•研究报告•

转RRM2基因棉田昆虫群落多样性及其时序动态

李淑英¹ 朱加保¹ 路献勇¹ 程福如^{1*} 郑曙峰¹
崔金杰^{2*} 雒瑜² 马艳²¹ (安徽省农业科学院棉花研究所, 合肥 230031)² (中国农业科学院棉花研究所, 河南安阳 455000)

摘要: 为了评价新型转基因棉花在长江生态区对棉田生态环境安全性的影响, 2013–2015年作者以新型转RRM2基因棉花(*Gossypium hirsutum*)为材料, 以其亲本‘中棉所12’为对照, 在安徽省沿江棉区系统研究了转基因棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落的结构与组成、个体数量、群落特征参数及其季节性动态变化。结果表明: 转RRM2基因棉田的主要类群组成、优势类群与非转基因棉田没有差异, 但在2013年转RRM2基因棉田棉蚜个体数量显著高于非转基因棉田, 叶螨类、棉铃虫和其他鳞翅目的个体数量显著低于非转基因棉田, 在其他年份没有显著差异; 其他类群的个体数量在两类棉田间没有显著差异。在棉田害虫发生量大的年份, 转RRM2基因棉田的昆虫群落个体数量较非转基因棉田增加, 物种丰富度较非转基因棉田减少, 但差异不显著, 而两类棉田年度间均差异显著。转RRM2基因棉田昆虫群落和害虫亚群落的全生育期多样性指数、均匀度指数和优势集中性指数与非转基因棉田没有显著差异; 其天敌亚群落的三个指数在2013年与非转基因棉田差异显著, 其他年份没有显著差异; 两类棉田年度间差异均不显著。转RRM2基因棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落个体数量、群落特征参数的时序动态与非转基因棉田较一致, 具季节性波动; 在群落个体数量高峰期, 群落多样性指数和均匀度指数处于低谷, 而优势集中性指数则相反; 昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落季节性变化较平缓。因此, 转RRM2基因棉花对棉田昆虫群落的结构与组成、群落特征参数及其时序动态没有显著影响, 但在气候适宜年份, 转RRM2基因棉田的害虫发生量可能增大。

关键词: 昆虫群落; 生物多样性; 结构与组成; 转RRM2基因棉花

The diversity of insect communities and its dynamic changes in transgenic RRM2 (RNA recognition motif 2) cotton fields

Shuying Li¹, Jiabao Zhu¹, Xianrong Lu¹, Furu Cheng^{1*}, Shufeng Zheng¹, Jinjie Cui^{2*}, Junyu Luo², Yan Ma²¹ Institute of Cotton Research of Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei 230031² Institute of Cotton Research of Chinese Academy of Agricultural Sciences, Anyang, Henan 455000

Abstract: We evaluated the environmental safety of the transgenic RRM2 (RNA recognition motif 2) cotton on insect communities in the Changjiang River Ecological Zone. From 2013 to 2015, we recorded and systematically monitored the structure and composition, community characteristics, diversity, abundances and seasonal changes of the insect community, pest sub-community and natural enemy sub-community in the transgenic cotton fields. We found that the composition of main functional groups in transgenic cotton fields was similar to non-transgenic cotton fields. The transgenic RRM2 cotton fields had significantly higher aphid numbers than non-transgenic cotton field in 2013. In comparison, the number of cotton spider mite, cotton bollworm and other Lepidoptera were markedly lower in transgenic RRM2 cotton field than in non-transgenic cotton field in 2013. There was no significant difference in the other two years and other functional groups. We also found that abundances of insects increased, but species richness decreased, in the transgenic RRM2 cotton fields compared to the non-transgenic cotton fields during pest outbreak years. However, there was little difference of individual numbers and species richness of insect community in

收稿日期: 2018-03-29; 接受日期: 2018-07-30

基金项目: 转基因重大专项(2016ZX08011-002)、安徽省油菜棉花产业技术体系(AHCYJSTX-0406)、安徽省农业科学院科技创新团队(18C0716)和安徽省农业科学院学科建设(17A0718)

* 共同通讯作者 Co-authors for correspondence. E-mail: ahtcheng@tom.com; cuijinjie@126.com

transgenic RRM2 cotton fields relative to non-transgenic one, but differed significantly during three years. Indices of diversity, evenness and dominance of insect community and pest sub-community did not vary by cotton type during years, the same as that of natural enemy sub-community except for that in 2013. Although there were seasonal fluctuations in the number of individuals and community characteristics of insect community, pest sub-community and natural enemies, these temporal dynamics did not vary between the RRM2 gene cotton fields and non-transgenic cotton fields. However, during peak abundances, indices of diversity and evenness of communities were at their lowest, while the reverse was true for index of dominance. Seasonal fluctuations were obvious with the insect community and pest sub-community, but that of natural enemy community varied more moderately across seasons. Overall therefore, RRM2 transgenic cotton did not significantly differ from non-transgenic cotton fields in insect community structure and composition and temporal dynamics of community characteristics, but the occurrence of insect pests in RRM2 transgenic cotton field might increase in years with suitable climate.

Key words: insect community; biodiversity; structure and composition; transgenic RRM2 cotton

棉花是我国重要的经济作物,其产量受棉田害虫与天敌之间形成的昆虫群落多样性的严重影响。棉田昆虫群落是一个以棉花为中心的多种害虫、天敌和中性昆虫共存的复杂网络系统。在该系统中,一种天敌可取食多种害虫,一种害虫又受多种天敌的控制,并且天敌之间也存在相互的取食或竞争,中性昆虫和次要害虫在群落食物网中可能也起着重要的作用,并对害虫起到间接的调控作用(吴进才等,1993)。棉田昆虫群落多样性受气候、外界逆境(虫害、外源杀虫基因、干旱、涝渍)等多种因素的影响(刘万学等,2002),因此评价棉田昆虫群落多样性的变化是国内外学者研究的焦点和热点(Whitehouse et al, 2005; Wu & Guo, 2005)。

转基因棉花不仅可以减少育种结果的不确定性,融合远亲植物的特性,而且可以大量缩短育种年限(Barrows et al, 2014)。但外源基因的导入可能致使作物产生非预期潜在的多效性或诱变效应(Ren et al, 2009),从而使作物生理特性和次生物质发生变化,进而影响棉田生态系统和生物多样性(雒珺瑜等, 2011a; 杨世勇等, 2013)。目前对转基因棉田昆虫群落的研究多集中在转Cry1Ac (Zhang et al, 2006)、Cry1Ac + CpTI (周洪旭等, 2004; 崔金杰等, 2005)、Cry1Ac + Cry2Ab (雒珺瑜等, 2011b)等抗虫基因方面,而关于新型转基因非抗虫棉花对棉田昆虫群落影响的研究较少。近年来相继报道了耐除草剂(马艳等, 2011; 姜伟丽等, 2013)、抗病(雒珺瑜等, 2016a; 郭佳惠等, 2016)、抗旱(郭佳惠等, 2016)、耐盐碱(郭佳惠等, 2016)、优质(雒珺瑜等, 2016b)和高产(雒珺瑜等, 2014)转基因棉花对棉田昆虫群落的影响。研究表明新型转基因非抗虫棉花对棉田昆

