

# 两种板栗重要蛀果象甲鉴别研究

肖云丽, 张帆, 徐艳霞, 钟玉林\*

(经济林木种质改良与资源综合利用湖北省重点实验室, 大别山特色资源开发湖北省协同创新中心, 黄冈师范学院生命科学学院, 黄冈 438000)

**摘要** 栗雪片象 *Niphades castanea* Chao 和栗实象 *Curculio davidi* Fairmaire 幼虫形态相似, 均蛀食板栗果实, 是严重影响板栗产量或质量的重要害虫。为快速准确地鉴别这两种害虫, 采用野外调查法和室内饲养法, 对两种蛀果象甲的形态学和生态学特性进行了观察描述; 同时对基于线粒体 CO I 基因片段的 DNA 条形码序列进行了提取扩增与分析。结果表明: 栗雪片象和栗实象在成虫形态、为害特性和生活习性上差异明显; DNA 条形码序列 (CO I 基因 5' 端 684 bp) 可作为两种板栗蛀果象甲鉴定的分子标记, 两者具有明显的碱基差异, 遗传距离达 18.9%~19.6%, 在系统发育关系上, 栗雪片象与 Molytinae 亚科的 *Niphadomimus* sp. 聚为一支, 栗实象与 *Curculio* 属 3 个种聚为一支。研究结果可为两种板栗蛀果象甲幼虫的鉴别提供可靠依据, 为象甲科昆虫的进一步研究提供形态、生态和分子证据。

**关键词** 板栗雪片象; 栗实象; 形态特征; 为害特性; 生活习性; DNA 条形码序列; CO I 基因  
**中图分类号:** S 433.5 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3969/j.issn.0529-1542.2017.04.019

## Discrimination of two chestnut fruit borer weevils (Coleoptera: Curculionidae)

Xiao Yunli, Zhang Fan, Xu Yanxia, Zhong Yulin

(Hubei Key Laboratory of Economic Forest Germplasm Improvement and Comprehensive Utilization of Resources, Hubei Collaborative Innovation Center for the Characteristic Resources Exploitation of Dabie Mountains, College of Life Sciences, Huanggang Normal University, Huanggang 438000, China)

**Abstract** The larvae of two weevils, *Niphades castanea* Chao and *Curculio davidi* Fairmaire, are similar in morphology, and both bore and feed chestnut fruits, seriously affecting the yield and quality of chestnut production. To identify these two pests quickly and accurately, the morphological and ecological characteristics of the two fruit borer weevils were described based on the field survey and indoor breeding method; at the same time, the DNA barcode, *i. e.*, mitochondrial CO I gene fragment sequence, was analyzed. Obvious differences existed in adult morphology, damage characters and living habits between *N. castanea* and *C. davidi*; the DNA barcode sequence of CO I gene fragment, as a molecular marker, could discriminate the two chestnut fruit borer weevils, with obvious difference among the 684 bp CO I gene fragment, and the genetic distance reached 18.9%—19.6%. In the phylogenetic tree, *N. castanea* was clustered with *Niphadomimus* sp., and *C. davidi* was clustered with *C. elephas*, *C. venosus* and *C. sikkimensis*. These data provide a tool for distinguishing the two chestnut fruit borer weevils, and the morphological, ecological, and molecular evidences help for the further study of curculionidae insects.

**Key words** *Niphades castanea*; *Curculio davidi*; morphological character; damaging character; living habit; DNA barcode sequence; CO I gene

板栗 *Castanea mollissima* Blume 为山毛榉科栗属植物, 是我国栽培最早的经济树种和重要干果之一, 主要生长或栽培于山地、丘陵地带, 地理环境

复杂, 植食性昆虫的种类也非常丰富。近年来, 不少学者对我国各地板栗害虫进行了调查研究, 共计 10 目 118 科 818 种<sup>[1-3]</sup>。其中蛀果象甲栗雪片象

