance to catch up with the international frontier.

In the coming years, new technologies such as transcriptome analysis, proteomic mass spectrometry and small RNA analysis, which companied with high-throughput sequencing technology, will provide new tools for further study of plant viruses. A team composed of entomologists, virologists and botanists is necessary for further understanding the virus-insect-host interactions. In addition, elucidating the effect of virus on host physiological, biochemical metabolism and protein translational regulation, knowing the mechanism of the viral pathogenicity, and understanding the plant resistance mediated by RNA silencing against viral infection will be the research directions of plant virology in further.

Written by Chen Jianping, Yan Fei

Advances in the Plant Functional Genomics for Disease and Pest Resistance

Plant diseases and insect pests are main threats to agriculture. Each year, huge losses in the yield of agricultural products have been caused by plant diseases and insect pests. With the simplification of crop structure, global climate change, genetic variation of pathogen, emergence of invasive pathogens and insects, and other factors, the plant pathologist and entomologist meet serious challenge against emergence of new diseases and pests and variation of the regular epidemic patterns of traditional diseases and insect pests. Recent studies demonstrate that plants have the innate immunity system against diseases and insect pests infection, as similar as animals. Plants will activate a set of complex metabolic responses to fight infection when they are attacked by insects or pathogens. Therefore, how to regulate and increase plant resistances to diseases and pests has been a key issue for plant pathologist and entomologist. The rapid achievements in plant pathology and entomology and deep exchanges with other disciplines, such as molecular biology, biological chemistry, bioinformatics and genomics, have promoted the basic research in plant pathology and entomology. Progress has been obtained in the development of research system, understanding of mechanisms for resistance, and improvement of technologies. In this review, we introduce research advances in the discovery of novel resistance genes, technologies and progresses of genetic engineering for disease and insect resistance, and the safety evaluation for transgenic plants from 2011 to 2013.

Written by Zhou Xueping, Zhang Jie, Huang Changjun

Advances in the Insect Chemical Ecology

Insect chemical ecology, as the essential component of the discipline chemical ecology, is of significant importance in both theoretical and applied fields, especially in plant protection. International insect chemical ecology has come into molecular era since 1990's as the application of molecular biology and biotechnology in chemical ecology. Chinese scientists in insect chemical ecology have recently made significant achievements, mainly in the following aspects:

(1) In insect chemical perception mechanisms, genes of many chemosensory proteins and odorant binding proteins from various insect groups were identified and some of them were functionally verified, and ultrastructures of gustatory and olfactory sensillae of many insect species were observed and described.

(2) Identification and application of insect pheromones were conducted in recent years in agricultural and forest insects, and some progresses in pheromone biosynthesis and regulation were achieved in some insect sex pheromones and aphid alarm pheromone E- β -Farnesene. Insect pheromones in monitoring or mass trapping have been applied, alone or in combination with other control methods, in the safe management of insect pests. A 5-year national agro-project of public interests on synthesis and application of insect pheromones was initialized in 2012.

(3) Great progresses in chemical ecological mechanisms of plant infochemicals modifying insect behaviors were obtained in past years in China, especially in Prof. Kang Le's lab in Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences. Molecular basis on plant resistance to insect pests were elucidated and related techniques were applied in the fields, which was achieved in Prof. Lou Yonggen's lab in Zhejiang University. Plant chemicals mediating plant-insect interactions are being now widely studied and utilized in China.

In addition, academic exchange, education, book publication, innovative groups, project accomplishment as well as social service and national awards in insect chemical ecology have been well done in China in the past years. However, we still have to make great efforts in reaching international levels in systematicness, depth and continuity.

In the present report, upon comparative analysis of international and China's advances in insect chemical ecology, trends in insect chemical ecology were proposed, including continuous application of molecular biology and biotechnology, studies and potential of traditional chemical ecology, chemoperception mechanism and possible design of gene-target agents, and induced plant above- and below-ground responses.

Finally, some suggestions for China's insect chemical ecology are proposed, including basic researches on chemoperception and function of infochemicals, applications of insect pheromones and plant chemicals affecting insect behaviors, and cooperation among chemical ecologists.