虫群落多样性没有显著影响,但不同的转基因棉花对群落个体数量产生不同的影响:转优质基因棉田昆虫群落个体数量较非转基因棉田有增加的趋势(雒珺瑜等, 2016b),而转高产基因棉田昆虫群落个体数量则有减少的趋势(雒珺瑜等, 2014),且在不同年份变化趋势和程度也有差异。

中国农业科学院棉花研究所将大桃RRM2 (RNA recognition motif 2)基因转入我国主栽棉花(*Gossypium hirsutum*)品种中,获得的转RRM2基因棉花在高产、优质品种培育方面具有非常大的应用潜力(雒珺瑜等, 2014)。雒珺瑜等(2014)在河南安阳的研究表明,棉花产量形成关键期转RRM2基因棉花的生长势、产量构成优于受体亲本,但差异不显著;对全生育期棉田节肢动物群落结构和组成及其多样性特征没有显著影响。因棉花生育期长且不同生育阶段具有不同的生长特性,雒珺瑜等(2014)仅从整个生育期的群落结构和组成及其多样性特征进行分析,不能明确转RRM2基因棉花对昆虫群落的动态影响;同时考虑到棉花害虫发生和棉花品种适应的区域性特点,主要针对长江流域棉区气候和害虫发生特点,采用群落生态学的方法,对比研究转RRM2基因棉花对棉田节肢动物群落个体数量及其时间动态、群落多样性特征值及其时间动态的影响,为新型转基因棉花环境安全评价积累科学数据,为我国转基因棉花的安全管理提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验中转基因棉花‘HN9311’及其亲本材料非转基因棉花‘中棉所12’均由中国农业科学院棉花

研究所生物技术研究室提供。

1.2 试验方法

试验设2个处理：新型转RRM2基因‘HN9311’棉田，简称转基因棉田；亲本材料‘中棉所12’棉田，简称非转基因棉田。每个处理种植3个小区，小区随机排列，小区面积200 m²。两种棉田全生育期均不喷施任何化学农药，其他农事操作按棉田常规管理进行。试验于2013–2015年在安徽省农业科学院棉花研究所安庆试验基地进行，棉花播种时间为4月28日，株距0.36 m，行距1.10 m。

采用对角线五点取样方法(崔金杰和夏敬源, 2000)采集昆虫，采样时间为每年的5月上旬至9月中旬，2013年每5 d、2014和2015年每7 d调查1次。每个小区每次调查5个样点，每个样点连续跨双行调查20株棉花，共100株(棉花蕾期每个样点调查10株棉花)。目测法观察并计数取样范围内地面和植株上昆虫的种类和数量，未知种类按统一编号进行记载。

1.3 数据分析

在Root 1967年提出的概念(Adans, 1985)的基础上，把群落中以相似方式利用相同等级生境的一个类群中的物种，划分为多个取食行为相似、利用资源相似、生境选择相似的集合体。本文对功能集团的划分主要基于系统分类上的科以及空间分布和食性相似等特征，将棉田所有生物分成类群，把数量较大的物种单独列出，棉铃虫(*Helicoverpa armigera*)和红铃虫(*Pectinophora gossypiella*)单独列出并且把棉大卷叶螟(*Sylepta derogata*)、斜纹夜蛾(*Spodoptera litura*)、大造桥虫(*Ascotis selenaria*)、玉米螟(*Pyrausta nubilalis*)一起列为其他鳞翅目；另外，天敌中的黑襟毛瓢虫(*Scymnus (Neopullus) hoffmanni*)较异色瓢虫(*Harmonia axyridis*)、龟纹瓢虫(*Propylaea japonica*)和七星瓢虫(*Coccinella septempunctata*)发生早且集中，故单独列出，另外3种列为其他瓢虫。分析害虫亚群落和天敌亚群落中主要类群的个体数量变化和优势类群的差异。

测定两类棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落的多样性指数、均匀度指数和优势集中性指数，害虫亚群落和天敌亚群落的类群优势度和相对丰度。公式如下(雒珺瑜等, 2014):

$$\text{Shannon-Wiener多样性指数 } H = -\sum P_i \ln P_i \quad (1)$$

$$\text{均匀度指数 } J = H/\ln S \quad (2)$$

$$\text{优势集中性指数 } C = \sum P_i^2 \quad (3)$$

$$\text{类群优势度 } D = n_i/n, n = \sum n_i \quad (4)$$

$$\text{相对丰度 } F = n/m \times 100\% \quad (5)$$

式中， $P_i = N_i/N$ ， N_i 为群落或亚群落中第*i*个物种的个体数， N 为群落或亚群落中的个体数量； S 为群落物种数； n_i 为害虫或天敌亚群落中第*i*个类群的个体数， n 为害虫或天敌亚群落的个体数量， m 为昆虫群落个体数量。

利用Excel 2007软件对数据进行基本处理和筛选，针对研究区测定和调查分析结果，运用SPSS 17.0软件对所有数据进行统计分析。采用单因素方差分析(One-way ANOVA)和Duncan's差异显著性分析检验不同类型棉田昆虫群落个体数量、多样性特征参数等在不同年份间的差异显著性。运用GraphPad Prism 5软件作图。

2 结果

2.1 转基因棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落的结构与组成

2013年、2014年转基因棉田昆虫群落个体数量均高于非转基因棉田，2015年低于非转基因棉田，但差异均未达到显著水平；不论是转基因棉田还是非转基因棉田，其昆虫群落个体数量都是2014年最高，且年度间差异显著。2013–2015年转基因棉田昆虫群落物种丰富度均比非转基因棉田低，其中2014年差异显著；2013年转基因棉田和非转基因棉田昆虫群落物种丰富度均高于2014年和2015年，且年度间差异显著(表1)。

2013年、2014年转基因棉田害虫亚群落个体数量均高于非转基因棉田，2015年低于非转基因棉田；2013年转基因棉田害虫亚群落物种丰富度与非转基因棉田没有差异，2014年和2015年均比非转基因棉田低；2013年和2014年转基因棉田害虫亚群落相对丰度均比非转基因棉田高，2015年较非转基因棉田减少；两类棉田的害虫亚群落个体数量、物种丰富度和相对丰度的差异均不显著。其中个体数量、物种丰富度和相对丰度均在2015年最低，两类棉田害虫亚群落个体数量和相对丰度均在2014年最高，物种丰富度在2013年最高；两类棉田害虫亚群落的个体数量、物种丰富度和相对丰度年度间差异均显著(表1)。转基因棉田的叶蝉类、棉蚜(*Aphis gossypii*)个体数量分别占害虫亚群落的28–93%和3–42%，为