*Niphades castanea* Chao 和栗实象 *Curculio davidi* Fairmaire 广泛分布于我国各板栗生产区,在长期的进化过程中,其形态、生理和生态习性等与寄主植物板栗高度适应,在栗果膨胀期和栗果成熟期前后以特定的方式致使板栗提前落果,蛀食栗果并滋病腐烂,在不少板栗产区猖獗为害,成为严重影响板栗产量和质量的重要害虫<sup>[4-5]</sup>。如在湖北省罗田县栗园,栗实象和栗雪片象致栗果被害率达 20%~60%<sup>[5-6]</sup>。

栗雪片象和栗实象隶属鞘翅目 Coleoptera 象甲科 Curculionidae。象甲科是动物界最大的科之一,世界已记载 5 万种,分布遍及全球<sup>[7]</sup>,主要为害花木果树,幼虫钻入植物的根、茎、叶或谷粒、豆类中蛀食,是经济作物上的大害虫,但幼虫均体色单一,乳白色或黄白色,躯体通常呈“C”形弯曲,难以鉴别。栗雪片象和栗实象常共同分布于我国板栗生产区,幼虫均蛀食栗果,本研究主要对这两种板栗蛀果象甲的成虫、幼虫的形态学和生活习性进行了详细描述,同时基于 CO I 基因片段序列,对两种蛀果象甲的 DNA 条形码序列进行了比较分析,研究结果可望为两种板栗蛀果象甲的快速、准确鉴定提供技术支持,为形态和分子系统发育研究提供更多证据,具有一定的理论意义和实际应用价值。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试昆虫

栗雪片象和栗实象成虫于发生期在栗园通过搜捕法获得。于栗果膨胀期捡拾板栗落果,解剖获取板栗雪片象幼虫(落果捡回室内饲养获取部分成虫);于板栗采收后捡拾出果幼虫,获取栗实象幼虫(带回室内饲养获取部分成虫)。幼虫样品浸泡在 100%乙醇中常温保存用于 DNA 提取备用。所有照片均由佳能单反相机(Canon EOS 70D)拍摄。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 昆虫基因组的 DNA 提取

样品预处理:将无水乙醇浸制幼虫标本置于装有无菌水的离心管中浸泡 3 h,其间更换无菌水 3 次,更换前用超声波清洗器清除表面污物,每次 30 s。

按 DNA 提取试剂盒 E. Z. N. A.<sup>®</sup> Insect DNA Kit 试剂盒操作方法提取栗雪片象和栗实象幼虫(取胸腹部 3~4 mm 长表皮)基因组 DNA。

#### 1.2.2 DNA 条形码片段 PCR 扩增与测序

以动物 DNA 条形码通用引物 LCO1490:5'-

GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3' 为上游引物, HCO2198:5'-TAAACTTCAGGGTGAC-CAAAAAATCA-3' 为下游引物,扩增 DNA 条形码 CO I 基因 5' 端片段<sup>[8]</sup>,引物由武汉金斯瑞生物科技有限公司合成。PCR 扩增采用 50  $\mu$ L 反应体系: Premix Taq 25  $\mu$ L,模板 DNA 3  $\mu$ L,上下游引物各 1.5  $\mu$ L,加 ddH<sub>2</sub>O 至 50  $\mu$ L。PCR 反应程序设定为:94 $^{\circ}$ C 预变性 2 min;94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,58 $^{\circ}$ C 退火 40 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 2 min,反应重复 1 次,35 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min 后 4 $^{\circ}$ C(或 10 $^{\circ}$ C)保存。扩增产物利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,将检测合格的样品送交上海生工生物公司武汉分公司进行双向测序。

#### 1.2.3 序列数据分析

利用 SeqMan 软件对序列进行拼接和校正,结合 Chromas 2.4 软件查看测序峰图,进行人工修改,去掉前后峰图不稳定的序列,保存为 Fasta 格式。在 GenBank 中进行 Blast 搜索比对,验证是否为目标序列,并下载同源序列和外群序列。