Written by Yan Fengming, Chen Julian,
Zhang Yongjun, Tang Qingbo, Zhou Haibo

Advances in the Biological Control

The achievements have been gained in both theory and application for recent years in the biological control field. There were 3 projects awarded the second prize of National Science and Technological Progress. They are the project “Establishment Industrial System of Rotenone bio-pesticide and Integration of Key Technics” , “New Resources of Bacterial Pesticide and Its new Industrial production Technics” , as well as “Study and Application of Bio-fungicide of *Bacillus*” .

The parasitoids of citrus fruit fly are discovered in Fujian province. They are the cocoon bees of *Fopius arisanus* (Sonan)、 *Psytalia incise* (Silvestri)、 *Fopius vandenboschi* (Fullaway)、 *Diachasmimorpha longicaudata* (Ashmead) and wasp of *Spalangia longetiolata* (Boucek) . Their biology and ecology are studied systematically. The results of releasing the wasps on large scale in the citrus orchard show that these parasitoids can be used for control of the citrus fruit fly effectively. The technology for mass rearing and application has been established .

The research field of predatory mite is very active in recent years. A national study project is set up for study in technology of mass production and field application. The progress of this project has been made in commercialization. Several species of predatory mites become the bio-control agents used in control of leaf mites in citrus orchard and green house.

The agricultural *Bacillus* spp. is a new bio-fungicide which can produce some entospores with characteristics of resistant heat,drought tolerance,anti-ultraviolet and organic solvent.Various biological functions of *Bacillus* spp. are revealed, including promotion of plant growth,colonization of soil space,antagonism and induction of plant resistance to pathogens. Several products of *Bacillus* spp. were registered as the bio-fungicides in China in the past few years.

Innovation of plant diseases vaccine is one of plant disease control measures. There are few products registered in practice use.the vaccines of *Chitosan oligosaccharide* and protein elicitor PeaT1 have been commercialized in China These products induce the plant immune system,and promote the resistance to pathogens. The mechanism research showed that the content of polyphenols increased and protein kinase in tobacco mosaic virus resistance and pathogenesis related proteins in tobacco induced in the treatment of tobacco. Inhibition effect on tobacco mosaic virus is remarkable when spraying the vaccines.

The infestation of plant nematode is getting serious problem in agricultural production. The

microbial control is an effective method for controlling the nematode pest. A national basic research project in this field has been conducted since 2013. The natural microbial resource will be screened. The mechanism of promising microbial strains demonstrates that new bio-nematocide can be innovated after this project completed.

Written by Yang Huaiwen, Qiu Dewen, Chen Jiahua, Zhang Keqin,
Zeng Fanrong, Xu Xuenong, Chen Zhiyi, Zhao Xiaoming

Advances in the Invasive Biology

Integrations of world economy accelerate the invasive processes, which influence the safety of economic, ecology and society seriously. Nowadays, biological invasions have become the research focus of ecology. Based on the requirements of the national development, many projects related to basic research and management techniques of biological invasions have been started recently. These projects have made a great contribution to establishment and development of the invasive biology discipline, propelled forward innovation and development of prevention and management techniques of biological invasions. The invasive biology discipline system which meets the conditions of China had been initially formed. The international status, influences and appeal of China have been greatly improved. The sound development of invasive biology discipline has been pushing forward greatly. The purpose of this chapter is to introduce the latest progress obtained by Chinese scientists on basic theoretical research and management techniques on biological invasions, including distribution and phylogeny of *Bemisia tabaci* cryptic species, egg forming and regulation; host preference and selectivity of *Dendroctonus valens*, aggregation, sex attractant activity substances and mate recognition mechanism; identification and biological role of the endosymbionts *Wolbachia* in rice water weevil; construction of BAC Library of *Eupatorium adenophorum* and multiple expanding mechanisms under heterogeneous environment; phenotypic plasticity and gender plasticity of *Alternanthera philoxeroides*; reproductive allocation of biomass in *Mikania micrantha* populations from two habitats (forest gap and open land); coevolution between *Phytophthora sojae* and its host, and mechanism of broad-spectrum disease resistance; analysis of comparative transcriptome of *Bursaphelenchus xylophilus* and *Bursaphelenchus mucronatus*, action of parasitic associated protein in host adaptation of *B. xylophilus*; qualitative and quantitative risk analysis of introduction – suitable – spread of invasive species, identification and remote analysis of invasive insects based on DNA barcoding, remote monitoring technique for

important invasive insects; information platform for early warning and detection and monitoring of invasive species. Moreover, the development trends of invasive biology discipline are discussed. Further work should be focus on biological invasion and microevolution, pattern changes between invasive species and natural enemies under climatic variation, and so on.