表1 2013–2015年转基因(HN9311)和非转基因(中棉所12)棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落结构与组成(平均值 ± 标准差)

Table 1 Structure and composition of insect community, pest sub-community and enemy sub-community in transgenic (HN9311) and non-transgenic (CCRI 12) cotton fields from 2013 to 2015 (mean ± SD)

		昆虫群落 Insect community		害虫亚群落 Pest sub-community		天敌亚群落 Enemy sub-community	
		中棉所12 CCRI 12	HN9311	中棉所12 CCRI 12	HN9311	中棉所12 CCRI 12	HN9311
个体数量 Total number of individuals	2013	61,714 ± 16,774 ^b	84,523 ± 32,194 ^{ab}	50,349 ± 17,518 ^b	73,071 ± 31,063 ^{ab}	9,357 ± 517 ^a	9,489 ± 708 ^a
	2014	96,567 ± 24,808 ^a	143,572 ± 85,341 ^a	85,174 ± 23,342 ^a	132,614 ± 84,136 ^a	9,723 ± 1,289 ^a	9,398 ± 1,625 ^a
	2015	21,406 ± 2,719 ^c	18,609 ± 4,055 ^b	16,470 ± 2,909 ^c	14,331 ± 3,979 ^b	4,215 ± 173 ^b	3,751 ± 434 ^b
物种丰富度 Species richness	2013	47 ± 3 ^a	46 ± 3 ^a	22 ± 1 ^a	22 ± 1 ^a	21 ± 1 ^a	19 ± 1 ^a
	2014	42 ± 2 ^{b*}	37 ± 1 ^b	18 ± 1 ^b	16 ± 1 ^b	18 ± 1 ^b	16 ± 1 ^b
	2015	34 ± 3 ^c	31 ± 1 ^c	15 ± 1 ^c	14 ± 1 ^b	14 ± 1 ^c	14 ± 1 ^c
相对丰度 Relative abundance (%)	2013	–	–	80.3 ± 6.9 ^{ab}	85.4 ± 4.1 ^{ab}	16.1 ± 4.9 ^{ab}	12.2 ± 3.6 ^{ab}
	2014	–	–	88.0 ± 1.5 ^a	89.2 ± 8.1 ^a	10.3 ± 1.3 ^b	8.9 ± 6.0 ^b
	2015	–	–	76.6 ± 3.7 ^b	76.4 ± 4.9 ^b	20.0 ± 3.2 ^a	20.7 ± 4.2 ^a

同列中不同小写字母表示0.05水平差异显著。*表示各参数在中棉所12和HN9311在0.05水平差异显著。
Different lowercase letters within the same column indicate significant differences at $P = 0.05$. * indicate that values of the variables are significantly different between CCRI 12 and HN9311 ($P < 0.05$).

优势类群; 棉铃虫、红铃虫和其他鳞翅目害虫个体数量较小、优势度低; 这与非转基因棉田一致。转基因棉田棉蚜个体数量在2013年显著高于非转基因棉田, 叶螨类、棉铃虫和其他鳞翅目的个体数量在2013年显著低于非转基因棉田, 在其他年份没有显著差异; 其他类群的个体数量在两类棉田间没有显著差异(表2)。

两类棉田的天敌亚群落个体数量、物种丰富度和相对丰度在2013–2015年差异均不显著, 2015年两类棉田的天敌亚群落个体数量显著低于2013年和2014年, 2015年相对丰度显著高于2013年和2014年, 物种丰富度年度间差异显著, 以2013年最高(表1)。转基因棉田天敌亚群落主要类群个体数量年度间差异显著, 三年中蜘蛛类在天敌亚群落中优势度最高, 这与非转基因棉田一致(表2)。转基因棉田天敌亚群落主要类群个体数量与非转基因棉田没有显著差异(表2)。作为棉蚜主要天敌的黑襟毛瓢虫、其他瓢虫和蚜茧蜂类的类群数量和优势度在棉蚜个体数量高的年份也较其他年份高, 表明天敌的追随效应(表2)。

在安徽省沿江棉区, 与非转基因棉田一样, 转基因棉田中害虫优势类群均为棉蚜和叶蝉类, 天敌优势类群主要有蜘蛛类和其他瓢虫。当气候等环境条件适宜时, 转基因棉田的棉蚜或叶蝉类害虫发生量迅速增加, 并有可能超过非转基因棉田, 但差异不显著。同时转基因棉田昆虫群落物种丰富度较非

转基因棉田降低, 但只有2014年差异显著, 其他年份差异不显著, 因而推测在有害虫害发生的年份, 转基因棉田某种害虫大发生的可能性更大。

2.2 转基因棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落个体数量的时间动态

转基因棉田和非转基因棉田的昆虫群落个体数量时序变化较一致, 呈现2个高峰期, 分别在5月底至6月上中旬和8月底或9月中下旬; 2013年和2015年转基因棉田昆虫群落个体数量高峰期较非转基因棉田相对延迟7–13 d, 2014年两者高峰期一致; 2013年和2015年最高百株虫量出现在9月中下旬, 2014年最高百株虫量出现在6月中旬; 2013年和2014年转基因棉田的昆虫群落个体数量在高峰期大于非转基因棉田, 但差异不显著; 2015年二者基本持平(图1A, B, C)。

棉田害虫亚群落个体数量时序动态随棉花生育期而呈现阶段性, 非转基因棉田和转基因棉田害虫具有类似的阶段性特点, 且与昆虫群落的个体数量变化趋势一致; 2013年和2014年转基因棉田害虫亚群落个体数量在高峰期大于非转基因棉田, 但差异不显著; 2015年二者基本持平(图1D, E, F)。

转基因棉田天敌亚群落个体数量时序变化与非转基因棉田基本一致; 2013年第一个高峰期在6月上中旬, 2014年在6月中下旬, 2015年在5月底6月初, 均较害虫亚群落个体数量高峰期延后7 d左右; 转基因棉田天敌亚群落个体数量在高峰期与非转

表2 2013–2015年转基因(HN9311)和非转基因(中棉所12)棉田害虫亚群落和天敌亚群落主要类群个体数量及优势度**Table 2 The individual numbers and dominance of main pest functional groups and natural enemy groups of transgenic (HN9311) and non-transgenic (CCRI 12) cotton fields from 2013 to 2015**