利用 MAGE 6.0 程序对 DNA 序列进行比对、遗传距离分析和基于邻接法(NJ)进行系统发育关系分析。

## 2 结果

### 2.1 两种板栗蛀果象甲的形态学与生态学特性

#### 2.1.1 栗雪片象形态学与生态学特性

形态特征:成虫(图 1a)体长 7.0~10.5 mm,暗褐色,被黄白色鳞片。头部和喙散布粗刻点,喙黑色,较粗,喙与体长之比约为 0.25:1;触角着生于喙端部 1/3 处,红褐色,膝状,11 节,柄节约为触角总长的 1/2,末端 3 节棒状。前胸黑色,宽略大于长,两侧拱圆,前后缘略突出,密被珠状瘤,中间前半端有明显的隆线。鞘翅浅黑褐色,密被黄白色鳞片,在基部 2/3 形成黄白色小斑点、端部 1/3 形成黄白色大斑;行纹窄浅,密具刻点,行间 3、5、7 各有一行较大的瘤。腹部和足密被黄白色毛状鳞片,腿节端部 1/3 处鳞片密集成环,腿节后端 1/3 有一钝齿。成熟幼虫(图 1c~d)体长 8.0~12.5 mm,乳白色,略呈 C 形弯曲。

主要为害时期及方式:栗仁形成期至膨大期;幼虫蛀食果柄处栗苞致幼果脱落(图 1b,e),影响板栗产量。

生活习性:成虫 5 月底开始在花絮、嫩芽和栗叶

背面取食,后取食幼嫩栗苞或果柄,并产卵于栗苞上;成虫具有假死习性,受到惊扰后立即落地不动,飞行能力较差,只能做短距离飞行。幼虫先沿果柄

蛀入栗苞内,蛀食栗苞并进一步蛀食栗仁,使其内充满颗粒状虫粪,幼虫在栗苞或栗果内(捣碎种皮呈絮状)越冬化蛹(图 1b~d);1年1代。



a: 成虫; b: 幼虫取食栗实膨大期基部栗苞; c: 成熟幼虫位于基部栗苞内; d: 成熟幼虫位于栗仁中; e: 提前坠地栗苞  
a: Adult; b: Larva feeding in the base of involucre next to carpopodium at chestnut enlargement period; c: Mature larva lying inside the base of involucre; d: Mature larva lying inside nutlet; e: Fallen involucre in advance

图 1 栗雪片象

Fig. 1 *Niphades castanea*

2.1.2 栗实象形态学与生态学特性

形态特征:成虫(图 2a~b)体长 6.9~9.2 mm,体黑褐色。雌虫喙与体长之比约为 90:82,雄虫约为 51:72;触角着生于喙基部 1/2 处(雄性)或 1/3 处(雌性),膝状,11 节,柄节约为触角长的 3/7,末端 3 节膨大呈球棒状。前胸背板宽略大于长,被稀疏白色短毛,后缘外侧具 1 条白色鳞片带。鞘翅基部和外缘 2/5 处各具 1 条白色鳞片短横带,翅 2/3 处具 1 条白色鳞片长横带,从鞘翅缝基部至 1/2 处或延至 1/2 处;腹板黑褐色,密被白色鳞片;足细而长,密被白色鳞毛,腿节近末端具 1 个宽而尖的齿,与胫节相扣夹持苞刺。幼虫体长 8.0~12.0 mm,乳白色,C 形弯曲(图 2c)。

主要为害时期及方式:栗仁膨大期至成熟期前后;幼虫蛀食栗仁和引发病菌感染(图 2c),影响板栗产量和质量。

生活习性:在罗田栗园,成虫于 7 月底开始出现,一直持续到 9 月底板栗晚熟品种采收之后,具有

假死习性,受到惊扰后立即落地不动,飞行能力较差,只能做短距离飞行。产卵时先用口器刺破栗苞与种皮后(图 2b),产卵 1~3 粒于栗仁内,幼虫孵化后一直在取食栗仁,使栗果内充满颗粒状虫粪,导致板栗失去食用价值,待幼虫成熟后再破洞钻出并入土越冬化蛹(图 2c~e);1~2 年 1 代。