Written by Wan Fanghao, Zhang Guifen, Liu Shusheng, Guo Jianying,
Zheng Xiaobo, Wang Rui, Wang Yuanchao, Xie Bingyan,
Liu Wanxue, Sun Jianguhua, Zhou Zhongshi

Advances in the Monitoring and Forecasting of Plant Diseases and Insect Pests

The system of real-time monitoring and early warning of plant diseases and insect pests, is one of the prerequisites for controlling the outbreaks of crop pests and diseases timely and effectively. Under the scope of global warming and climate changes in recent years, the climate in China bears the problems of south waterlogging, while north drought, and erratic temperatures etc., which accelerates the environment changes in China agricultural ecosystem, and raised the frequency and degree of migratory pests and air-borne disease occurrence. Therefore, China has to face severe challenges in prevention and control of agricultural insect pests and diseases, meanwhile the government and academia have reached in common to further improve the ability of early warning of plant diseases and insect pests. In this article, authors review the research actuality and advanced progress on monitoring and early warning of plant diseases and insect pests of China in recent years. Currently, researchers are using the “3S” technologies, including remote sensing (RS), geographic information systems (GIS), and global positioning system (GPS), along with molecular quantitative techniques, ecological environment modeling and computer-based information networks technique, combining with a variety of geographic data, such as the historical data of the plant diseases and insect pests, crop composition and distribution, meteorological factors, and many other relevant information, and also employing spatial analysis, artificial intelligence and models simulation to carry out systematical and scientific studies. Base on all the above technologies and methods to work out forecast system and control strategy for plant disease and insect pests, it will definitely elevate the level of monitoring and early warning plant diseases and insect pests and brings the progress into a new height. Huge progress has been made on successfully monitoring the rice migratory pests, the wheat disease and insect pests, including plant hopper, leaf roller, and

armyworm, and so on.

In recent years, Dr. Dengfa Cheng and Dr. Kongming Wu's teams in the Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences (IPP, CAAS) have established one Millimeter-Wave Entomology Radar and three Centimeter-Wave Entomology Radar Systems at Guangxi Province, Shandong Province, and Inner Mongolia in China. There are also one Vertical-Looking Radar from Dr. Hongqiang Feng's team in the Institute of Plant Protection in Henan Province, one Vertical-Looking Radar (transceiver separation) from Dr. Baoping Zhai's team in Nanjing Agricultural University in Jiangsu Province, and one Vertical-Looking Radar from Dr. Baocai Shi's team in Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences. Based on these radars, we have established the automatic real-time monitoring systems for the migratory pests, such as rice plant hopper, leaf roller, meadow moth, and cotton bollworm and so on. Dr. Dengfa Cheng's team has provided the reliable monitoring data to prevent the meadow moth during the Beijing Olympic Games in 2008 and control the sudden outbreaks of armyworms in 2012, and also to develop the prevention and control decisions for rice plant hopper. In cooperation with other national research groups since 2008, Dr. Baoping Zhai's team have been to Vietnam, Laos, Burma and Thailand more than 30 times to investigate two types of migratory pests including the rice plant hopper and leaf roller. It was clear that the emergence sites of rice plant hoppers and leaf rollers which occurred in eastern part of China (including the eastern and southeast of Yunnan Province) are from central and southern Vietnam, Vientiane and Savannakhet of Laos, and northeast Thailand, while the main peak of insect source was from Northern Vietnam. However, the original habitats of these pests in western and southwest Yunnan Province are from the Irrawaddy of Burma and northern Thailand. In addition, they also performed field investigate for 6 times to study the original source of the above two migratory pests from 2011 to 2013. It has been clear that the plant hoppers which moved back to Vietnam were completely annihilated because the food chain is interrupted, while the moths which migrated into China in spring came from the population reorganized in central Vietnam. Most of the reorganized moths were originally from the coast of central and southern Vietnam and a small part of which may come from Phu yen province and the rice production areas surrounding the Lake Kampuchea Tonle Sap in Cambodia. Utilizing the Hyperspectral Remote Sensing and Low-Altitude Aerial Remote Sensing techniques, Dr. Yilin Zhou's team from IPP CAAS and Dr. Zhanhong Ma's team from the China Agricultural University make a great progress on monitoring two common plant diseases which are wheat powdery mildew and wheat stripe rust. It has been clear about the relationship between the remote sensing parameters and the damage degree of these above two diseases, and the corresponding estimation model has been established. Moreover, Dr. Yilin Zhou's team employed the vehicle-borne fungal spore traps and stationary fungal spore trap to study the relationship between the spore numbers of wheat powdery mildew spreading in the air and the degree