	个体数量 Number of individual (No./100 plants)						优势度 Dominance					
	中棉所12 CCRI 12			HN9311			中棉所12 CCRI 12			HN9311		
	2013	2014	2015	2013	2014	2015	2013	2014	2015	2013	2014	2015
害虫亚群落主要类群 Main pest functional group												
叶蝉类 Leafhopper	27,601.0	4,721.2	6,855.3	38,763.7 ^a	4,503.8 ^b	5,699.3 ^b	0.548	0.055	0.416	0.424	0.034	0.398
棉蚜 Aphid	7,568.7 ^b	74,902.0 ^a	6,215.3 ^b	20,780.3 ^a	123,006.9 ^a	5,572.7 ^b	0.150	0.879	0.377	0.284	0.928	0.389
盲蝽类 Phytophagous bug	1,752.0 ^a	618.3 ^b	312.0 ^b	1,788.7 ^a	487.7 ^b	246.0 ^b	0.035	0.007	0.019	0.024	0.004	0.017
蓟马类 Thrip	5,987.3 ^a	1,804.1 ^b	1,419.3 ^b	5,862.7 ^a	2,009.3 ^b	1,444.0 ^b	0.119	0.021	0.086	0.080	0.015	0.101
叶螨类 Cotton spider mite	2,181.0 [*]	724.7	490.0	480.3	692.2	340.0	0.043	0.009	0.030	0.007	0.005	0.024
烟粉虱 Whitefly	4,319.7 ^a	1,527.5 ^b	705.3 ^c	4,829.0 ^a	1,377.4 ^b	656.0 ^b	0.086	0.018	0.043	0.061	0.010	0.046
棉铃虫 Cotton bollworm	121.0 [*]	69.1 ^{ab}	4.0 ^c	72.3 ^a	29.2 ^b	2.7 ^b	0.002	0.001	0.0002	0.001	0.0002	0.0002
红铃虫 Pink bollworm	96.7 ^b	306.5 ^a	292.0 ^a	56.7 ^b	164.2 ^a	166.0 ^a	0.002	0.004	0.018	0.001	0.001	0.012
其他鳞翅目 Other Lepidoptera pest	373.7 [*]	275.6	52.0	154.0 ^a	149.8 ^a	45.3 ^b	0.007	0.003	0.003	0.002	0.001	0.003
天敌亚群落主要类群 Main natural enemy functional group												
蜘蛛类 Spider	4,689.0 ^a	3,751.9 ^b	2,456.7 ^c	4,560.0 ^a	3,470.4 ^b	2,166.0	0.501	0.386	0.583	0.452	0.369	0.577
蚜茧蜂类 Aphidiidae	414.7 ^b	813.4 ^a	128.0 ^b	419.3 ^b	819.8 ^a	88.7	0.044	0.084	0.030	0.044	0.087	0.024
小花蝽类 Minute pirate bug	1,440.3 ^a	870.2 ^b	388.7 ^b	1,387.7 ^a	565.1 ^b	217.3	0.154	0.089	0.092	0.141	0.060	0.058
黑襟毛瓢虫 Ladybug	252.7 ^{ab}	445.1 ^a	133.3 ^b	403.3 ^{ab}	508.6 ^a	85.3 ^b	0.027	0.046	0.032	0.043	0.054	0.023
其他瓢虫 Other ladybird	1,308.0 ^b	2,797.4 ^a	818.0 ^b	2,007.3 ^{ab}	2,907.7 ^a	882.0 ^b	0.140	0.288	0.194	0.210	0.309	0.235
草蛉类 Lacewing	541.0 ^{ab}	711.7 ^a	235.3 ^b	364.3 ^b	671.6 ^a	158.0 ^b	0.058	0.073	0.056	0.038	0.071	0.042

同列中不同小写字母表示0.05水平差异显著。*表示各参数在中棉所12和HN9311在0.05水平差异显著。

Different lowercase letters within the same column indicate significant differences at $P = 0.05$. * indicate that values of the variables are significantly different between CCRI 12 and HN9311 ($P < 0.05$).

基因棉田差异不显著(图1G, H, I)。

综上所述,转基因棉田昆虫群落、害虫亚群落及天敌亚群落个体数量的时序变化与非转基因棉田没有明显差异,但年度间差异显著。如2013年和2014年转基因棉田害虫亚群落个体数量在高峰期大于非转基因棉田,推测在害虫大发生年度,转RRM2基因棉田的害虫发生量可能增加。

2.3 转基因棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落的结构特征参数

2.3.1 多样性指数

由表3可见,转基因棉田昆虫群落、害虫亚群落多样性指数与非转基因棉田相比有所降低,但没有显著差异,两类棉田年度间均差异不显著;转基因

棉田天敌亚群落全生育期多样性指数在2013年较非转基因棉田显著减少,其他年份差异不显著,两类棉田年度间均没有显著差异。

2.3.2 均匀度指数

转基因棉田昆虫群落、害虫亚群落均匀度指数与非转基因棉田相比均无明显变化,年度间差异均不显著;转基因棉田天敌亚群落的均匀度指数在2013年比非转基因棉田显著减少,其他年份差异不显著,年度间没有显著差异(表3)。

2.3.3 优势集中性指数

与非转基因棉田相比,转基因棉田昆虫群落和害虫亚群落优势集中性指数在2013年、2015年有增加的趋势,但差异不明显,且年度间没有显著差异;

图1 2013–2015年转基因(HN9311)和非转基因(中棉所12)棉田昆虫群落(A、B、C)、害虫亚群落(D、E、F)和天敌亚群落(G、H、I)个体数量时序动态

Fig. 1 Temporal dynamics of the numbers of individuals of insect community, pest sub-community and natural enemy sub-community in transgenic (HN9311) and non-transgenic (CCRI 12) cotton fields from 2013 to 2015. A, B, C for insect community; D, E, F for pest sub-community; G, H, I for natural enemy sub-community.