2.2 两种板栗蛀果象甲 CO I 基因序列分析

2.2.1 目标序列的确定

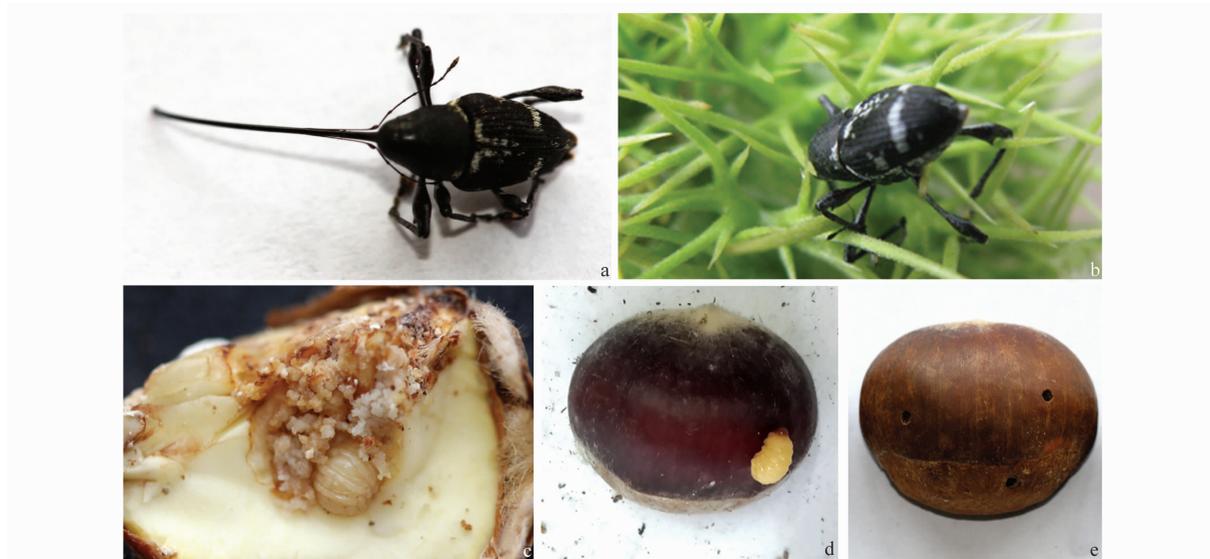
两种象甲的 CO I 基因的测序结果经拼接校对后,最后获得 5' 端 684 bp 的片段序列,将校对序列在 GenBank 进行 BLAST 检索,结果显示,栗雪片象与同亚科 Molytinae 中 *Niphadomimus* sp. 相似性达 85%,栗实象与同属的叶脉象 *Curculio venosus*、欧洲栗象 *C. elephas* 和锡金象 *C. sikkimensis* 相似性达 89%~90%,可以确认试验所得基因片段为目标序列。所有序列均提交至 GenBank 数据库中,其中板栗雪片象的 Accession 登录号为 KX774484、KX774485、KX774486,分别来自 LT15026、LT15027、

LT15028 幼虫样本; 栗实象的 Accession 登录号为 KX774487、KX774488, 分别来自 LT15035、LT15036 幼虫样本。

### 2.2.2 遗传距离与系统发育分析

以步甲科达步甲 *Damaster mirabilissimus* 和

星步甲 *Calosoma* sp. 为外群, 利用 MAGE6.0 对两种象甲的目标序列与 GenBank 数据库中 BLAST 检索所得的同源序列(表 1)构建遗传距离表(表 2), 并基于邻接法(经 Kimura-2 距离校正, 执行 Bootstrap 1 000 次)构建系统发育树(图 3)。



a: 成虫; b: 成虫足握持栗苞刺, 口器刺入栗苞; c: 幼虫在栗仁中取食及其为害状; d: 成熟幼虫破洞钻出栗果; e: 成熟幼虫钻出栗果后所留孔洞  
a: Adult; b: Adult with feet holding involucre thorn and mouthparts piercing into involucre; c: Larva feeding inside nutlet; d: Mature larva unthreading nut; e: Holes left after mature larva unthreading nut