of damage to crops in the field. The results have shown that they are significant positive correlation, and the prediction model was established. The National Agricultural Technology Extension Service Center has set up a digital prediction and forecast system, carried out dynamic digital data collection in major plant diseases and insect pests, and released the forecast information based on the GIS. They also improve and optimize the automatic monitoring and prediction system for potato late blight which was introduced from Belgium, for popularization and application of this system in the main potato production areas in our country.

Overall, compared with international advanced levels, the study and application in monitoring and early warning of plant diseases and insect pests in our country started relatively late, but parts of the research products are in line with advanced international standards. Finally, in this article, the problems and corresponding suggestions for monitoring and forecasting of plant diseases and insect pests were discussed and the developing tendency in the future was prospected.

Xinrong Yu, vice-minister of Ministry of Agriculture (MOA) of the People's Republic of China, proposed to establish the scientific, public, and green plant protection, in his speech "Constructing Modern Plant Protection, Serving Modern Agriculture" , on Prevention and Control of Major Plant Pests and Diseases Forum, celebrating the 50th anniversary of the founding of the China Society of Plant Protection in 2012. He pointed out that in light of the new conditions, we should aim to fulfill the informationization of the monitoring and early warning of plant diseases and insect pests, promote the technology innovation and application of plant protection, and strengthen vigorously the monitoring and warning major plant diseases and insect pests. It is believed that the subject of forecasting of plant diseases and insect pests will be pushed forward in our country, with high attention and support from government leaders and hard efforts from researchers and technical workers in the plant protection.

Written by Cheng Dengfa, Zhou Yilin, Zhang Yunhui, Li Xiangrui

Advances in the Sustainable Pests Control by Agro-biodiversity

Sustainable pests control by Agro-biodiversity is becoming one of the hot topics worldwide in recent years. Based on the principles of biodiversity and ecology, the research is mainly on the mutual association and role among molecular, cells, individual, and group by using the

technologies of molecular biology, informatics, etc. The aim is to state basic principle between agricultural biological individual, diversity and ecology, to clarify the molecular basis and mutual relationship, to establish optimal cultivation varieties match, and optimal cultivation mode, and technical standards and regulations for different ecological types. Agro-biodiversity for pest control is a new field of interdisciplinary study. It is important not only on academic significance in theory, but also proved to have a very broad application prospects. In recent years, the team, Yunnan Agricultural University, led by Zhu Youyong who is academician of China Academy Engineering, researched and illustrated the main principle mechanisms of biodiversity for pest control from physical, ecological, epidemic and rhizospheric aspects and the techniques had been adopted by thousands of farmers. Development of green plant protection and mitigation of unreasonable pesticides usage, is an important research and development areas on plant protection in China.

Written by Zhu Youyong, Li Chengyong, Li Zhengyue, He Xiahong,
Zhu Shusheng, Chen Bin

索引

β C1 蛋白 7, 8, 45, 46, 48
B 型烟粉虱 94
BoDFN 15, 70
Bt 基因 10, 62, 69, 71, 135
IAA (吲哚乙酸) 8
NBS-LRR 9, 10, 60, 61
OsHDT701 9, 60
RNAi 干扰剂 112
Science 9, 25, 27, 59, 75, 77, 125, 155
WRKY 转录因子 58

A

阿里山潜蝇茧蜂 20, 109
桉树枝瘿姬小蜂 133

B

巴氏新小绥螨 20, 21, 113, 114, 115
柏连阳 20, 108
斑潜蝇寄生蜂 109, 110
孢子捕捉器 17, 150, 151, 156
北京大学 7, 42
捕食螨 20, 30, 107, 112, 122, 125
布氏潜蝇茧蜂 20, 109