表3 2013–2015年转基因(HN9311)和非转基因(中棉所12)棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落结构特征(平均值 ± 标准偏差)

Table 3 Characteristic values of the insect community, pest sub-community and enemy sub-community in transgenic (HN9311) and non-transgenic (CCRI 12) cotton fields from 2013 to 2015 (mean ± SD)

		昆虫群落 Insect community		害虫亚群落 Pest sub-community		天敌亚群落 Enemy sub-community	
		中棉所12 CCRI 12	HN9311	中棉所12 CCRI 12	HN9311	中棉所12 CCRI 12	HN9311
多样性指数 Diversity index	2013	1.63 ± 0.64 ^a	1.47 ± 0.72 ^a	1.07 ± 0.59 ^a	0.97 ± 0.64 ^a	1.25 ± 0.33 ^{ab*}	1.12 ± 0.36 ^a
	2014	1.59 ± 0.77 ^a	1.59 ± 0.77 ^a	0.91 ± 0.65 ^a	0.92 ± 0.64 ^a	1.17 ± 0.43 ^a	1.14 ± 0.46 ^a
	2015	1.55 ± 0.58 ^a	1.51 ± 0.55 ^a	0.96 ± 0.53 ^a	0.89 ± 0.56 ^a	0.97 ± 0.41 ^b	1.00 ± 0.41 ^a
均匀度指数 Evenness index	2013	0.58 ± 0.20 ^a	0.53 ± 0.23 ^a	0.50 ± 0.25 ^a	0.47 ± 0.28 ^a	0.64 ± 0.12 ^{ab*}	0.59 ± 0.14 ^a
	2014	0.56 ± 0.24 ^a	0.60 ± 0.26 ^a	0.45 ± 0.25 ^a	0.47 ± 0.30 ^a	0.60 ± 0.14 ^{ab}	0.60 ± 0.20 ^a
	2015	0.60 ± 0.18 ^a	0.62 ± 0.19 ^a	0.52 ± 0.27 ^a	0.50 ± 0.28 ^a	0.55 ± 0.21 ^b	0.56 ± 0.22 ^a
优势集中性指数 Dominance index	2013	0.35 ± 0.24 ^a	0.40 ± 0.28 ^a	0.50 ± 0.27 ^a	0.54 ± 0.30 ^a	0.39 ± 0.15 ^b	0.45 ± 0.17 ^{ab*}
	2014	0.39 ± 0.28 ^a	0.37 ± 0.28 ^a	0.57 ± 0.31 ^a	0.56 ± 0.30 ^a	0.45 ± 0.18 ^a	0.46 ± 0.20 ^a
	2015	0.35 ± 0.22 ^a	0.36 ± 0.21 ^a	0.51 ± 0.26 ^a	0.56 ± 0.27 ^a	0.48 ± 0.19 ^a	0.45 ± 0.20 ^a

同列中不同小写字母表示年度间在0.05水平差异显著。*表示各参数在中棉所12和HN9311的0.05水平差异显著。

Different lowercase letters within the same column indicate significant differences at $P = 0.05$ during years. * indicate that values of the variables are significantly different between CCRI 12 and HN9311 ($P < 0.05$).

转基因棉田天敌亚群落优势集中性指数在2013年比非转基因棉田显著增加,其他年份差异不显著,两类棉田年度间均没有显著差异(表3)。

2.4 转基因棉田昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落结构特征的时间动态

2.4.1 多样性指数的时间动态

2013–2015年转基因棉田与非转基因棉田昆虫群落多样性指数时序变化趋势基本一致(图2A, B, C); 5月底6月初多样性指数处于低谷,7月达到高峰,9月又逐渐降低。2013年和2015年的5月底至6月中旬、9月中下旬转基因棉田昆虫群落多样性指数低于非转基因棉田,2014年5月22日、7月3日和8月7日转基因棉田昆虫群落多样性指数高于非转基因棉田,但差异均不显著。2013–2015年转基因棉田害虫亚群落多样性指数全生育期时序变化趋势与非转基因棉田一致(图2D, E, F); 2013年和2015年的5月下旬多样性指数处于低谷,7月上中旬达到高峰,9月又逐渐降低; 2014年5月底至6月中旬多样性指数较低,7月中下旬达到高峰,随后维持在较高水平。2013年和2015年的5月底至6月中旬转基因棉田害虫亚群落多样性指数低于非转基因棉田,2014年5月22日、6月26日和7月3日转基因棉田害虫亚群落多样性指数高于非转基因棉田,差异均不显著。2013–2015年转基因棉田天敌亚群落多样性指数时序变化趋势与非转基因棉田一致; 5月多样性指数

逐渐升高,5月底6月初达到高峰,随后一直维持较高水平(图2G, H, I)。

2.4.2 均匀度指数的时间动态

2013–2015年转基因棉田昆虫群落均匀度指数时序变化趋势与非转基因棉田较一致(图3A, B, C); 2013年转基因棉田昆虫群落均匀度指数在5月底形成波谷,较非转基因棉田推迟4 d; 高峰期从6月底到8月底; 2014年的6月初达到谷底,7月初上升到高峰,随后一直维持到9月; 2015年于5月下旬达到谷底,6月中旬达到高峰,一直维持到8月底。2013年5月底至6月中旬及9月,转基因棉田昆虫群落的均匀度指数低于非转基因棉田; 2014年和2015年的5月高于非转基因棉田,差异均不显著。

2013–2015年转基因棉田害虫亚群落均匀度指数时序变化趋势与非转基因棉田较一致(图3D, E, F),且与昆虫群落均匀度指数的时序变化相似。2014年的6月上中旬、2013年和2015年的5月下旬达到最低值,2013年6月下旬至8月中旬、2014年的7月中旬至9月初、2015年的6月中旬至8月底维持在高峰期。2013年转基因棉田害虫亚群落均匀度指数最低值较非转基因棉田推迟9 d,且在5月底至6月上旬和9月中下旬低于非转基因棉田,但差异均不显著。2013–2015年转基因棉田天敌亚群落均匀度指数时序变化趋势与非转基因棉田较一致(图3G, H, I),时序变化较平缓,与昆虫群落和害虫亚群落的均匀

图2 2013–2015年转基因(HN9311)和非转基因(中棉所12)棉田昆虫群落(A、B、C)、害虫亚群落(D、E、F)和天敌亚群落(G、H、I)的多样性指数时序动态

Fig. 2 Temporal dynamics of the diversity index of insect community, pest sub-community and natural enemy sub-community of transgenic (HN9311) and non-transgenic (CCRI 12) cotton fields from 2013 to 2015. A, B, C for insect community; D, E, F for pest sub-community; G, H, I for natural enemy sub-community.

图3 2013–2015年转基因(HN9311)和非转基因(中棉所12)棉田昆虫群落(A、B、C)、害虫亚群落(D、E、F)和天敌亚群落(G、H、I)均匀度指数时序动态

Fig. 3 Temporal dynamics of the evenness index of insect community, pest sub-community and natural enemy sub-community of transgenic (HN9311) and non-transgenic (CCRI 12) cotton fields from 2013 to 2015. A, B, C for insect community; D, E, F for pest sub-community; G, H, I for natural enemy sub-community.