图 2 栗实象

Fig. 2 *Curculio davidi*

表 1 两种象甲 CO I 基因片段序列及 GenBank 中下载序列信息

Table 1 CO I gene segment sequences of two weevils and sequences downloaded from GenBank

物种 Species	科 Family	亚科 Subfamily	GenBank 登录号 GenBank accession no.
<i>Niphades castanea</i> LT15026	Curculionidae	Molytinae	试验获取
<i>Niphades castanea</i> LT15027	Curculionidae	Molytinae	试验获取
<i>Niphades castanea</i> LT15028	Curculionidae	Molytinae	试验获取
<i>Curculio davidi</i> LT15035	Curculionidae	Curculioninae	试验获取
<i>C. davidi</i> LT15036	Curculionidae	Curculioninae	试验获取
<i>Niphadomimus</i> sp. 6 VG-2014	Curculionidae	Molytinae	KJ427737.1
<i>Niphadomimus</i> sp. 3 VG-2014	Curculionidae	Molytinae	KJ427734.1
<i>Niphadomimus</i> sp. 1 VG-2014	Curculionidae	Molytinae	KJ427749.1
<i>Artipus</i> sp. 1 AMV2011a	Curculionidae	Entiminae	HQ891429.1
<i>Curculio elephas</i>	Curculionidae	Curculioninae	KM450966.1
<i>Curculio venosus</i>	Curculionidae	Curculioninae	KM442627.1
<i>Curculio sikkimensis</i>	Curculionidae	Curculioninae	KC135935.1
<i>Lachnopus</i> sp. GZ12	Curculionidae	Entiminae	KT350633.1
<i>Lachnopus</i> sp. 4 AMV2011d	Curculionidae	Entiminae	HQ891469.1
<i>Lachnopus seini</i>	Curculionidae	Entiminae	HQ891465.1
Baridinae sp. 1 ACP-2013	Curculionidae	Baridinae	KF946344.1
<i>Eucryptorrhynchus brandti</i>	Curculionidae	Cryptorrhynchinae	KR088970.1
<i>Damaster mirabilissimus</i>	Carabidae	Carabinae	GQ344500.1
<i>Calosoma</i> sp. BYU-CO241	Carabidae	Carabinae	GU176340.1

结果显示, 栗雪片象种内遗传距离为 0~0.3%, 栗实象种内遗传距离为 0.2%, 两者种间遗传距离为

18.9%~19.6%, 具有明显的种间差异。板栗雪片象与 Molytinae 亚科的 *Niphadomimus* sp. 聚为一支, 遗

传距离为 17.0%~17.6%;4 种 *Curculio* 象甲聚为一支,栗实象与 *Curculio elephas*、*C. venosus* 和 *C. sikki-* *mensis* 的遗传距离分别为 12.1%~12.3%、10.7%~10.8%和 12.1%~12.3%。