C

曹学仁 155, 156
草地螟 17, 88, 149, 154, 157
柴继杰 9, 59

陈家骅 109
陈剑平 6, 7, 40, 44, 47, 48, 52, 56
陈巨莲 89, 105
陈万权 5, 19, 150
陈学新 5, 106
陈志谊 117, 123, 131
程登发 17, 149, 159
赤霉素 (GA) 8, 58
刺桐姬小蜂 133

D

大豆疫霉 142
大蒜 X 病毒 44
蛋白激发子 17, 119
蛋白酶抑制剂 10, 62, 93, 111, 122
稻飞虱 3, 5, 17, 54, 149, 152, 155, 172
稻水象甲 13, 137, 138
地理信息系统 17, 22, 27, 144, 148, 150, 157
董双林 88
动物源抗虫基因 62, 63

E

二点委夜蛾 132

F

番茄病毒病 39
番茄黄曲叶病毒 8, 45, 48
(反)- β -法尼烯 16, 89, 90, 95, 96, 97

范在丰 45, 49
封洪强 17, 149
扶桑绵粉蚧 132
福建农林大学益虫研究所 109

G

高通量测序技术 47, 65
关雄 20, 107
郭惠珊 7, 45, 46, 49
国际昆虫生理与生态中心 99
国家重点实验室 4, 52
果蝇 12, 25, 98, 99, 135

H

韩宝瑜 95, 96
韩成贵 40
毫米波扫描昆虫雷达 18, 152
禾谷镰孢菌 15, 70
何光存 10, 63
何祖华 5, 8, 58
河北省农林科学院植物保护研究所 117
红脂大小蠹 87, 136, 137
胡瓜新小绥螨 20, 113, 115
黄瓜花叶病毒 7, 14, 49, 69
黄丽丽 5
灰飞虱 39, 46, 51

J

基因沉默技术 45, 52, 61
基因漂移 73, 75, 76
计算机网络信息交换技术 4, 17, 27, 28, 150
寄生蜂 10, 20, 25, 30, 62, 68, 74, 87, 92, 108, 122, 171
寄生蜂源抗虫基因 10, 62, 63, 64
江苏省农业科学院植物保护研究所 117
橘小实蝇 20, 108, 109

橘小实蝇寄生蜂 108, 109

K

康乐 5, 16, 77, 92
抗褐飞虱基因 10, 63
壳寡糖 16, 118, 119
昆虫化学感受机制 86
昆虫信息素 15, 25, 29, 84, 87, 90, 97, 100, 102
昆虫性信息素 25, 85, 90, 99, 102, 108

L

李毅 7, 42, 43, 47, 48
李传友 95
刘良云 155
刘玉乐 8, 48
娄永根 5, 16, 85, 92
罗云波 71
螺旋粉虱 87, 133

M

马占鸿 149
马铃薯 X 病毒 43, 44, 45, 50, 70
马铃薯晚疫病 3, 18, 150, 151, 152, 168, 174
麦长管蚜 11, 23, 89, 95, 169
美国爱荷华州立大学 155
棉铃虫 11, 14, 17, 23, 29, 62, 68, 71, 72, 75, 86, 87, 88, 89, 90, 93, 94, 95, 101, 149, 154, 171
茉莉酸 (JA) 8, 57

N

南方水稻黑条矮缩病 6, 19, 39, 46, 50, 54, 133
南京农业大学 5, 17, 18, 88, 94, 117, 149, 153
南美斑潜蝇 16, 20, 92, 108, 169
凝集素基因 10, 62, 63, 67, 72