度指数的时序变化不同。2013年转基因棉田天敌亚群落均匀度指数在5月13日极显著低于非转基因棉田($P = 0.000$), 在6月24日、9月11日显著低于非转基因棉田, 其他时间虽有差异但差异不显著; 2015年5月下旬及7月底至8月底转基因棉田天敌亚群落均匀度指数高于非转基因棉田, 但差异不显著。

2.4.3 优势集中性指数的时间动态

2013–2015年转基因棉田昆虫群落优势集中性指数时序变化趋势与非转基因棉田较一致(图4A, B, C); 于5月下旬达到高峰期, 2014年从7月初开始维持较低水平, 2013年和2015年的6月下旬至8月底维持较低水平, 9月又形成一个高峰。2013年转基因棉田昆虫群落优势集中性指数5月高峰期较非转基因棉田推迟9 d, 且在5月底至6月中旬及9月高于非转基因棉田, 但差异均不显著; 2014年和2015年两类棉田的高峰期一致, 各时间点有差异但不显著。2013–2015年转基因棉田害虫亚群落优势集中性指数时序变化趋势与非转基因棉田较一致(图4D, E, F); 5月底至6月上旬达到高峰, 随后维持较低水平, 而2013年和2015年在9月中下旬又形成一个小高峰期; 2013年转基因棉田害虫亚群落优势集中性指数的5月底高峰期较非转基因棉田推迟9 d, 5月底至6月中旬及9月中下旬高于非转基因棉田, 但差异均不显著; 2014年和2015年各时间点两类棉田害虫亚群落优势集中性指数有差异, 但差异均不显著。2013–2015年转基因棉田天敌亚群落优势集中性指数变化趋势与非转基因棉田一致(图4G, H, I); 2013年和2014年在棉花苗期较高, 随后变化较平缓; 2015年在棉花全生育期变化较平缓; 2013–2015年两类棉田天敌亚群落优势集中性指数在各时间点存在差异, 但差异均不显著。

总之, 与昆虫群落相似, 转基因棉田害虫亚群落多样性指数和均匀度指数具明显季节性波动, 而优势集中性指数变化趋势则与之相反; 天敌亚群落的多样性指数、均匀度指数和优势集中性指数时序变化平缓。

3 讨论

3.1 转RRM2基因对棉田昆虫群落个体数量的影响

生物群落是一定地域内生物与环境相互作用的一个整体, 因适应环境变化, 在其内部发生种类结构变化和相互影响, 而不断地发生变化, 并具有

一定的动态特征(沈佐锐, 2009)。本试验3年结果显示当地转RRM2基因棉田昆虫群落的个体数量动态具季节性特征, 各年季节消长有不同表现; 与非转基因棉田变化规律较一致。各年季节消长差异可能与气候条件有关, 2015年6月份平均气温和平均最低气温偏低、降雨量偏多, 导致棉花长势弱, 对棉田主要害虫棉蚜影响较大, 致使棉田昆虫群落个体数量全年偏低。

在生物进化过程中, 棉花已形成了一套有利于自身发育的基因系统, 当外源基因被导入后, 必将打破其自身固有的连锁群, 从而对棉花的性状和生理代谢产生影响, 并进一步影响其与有害生物之间的关系(周福才等, 2006)。棉叶中营养物质和次生物质都直接或间接地影响叶片提供给幼虫的营养, 从而影响幼虫的生长(汤德良等, 1996)。寄主植物化学成分的差异, 特别是碳水化合物和蛋白质的含量及两者比例的不同, 可对植食性昆虫的存活、发育、繁殖及其种群增长产生不同的影响(夏敬源等, 1997)。已有研究表明, 转*Bt*基因棉花在蕾铃期的叶片氮代谢水平明显高于其母本棉(Chen et al, 2004)。转RRM2基因棉花生长势明显优于对对照常规棉花(雒珺瑜等, 2014; 刘小玲等, 2016), 其盛铃期叶片的可溶性总糖含量显著高于‘中棉所12’ (刘小玲等, 2016)。本研究结果表明, 在有利于害虫发生的年份, 转RRM2基因棉田某种害虫大发生的可能性比非转基因棉田大。这与雒珺瑜等(2016b)对转ACO2基因棉花影响棉田昆虫群落个体数量的研究结果较一致。但雒珺瑜等(2014)认为转RRM2基因棉田昆虫群落个体数量则相对非转基因棉田减少, 物种数则有增加的趋势。这可能是因为转RRM2基因棉花在长江生态区的生长势与黄河生态区的生长势存在差异, 同时两个生态区棉田害虫发生也存在差异。

3.2 转RRM2基因对棉田昆虫群落多样性的影响

节肢动物群落的多样性、均匀度和优势集中性是群落组织水平的3个指标。新型转基因棉花植株为了表达更高效的目的性状, 其他营养物质、次生代谢产物及相关酶活性可能也会改变, 进而影响棉田昆虫群落的优势种和优势度, 甚至引起棉田生态系统和生物多样性的变化(Sengupta et al, 2008)。我们的结果表明, 转RRM2基因棉田与非转基因棉田的昆虫群落、害虫亚群落和天敌亚群落的结构与组成无明显的差异, 表明转RRM2基因棉花对棉田生

图4 2013–2015年转基因(HN9311)和非转基因(中棉所12)棉田昆虫群落(A、B、C)、害虫亚群落(D、E、F)和天敌亚群落(G、H、I)优势集中性指数时序动态

Fig. 4 Temporal dynamics of the dominance index of insect community, pest sub-community and natural enemy sub-community of transgenic (HN9311) and non-transgenic (CCRI 12) cotton fields from 2013 to 2015. A, B, C for insect community; D, E, F for pest sub-community; G, H, I for natural enemy sub-community.

态系统昆虫群落没有显著的影响。上述结果与雒珺瑜等(2014, 2016a, b)的研究结果一致; 也与已有的转基因抗虫棉和非转基因棉田节肢动物群落、害虫亚群落和天敌亚群落多样性指数无明显差异的研究结果一致(崔金杰和夏敬源, 2000; 刘万学等, 2002; 雒珺瑜等, 2011b)。

时间、空间、竞争、捕食、气候和生产力是影响生物多样性的6种可能因素; 这些因素可能同时影响着生物多样性, 只是在特定条件下所起的作用程度不同而已(Pianka, 1979)。本研究结果表明, 转RRM2基因棉田昆虫群落多样性指数时序动态与非转基因棉田没有显著差异, 波动规律相似, 且具有明显季节性特征; 除天敌亚群落外, 年际间没有显著差异。可能是因为棉株不同的发育阶段表现不同的空间结构并且出现不同的器官, 对群落多样性产生明显的影响; 另外, 害虫物种丰富度对天敌多样性的影响亦受取样时间的制约, 这就意味着节肢动物群落的多样性存在着明显的季节性效应(时培建等, 2014)。因此, 罗志义(1982)提出在棉田生态系统中, 影响群落多样性的主要因素是群落的优势种和棉花的生育阶段。