表 2 基于 CO I 基因片段序列的种间遗传距离

Table 2 Species genetic distances based on CO I gene segment sequences

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1. <i>Lachnopus</i> sp. GZ12																	
2. <i>Baridinae</i> sp. 1 ACP-2013	0.199																
3. <i>Lachnopus seini</i>	0.149	0.193															
4. <i>Artipus</i> sp. 1 AMV2011a	0.172	0.197	0.147														
5. <i>Calosoma</i> sp. BYU-CO241	0.240	0.227	0.203	0.212													
6. <i>Damaster mirabilissimus</i>	0.229	0.235	0.216	0.202	0.125												
7. <i>Curculio elephas</i>	0.216	0.164	0.208	0.212	0.237	0.261											
8. <i>Curculio venosus</i>	0.212	0.158	0.175	0.189	0.244	0.255	0.121										
9. <i>Curculio sikkimensis</i>	0.218	0.153	0.193	0.202	0.243	0.253	0.146	0.123									
10. <i>Niphadomimus</i> sp. 1 VG-2014	0.200	0.194	0.198	0.195	0.232	0.240	0.180	0.178	0.186								
11. <i>Niphadomimus</i> sp. 3 VG-2014	0.208	0.178	0.189	0.182	0.242	0.239	0.190	0.172	0.184	0.107							
12. <i>Niphadomimus</i> sp. 6 VG-2014	0.234	0.184	0.208	0.203	0.246	0.271	0.209	0.205	0.213	0.131	0.118						
13. <i>Niphades castanea</i> LT15026	0.200	0.176	0.214	0.196	0.255	0.259	0.208	0.204	0.190	0.174	0.176	0.174					
14. <i>Niphades castanea</i> LT15027	0.200	0.176	0.214	0.196	0.255	0.259	0.208	0.204	0.190	0.174	0.176	0.174	0.000				
15. <i>Niphades castanea</i> LT15028	0.198	0.172	0.209	0.194	0.253	0.257	0.206	0.204	0.188	0.172	0.176	0.170	0.003	0.003			
16. <i>Curculio davidi</i> LT15035	0.218	0.135	0.172	0.184	0.237	0.229	0.121	0.107	0.121	0.174	0.192	0.190	0.194	0.194	0.189		
17. <i>Curculio davidi</i> LT15036	0.220	0.137	0.174	0.186	0.239	0.231	0.123	0.103	0.123	0.176	0.194	0.183	0.196	0.196	0.191	0.002	

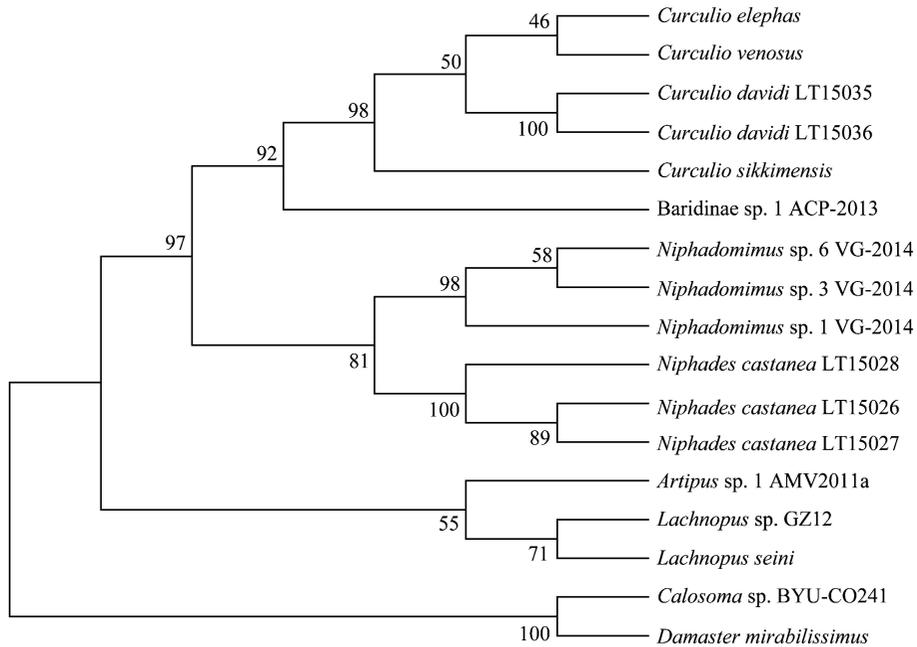


图 3 基于 CO I 基因片段的 NJ 树(经 Kimura-2 距离校正)