农业部作物有害生物综合治理重点实验室 4

T

甜菜曲顶卷叶病毒 7, 45

P

彭友良 5

品种多样性 22, 23, 78, 164, 166, 167, 168, 178

苹果茎痘病毒 41

苹果茎沟病毒 41

苹果褪绿叶斑病毒 41

Q

钱旭红 5

邱德文 5, 17, 119, 131

气味结合蛋白 11, 87, 88, 97, 98

切割潜蝇茧蜂 20, 109

清华大学 8, 9, 48, 59

全国农业技术推广服务中心 18, 91, 149, 150, 153, 154

全球定位系统 17, 21, 27, 144, 148, 150

R

融合蛋白 44, 62, 69

S

宋宝安 50, 51

宋凤鸣 8, 58

石宝才 17, 149

生防芽胞杆菌 21, 107, 116, 117, 118, 123, 125

双钩巢粉虱 133

双生病毒 3, 7, 29, 45, 46, 47, 48, 54, 134

水稻矮缩病毒 3, 7, 42, 43, 46, 47, 54

水稻白叶枯病 9, 58, 60, 61, 62, 117

水稻条纹病毒 43, 47, 48, 54

斯氏钝绥螨 20, 113, 114

松材线虫 13, 14, 142, 143, 155

W

万方浩 5, 94, 147

王琦 20, 107

王琛柱 11, 86, 87, 89, 94

王桂荣 11, 83, 87

王国梁 9, 59, 60

王国平 41, 42, 52

王满困 89, 96

王石平 8, 9, 58, 60

王佐仁 12

魏太云 7, 43, 46

温孚江 69

吴孔明 5, 17, 35, 75, 149

吴云锋 41

豌豆潜蝇姬小蜂 110

微生物源抗虫基因 10, 62, 64

薇甘菊 93, 141

味觉感受器 89

味觉受体蛋白 12, 89

物种多样性 22, 23, 28, 160, 163, 166, 172, 178, 179

X

徐汉虹 20, 94, 107

徐学农 20, 107, 113, 114, 131

夏庆友 12, 89

吸虫塔 19, 153

喜旱莲子草 140, 141

小菜蛾基因组 11, 77

小麦白粉病 17, 149, 150, 154, 167

小麦赤霉病 3, 11, 78

小麦条锈病 19, 22, 78, 149, 154, 167, 174, 178

小麦土传病毒病 50, 51

小麦蚜虫 3, 96, 99
蝎毒素肽 63
斜纹夜蛾 68, 88, 94, 95
锌指蛋白 OsBB11 58
悬铃木方翅网蝽 132

Y

叶恭银 10, 63, 83
尤民生 20, 108
蚜虫报警激素 16, 90
烟草花叶病毒 (TMV) 8, 14, 48, 51, 69, 118
烟粉虱 7, 11, 12, 20, 46, 62, 77, 94, 108, 110,
132, 136, 154
烟粉虱寄生蜂 110, 111
遥感 17, 27, 31, 146, 148, 149, 155, 157
叶螨 20, 21, 24, 30, 113, 114, 124, 173
遗传多样性 14, 22, 114, 138, 160, 166, 178
鱼藤酮 20, 94, 107
玉米粗缩病 19, 39, 50, 51
云南农业大学 5, 14, 22, 28, 117, 166, 170,
176, 179

Z

周常勇 6, 19, 42, 51, 52
周俭民 9, 59
周雪平 6, 7, 8, 42, 45, 46, 47, 48, 52, 69, 83
周益林 149, 150, 159

朱有勇 5, 28, 178, 179, 183
紫茎泽兰 13, 93, 138, 139, 145
曾任森 16, 93, 94
翟保平 17, 18, 149
张杰 10, 66, 83
张龙 11, 86, 88
张真 15, 87, 88, 90, 95
张克勤 5, 106, 120, 121, 131
张茂新 95
张青文 93, 95
张艳璇 114
张跃林 9, 59
浙江大学 5, 6, 7, 8, 16, 24, 42, 45, 52, 58, 61,
63, 69, 77, 92, 106, 172
浙江省农业科学院 6, 7, 40, 44, 47, 48, 52
植物非寄主抗性 61
植物凝集素 62, 63, 67
植物水杨酸 51
植物先天免疫受体蛋白 9, 59
植物源抗虫基因 62
质体表达 68
中国科学院动物研究所 11, 16, 19, 77, 86,
87, 89, 91, 92, 94, 106, 153
中国农业科学院植物保护研究所 4, 5, 9,
10, 16, 19, 20, 59, 66, 72, 75, 77, 87, 89, 91,
106, 112, 114, 119, 149, 151, 167
中国农业科学院作物科学研究所 16, 72, 97