已有研究表明, 在作物-害虫-天敌生态系统中, 相邻营养层之间的级联效应较强, 而不相邻营养层之间的作用关系被中间营养层所弱化。作物物种丰富度显著影响害虫物种丰富度, 但对天敌物种丰富度的影响甚微。然而, 害虫物种丰富度却显著影响天敌物种丰富度。因此混栽田中节肢动物群落稳定性高于单一种植田中节肢动物群落稳定性(时培建等, 2014)。新型转基因棉花的营养物质、次生代谢产物及相关酶活性可能因目的性状的高效表达而改变, 从而引起棉田害虫种群和天敌种群的动态变化, 进而引起昆虫群落的种类发生时空变化, 引起优势种群发生演替。新型转基因棉花的大面积种植, 势必形成单一的作物系统, 其生态系统的稳定性较差。因此转入外源基因, 对棉花植株体内其他物质的影响规律及其机制进一步研究分析, 有利于进一步系统地解释棉田昆虫群落内优势种群演替的规律。

参考文献

Adans J (1985) The definition and interpretation of guild structure in ecological communities. *Journal of Animal Ecology*, 54, 43–59.

- Barrows G, Sexton S, Zilberman D (2014) Agricultural biotechnology: The promise and prospects of genetically modified crops. *Journal of Economic Perspectives*, 28, 99–120.
- Chen DH, Ye GY, Yang CQ, Chen Y, Wu YK (2004) Effect after introducing *Bacillus thuringiensis* gene on nitrogen metabolism in cotton. *Field Crops Research*, 87, 235–244.
- Cui JJ, Xia JY (2000) Effects of transgenic *Bt* cotton R93-6 on the insect community. *Acta Entomologica Sinica*, 43, 43–51. (in Chinese with English abstract) [崔金杰, 夏敬源 (2000) 麦套夏播转*Bt*基因棉R93-6对昆虫群落的影响. *昆虫学报*, 43, 43–51.]
- Cui JJ, Luo JY, Wang CY, Li SH, Li CH (2005) Effects of transgenic *Bt* plus *CpTI* cotton on the predating functional response of main predators in cotton field. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 28, 48–51. (in Chinese with English abstract) [崔金杰, 雒珺瑜, 王春义, 李树红, 李春花 (2005) 转双价基因(*Bt* + *CpTI*)棉对棉田主要捕食性天敌捕食功能反应的影响. *南京农业大学学报*, 28, 48–51.]
- Guo JH, Ji GZ, Li G, Zhao JN, Yang DL, Zhang GL, Yan FM, Xiu WM (2016) The impact of non-*Bt* genetically modified cotton on the community diversity and food-web structure of arthropods. *Cotton Science*, 28, 81–86. (in Chinese with English abstract) [郭佳惠, 冀国桢, 李刚, 赵建宁, 杨殿林, 张贵龙, 闫凤鸣, 修伟明 (2016) 3种转非抗虫基因棉花田间节肢动物群落的多样性和食物网结构. *棉花学报*, 28, 81–86.]
- Jiang WL, Ma Y, Ma XY, Xi JP, Ma YJ, Li XF (2013) Effects of transgenic glyphosate-insect resistant cotton on arthropod communities in cotton fields in Henan Province, east central China. *Journal of Biosafety*, 22, 51–56. (in Chinese with English abstract) [姜伟丽, 马艳, 马小艳, 奚建平, 马亚杰, 李希凤 (2013) 转基因抗草甘膦抗虫棉对棉田冠层节肢动物群落的影响. *生物安全学报*, 22, 51–56.]
- Liu WX, Wan FH, Guo JY (2002) Structure and seasonal dynamics of arthropods in transgenic *Bt* cotton field. *Acta Ecologica Sinica*, 22, 729–735. (in Chinese with English abstract) [刘万学, 万方浩, 郭建英 (2002) 转*Bt*基因棉田节肢动物群落营养层及优势类群的组成与变化. *生态学报*, 22, 729–735.]
- Liu XL, Xu DQ, Wang W, Luo JY, Chen M, Kan HC, Liu H, Cui JJ, Tang XM, Zheng SF (2016) Relationship of canopy properties and photosynthetic characteristics with construction of lint yield in transgenic *RRM2* and *ACO2-E6* cotton. *Cotton Science*, 28, 628–634. (in Chinese with English abstract) [刘小玲, 徐道青, 王维, 雒珺瑜, 陈敏, 阚画春, 刘华, 崔金杰, 唐雪明, 郑曙峰 (2016) 转*RRM2*和*ACO2-E6*基因棉花冠层特征和光合特性与产量形成的关系. *棉花学报*, 28, 628–634.]
- Luo JY, Cui JJ, Wang CY, Xin HJ, Zhang S, Lü LM (2011a)

Relationship between the contents of protein, soluble sugar and anthocyanidins in cotton leaf and their resistance to *Apolygus lucorum* Meyer-Dür. Journal of Northwest A & F University (Natural Science Edition), 39(8), 75–80. (in Chinese with English abstract) [雒珺瑜, 崔金杰, 王春义, 辛惠江, 张帅, 吕丽敏 (2011a) 棉花叶片蛋白质、可溶性糖和花青素含量及其与绿盲蝽抗性的关系. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 39(8), 75–80.]

Luo JY, Cui JJ, Zhang S, Lu XJ (2011b) Effects of transgenic cotton with *cry1Ac* plus *cry2Ab* on arthropod communities. Plant Protection, 37(6), 90–92. (in Chinese with English abstract) [雒珺瑜, 崔金杰, 张帅, 陆雪君 (2011b) 转 *cry1Ac* + *cry2Ab* 基因棉对棉田节肢动物群落的影响. 植物保护, 37(6), 90–92.]

Luo JY, Liu CL, Zhang S, Wang CY, Lü LM, Li CH, Li FG, Cui JJ (2014) Growth vigour and yield of transgenic *RRM2* (RNA recognition motif 2) cotton and their effects on arthropod community in cotton field. Chinese Journal of Plant Ecology, 38, 785–794. (in Chinese with English abstract) [雒珺瑜, 刘传亮, 张帅, 王春义, 吕丽敏, 李春花, 李付广, 崔金杰 (2014) 转 *RRM2* 基因棉生长势和产量及对棉田节肢动物群落的影响. 植物生态学报, 38, 785–794.]

Luo JY, Zhang S, Zhu XZ, Lü LM, Wang CY, Li CH, Zhang LJ, Wang L, Cui JJ (2016a) Ecological fitness of transgenic GFP cotton and its effects on the field insect community. Chinese Journal of Applied Ecology, 27, 3675–3681. (in Chinese with English abstract) [雒珺瑜, 张帅, 朱香镇, 吕丽敏, 王春义, 李春花, 张利娟, 王丽, 崔金杰 (2016a) 转 GFP 基因棉花生态适合度及其对棉田昆虫群落的影响. 应用生态学报, 27, 3675–3681.]