Fig. 3 NJ tree based on CO I gene segment sequences (Kimura-2 distance correction)

### 3 结论与讨论

栗雪片象和栗实象幼虫形态相似,均蛀食板栗果实,但两者在成虫形态、为害和生态习性上具有明显的差异。

栗雪片象:成虫体暗褐色,喙粗短,鞘翅基部 2/3 具黄白色小斑点、端部 1/3 具黄白色大斑;成虫早在开花期羽化出土,卵产于果柄处栗苞内,幼虫孵化后蛀食果柄处栗苞,引发板栗提前落果,有些随后进一

步钻破果皮进入栗仁取食,幼虫在果柄处栗苞或栗仁内越冬。

栗实象:成虫体黑褐色,喙细长,鞘翅基部、外缘 2/5 处和翅 2/3 处具 3 条白色横带;成虫于栗仁膨大期羽化出土,产卵于栗仁内,幼虫孵化后取食栗仁,幼虫成熟后在坚坚果皮上蛀一圆形孔洞,钻出土越冬。

有研究表明,栗实象在早期为害栗果往往引起栗果脱落,而在晚期受害果则不脱落<sup>[9-11]</sup>,根据栗实象的为害特性,即成虫产卵于栗实内、幼虫在栗实内

取食,并未妨碍营养物质及水分从果柄向栗苞运输,栗苞及栗苞内果实仍可膨大生长,且栗实象羽化出土相对较晚。因此,早先报道栗果提前脱落可能是由栗雪片象幼虫为害引起的,栗实象幼虫是否引发栗果早期脱落有待进一步研究证实。

板栗雪片象和栗实象 DNA 条形码序列(COI基因 5'端 684 bp)的遗传距离高达 18.9%~19.6%,碱基差异明显。板栗雪片象与 Molytinae 亚科的 *Niphadomimus* sp. 聚为一支,遗传距离为 17.0%~17.6%;栗实象与同属的 3 种聚为一支,遗传距离为 10.6%~12.1%,具有较近的亲缘关系,但在 GenBank 数据库中未发现与两种象甲遗传距离更小的序列。目前,全世界已知象甲科昆虫 5 万种<sup>[7]</sup>,但 BOLD 数据库中仅记载象甲科昆虫 2 571 个已命名种的 DNA 条形码 COI 基因片段序列<sup>[12]</sup>,有待大量开展象甲科昆虫的 DNA 条形码序列研究,为象甲科害虫尤其是幼虫的快速准确鉴定提供技术支持。

## 参考文献

[1] 汪玉平,肖云丽,程水源. 我国板栗小蛾类害虫名录[J]. 黄冈师范学院学报,2013,33(6):32-39.

(上接 69 页)

及第 5 代对照种群的各参数比处理种群的相应参数要低,其机理还有待深入研究。

研究发现,大多数迁飞性昆虫的飞翔力在卵巢发育中期最强,尤其是卵巢开始发育后的 3~5 d。通过长距离迁飞(移),其卵巢发育逐步完成,并实施交尾与产卵<sup>[14]</sup>。本研究亦以处女蛾为材料,系统研究低浓度的 Cry1Ac 毒蛋白连续刺激对其飞翔力的影响。因此其结果更能反映迁飞性昆虫的一些特征。本文也探讨了产卵蛾与处女蛾在飞行时间与距离等方面对 Cry1Ac 毒蛋白的响应,结果表明,用处女蛾还是已经交配产卵的雌虫测定其迁飞能力,两者差异不甚明显。由此说明,Cry1Ac 毒蛋白对甜菜夜蛾迁飞性的影响与该虫的成熟度关系不大。

## 参考文献

[1] 王瑞明,刘海南. 甜菜夜蛾的综合控制技术[J]. 江西棉花,2004,26(5):37.

[2] 夏敬源,崔金杰,常蕊芹. 转基因抗虫棉对甜菜夜蛾的抗性研究[J]. 中国棉花,2000,27(9):10-11.

[3] 周文,汪登松. 甜菜夜蛾生物学特性及防治技术[J]. 安徽农业,2004(9):22.

[4] 王生元,张银贵,缪荣蓉,等. 姜堰市甜菜夜蛾在棉花上发生

[2] 汪玉平,肖云丽,程水源. 我国板栗大鳞翅类害虫名录[J]. 黄冈师范学院学报,2014,34(3):24-33.

[3] 肖云丽,汪玉平,程水源,等. 我国板栗害虫研究概述[J]. 环境昆虫学报,2014,36(3):442-451.

[4] 汪玉平. 罗田板栗害虫与天敌调查研究[D]. 武汉:武汉工程大学,2014.

[5] 肖云丽,汪玉平,孙康,等. 湖北省罗田县板栗害虫种类调查研究初报[J]. 植物保护,2015,41(6):205-211.

[6] 徐育海,蒋迎春,方波,等. 罗田县板栗产业生产调查[J]. 湖北农业科学,2008,47(1):67-70.

[7] 李巧. 中国象甲科分类研究综述[J]. 西南林学院学报,2003,23(3):74-79.

[8] Hebert P D N, Cywinska A, Bal S L, et al. Biological identifications through DNA barcodes [J]. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2003,270:313-321.

[9] 刘先琴,张祥万. 湖北栗实象甲的发生与综合防治[J]. 植保技术与推广,2000,20(6):26.

[10] 屈顶柱,黄应成,张宜仁. 栗实象甲生物学特性及综合防治技术研究[J]. 陕西林业科技,2009(1):71-73.

[11] 赵书有. 栗实象甲的发生规律及综合防治[J]. 特种经济动植物,2010,18(7):52.

[12] DNA barcode of life data[DB/OL]. BOLD, 2016, <http://www.boldsystems.org>.

(责任编辑:田喆)

为害特点及防治对策[J]. 中国棉花,1998,25(6):28.

[5] 河北省植保总站. 抗虫棉田病虫害发生与防治不容忽视[J]. 农药市场信息,1999(9):31.

[6] 苏建亚. 甜菜夜蛾的迁飞及在我国的发生[J]. 昆虫知识,1998,35(1):55-57.

[7] 陈建. Cry1Ac 杀虫蛋白对甜菜夜蛾生长发育、繁殖、食物利用率及飞行能力的影响[D]. 北京:中国农业科学院,2011.

[8] 江幸福,陈建,罗礼智,等. Cry1Ac 杀虫蛋白对甜菜夜蛾飞行能力的影响[J]. 植物保护,2011,37(6):102-106.

[9] 张小丽,陈萍,陈翠芳,等. 转 Bt 基因抗虫棉对甜菜夜蛾实验种群增长的影响[J]. 植物保护学报,2007,34(4):391-395.

[10] Chen Chunxia, Wu Erzong, Yang Yizhong, et al. The transfer of Bt insecticidal protein to higher tropic levels via a transgenic cotton, then beet armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) and their natural enemies [J]. The Canadian Entomologist, 2014,146:1-7.

[11] 陈建,江幸福,罗礼智,等. 甜菜夜蛾低龄幼虫取食含 Cry1Ac 杀虫蛋白的人工饲料对其生长发育和成虫繁殖的影响[J]. 昆虫学报,2010,53(10):1119-1126.

[12] 江幸福,罗礼智,胡毅. 幼虫食物对甜菜夜蛾生长发育、繁殖及飞行的影响[J]. 昆虫学报,1999,42(3):271-276.

[13] 王智广,刘少芳,崔书瑞. 黄河流域棉区甜菜夜蛾的发生规律及防治技术[J]. 中国棉花,2006,33(10):29-29.

[14] 洪晓月,丁锦华. 农业昆虫学[M]. 第 2 版. 北京:中国农业出版社,2007.

(责任编辑:田喆)