Luo JY, Zhang S, Lü LM, Wang CY, Zhu XZ, Li CH, Cui JJ (2016b) Effects of transgenic *ACO2* cotton on growth characteristics and insect community. Acta Ecologica Sinica, 36, 6113–6121. (in Chinese with English abstract) [雒珺瑜, 张帅, 吕丽敏, 王春义, 朱香镇, 李春花, 崔金杰 (2016b) 转 *ACO2* 基因优质棉生长特性及其对田间昆虫群落的影响. 生态学报, 36, 6113–6121.]

Luo ZY (1982) Diversity analysis of arthropoda community in cotton fields of Sheshan district and diversity effect made by insecticides. Acta Ecologica Sinica, 2, 255–266. (in Chinese with English abstract) [罗志义 (1982) 上海佘山地区棉田节肢动物群落多样性分析及杀虫剂对多样性的研究. 生态学报, 2, 255–266.]

Ma Y, Ma XY, Xi JP, Jiang WL, Ma YJ, Li XF (2011) Population dynamics of main pests and their enemies in the transgenic glyphosate-insect resistant cotton field. China Cotton, 38(10), 9–13. (in Chinese) [马艳, 马小艳, 奚建平, 姜伟丽, 马亚杰, 李希风 (2011) 转基因抗草甘膦抗虫棉田主要害虫及其天敌的种群动态. 中国棉花, 38(10), 9–13.]

Pianka ER (1979) Diversity and niche structure in desert communities plant and animal ecology. In: Arid Land Ecosystems: Structure, Functioning and Management (eds Goodall DW, Perry RA), pp. 321–330. Cambridge University Press, Cambridge.

Ren YF, Wang T, Peng YF, Xia B, Qu LJ (2009) Distinguishing transgenic from non-transgenic *Arabidopsis* plants by ¹H NMR-based metabolic fingerprinting. Journal of Genetics & Genomics, 36, 621–628.

Sengupta S, Patra B, Ray S, Majumder AL (2008) Inositol methyl transferase from a halophytic wild rice, *Porteresia coarctata* Roxb. (Tateoka): Regulation of pinitol synthesis under abiotic stress. Plant, Cell & Environment, 31, 1442–1459.

Shen ZR (2009) Insect Ecology and Ecological Principles of Integrated Pest Management. China Agricultural University Press, Beijing. (in Chinese) [沈佐锐 (2009) 昆虫生态学及害虫防治的生态学原理. 中国农业大学出版社, 北京.]

Shi PJ, Hui C, Men XY, Zhao ZH, Ouyang F, Ge F, Jin XS, Cao HF, Li BL (2014) Cascade effects of crop species richness on the diversity of pest insects and their natural enemies. Science China: Life Science, 44, 75–84. (in Chinese with English abstract) [时培建, 惠苍, 门兴元, 赵紫华, 欧阳芳, 戈峰, 金显仕, 曹海峰, 李 B. Larry (2014) 作物多样性对害虫及其天敌多样性的级联效应. 中国科学: 生命科学, 44, 75–84.]

Tang DL, Wang WG, Pei XD (1996) The effect of cotton varieties on the nutrition physiology of cotton boll worm *Helioverpa armigera* (Hübner). Journal of China Agricultural University, 1(3), 47–50. (in Chinese with English abstract) [汤德良, 王武刚, 裴鑫德 (1996) 棉花品种对棉铃虫营养的影响. 中国农业大学学报, 1(3), 47–50.]

Whitehouse MEA, Wilson LJ, Fitt GP (2005) A comparison of arthropod communities in transgenic *Bt* and conventional cotton in Australia. Environmental Entomology, 34, 1224–1241.

Wu KM, Guo YY (2005) The evolution of cotton pest management practices in China. Annual Review of Entomology, 50, 31–52.

Wu JC, Lu ZQ, Yang JS, Shu ZL (1993) Habitat niche and predation effect of natural enemies of insect pests in paddy field. Acta Entomologica Sinica, 36, 323–331. (in Chinese with English abstract) [吴进才, 陆自强, 杨金生, 束兆林 (1993) 稻田主要捕食性天敌的栖居生态位与捕食作用分析. 昆虫学报, 36, 323–331.]

Xia JY, Ma Y, Wang CY (1997) Effects of different host plants at various rates of nitrogen fertilizer on development and fecundity of the cotton bollworm, *Hwlicoverpa armigera* (Hübner). Acta Entomologica Sinica, 40(Suppl.), 95–102. (in Chinese with English abstract) [夏敬源, 马艳, 王春义 (1997) 不同施氮量的寄主植物对棉铃虫发育与繁殖的影

- 响. 昆虫学报, 40(增刊), 95–102.]
- Yang SY, Song FF, Xie JC (2013) Resistance of jasmonic acid-mediated cotton seedlings against the relative growth rate of *Helicoverpa armigera*. Journal of Northwest A & F University (Natural Science Edition), 41(5), 66–74. (in Chinese with English abstract) [杨世勇, 宋芬芳, 谢建春 (2013) 茉莉酸诱导棉花幼苗抗虫性对棉铃虫相对生长率的影响. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 41(5), 66–74.]
- Zhang GF, Wan FH, Lövei GL, Liu WY, Guo JY (2006) Transmission of *Bt*-toxin to the predator *Propylaea japonica* (Coleoptera: Coccinellidae) through its aphid prey feeding on transgenic *Bt*-cotton. Environmental Entomology, 35, 143–150.
- Zhou HX, Guo JY, Wan FH (2004) Effect of transgenic *Cry1Ac* + *CpTI* cotton (SGK321) on population dynamics of pests and their natural enemies. Acta Entomologica Sinica, 47, 538–542. (in Chinese with English abstract) [周洪旭, 郭建英, 万方浩 (2004) 转*Cry1Ac* + *CpTI*基因棉对棉田害虫及其天敌种群动态的影响. 昆虫学报, 47, 538–542.]
- Zhou FC, Ren SX, Du YZ, Zhou GS, Shen Y (2006) Effects of *Bt* cotton and non-*Bt* cotton on development and reproduction of *Bemisia tabaci* (Gennadius). Acta Phytophylacica Sinica, 33, 230–234. (in Chinese with English abstract) [周福才, 任顺祥, 杜予州, 周桂生, 沈媛 (2006) 转*Bt*基因棉和常规棉对烟粉虱生长发育和繁殖的影响. 植物保护学报, 33, 230–234.]
- (责任编辑: 万方浩 责任编辑: 闫文杰)