科技前沿

# 973 项目“重大农业害虫猖獗危害的机制及可持续控制的基础研究”简介*

郝树广

(中国科学院动物研究所 农业虫害鼠害综合治理国家重点实验室 北京 100080)

**An introduction to 973 program: "Basic research on outbreak mechanism and sustainable management for major agricultural pest insects".** HAO Shu-Guang (*State Key Laboratory of Integrated Management of Pest Insects and Rodents, Institute of Zoology, The Chinese Academy of Sciences*, Beijing 100080)

**Abstract** Based on the theory of Total System Management, at the gene, individual, population and ecosystem levels, the program will expound the molecular bases for population differentiation and outbreaks of major agricultural pest insects in china; Analysis the co-relationship and co-evolutionary mechanism between host plant-pest-natural enemy; establish the monitoring and forecasting system for outbreaks of major pest insects; Found new way and new techniques for sustainable management of major agricultural pest insects; Lay a scientific foundation for reducing the losses of agriculture from pest disasters and sustainable developing of economy. The main contents of the program include: Molecular mechanisms of growth, development and reproduction in pest insects; Adaptation of the pest insects to environmental stress; Pesticides induced the outbreak of pest insects; Co-evolution of insect pests and host crops; Interaction between insect pests and their natural enemies and mechanism underlying pest biocontrol; Ecological regulation mechanism through food web among crops-insect pests-natural enemies; Monitoring system for forecasting the outbreaks of major pest insects.

**Key words** agricultural pest insects, outbreak mechanism, sustainable management

摘 要 2006 年 9 月,国家重点基础研究发展计划(973)农业领域 2006 年度项目“重大农业害虫猖獗危害的机制及可持续控制的基础研究”经科技部批准正式立项启动。该项目以全系统管理思想为指导,在基因、个体、种群、生态系统等不同层次,阐明我国重大农业害虫种群分化与暴发的分子基础,解析害虫与寄主作物及天敌间的相互作用机制,建立害虫监测与预警系统,提出重大农业害虫可持续控制的新途径和新方法,为我国农业减灾、经济的可持续发展奠定科学基础。

项目的主要研究内容包括:害虫生长发育与生殖调控的分子机制;害虫对环境胁迫的适应机制;杀虫药剂诱导害虫再猖獗的机制;害虫与寄主植物的协同进化;天敌与害虫的互作及控害机制;作物—害虫—天敌食物网关系及其调控机理;重大害虫区域性暴发监测与预警。

项目的总体目标为:阐明害虫生长发育、种群分化的分子基础,揭示害虫种群调节的内在机制;解析作物、害虫及天敌间的互作机制,丰富和发展植物—害虫—天敌协同进化理论;阐明主要害虫区域性灾变机理,发展害虫预警新技术;发展与环境相容的、增强自然控害功能的新技术,提出重大农业害虫可持续控制的新途径和新方法;凝炼一支害虫控制基础研究的创新团队,丰富和发展我国害虫管理的科学理论与实践,提升我国有害生物防控的原始创新和集成创新能力,扩大国际影响。

---

* 本文为《昆虫知识》编委会特邀稿件。

** E-mail: haosg@ioz.ac.cn

收稿日期:2007-03-08,接受日期:2007-03-12

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.n

关键词 农业害虫，猖獗机制，可持续控制

2006年9月，国家重点基础研究发展计划(973)农业领域2006年度项目“重大农业害虫猖獗危害的机制及可持续控制的基础研究”经科技部批准正式立项启动。该项目由中国科学院动物研究所主持，由康乐研究员担任首席科学家，批准研究经费2 900万元，研究期限为2006年9月~2011年8月。

## 1 项目的特色

本项目基于国家重大需求和学科前沿，以水稻、小麦、棉花和蔬菜的重要害虫为研究对象，以全系统管理思想为指导，采用生物技术和信息技术为核心的技术体系，在基因－个体－种群－系统等不同层次的学科水平，对昆虫生长发育的遗传调控、环境适应进化的分子机制、食物网内的信息传递与能量流动、生态系统演化机理等进行研究。以害虫猖獗危害机制及可持续治理为主线，通过阐明害虫种群分化与暴发的分子基础，解析害虫与寄主作物及天敌间的相互作用机制，建立害虫监测与预警系统，提出重大农业害虫可持续控制的新途径和新方法，达到减少化学农药使用、提高农产品产量和品质、增加农民收入的目的，为我国农业减灾、经济的可持续发展创造良好的生态环境奠定科学基础，也为解决粮食安全、食品安全以及“三农问题”等提供科学依据。将极大地促进生命科学、植物保护科学、环境科学、信息科学等学科的交叉、渗透和发展，并引导前沿性、边缘性新学科的形成。具有如下的研究特色。

**3.1** 研究目标瞄准国家重大需求

紧密围绕我国的“三农”问题、防灾减灾、食品安全和生态安全等重大需求，研究我国农业重大害虫猖獗危害的机制，开展害虫的可持续控制，减少环境污染，增进农民收入，促进我国农业的可持续发展。

**3.2** 研究内容突出前沿性和创新性

瞄准国际上研究的热点和难点问题，应用分子生物学、基因组学和“3S”等先进技术，借鉴国际上害虫管理与生命科学的最新成果，从分子水平揭示害虫的生长发育和作物的抗性机理，从生态系统水平揭示害虫区域性成灾规律，形成微观和宏观相结合，突出研究技术的先进性和研究内容的前沿性。

**3.3** 研究思路强调系统性与综合性

以全系统管理思想为指导，整合基因、个体、种群和生态系统等不同层次的研究成果，系统探讨害虫暴发的机制。各研究内容之间紧密相联，层层深入，有机结合，形成系统。

**3.4** 研究成果体现应用性和针对性

以充分保护利用自然天敌和作物抗性控制害虫为中心，以区域性监测与预警为技术支撑，开展害虫的可持续治理，解决当前农业生产中急需要解决的重大问题，针对性强，重点突出。

## 2 国内外害虫研究的发展趋势与面临的挑战

综观近年来国内外害虫研究，有以下的一些发展趋势与面临的挑战。

**2.1** 强调从分子水平研究昆虫变态、生殖、滞育、飞翔等重要生命活动的调控机理，探明害虫的种下分化特征，揭示害虫遗传变异的内在机制

昆虫的生长发育的研究主要从以下2个方向展开：一是以果蝇为代表的模式昆虫，集中在受精后细胞分裂、胚层形成、组织器官和体节分化的基因表达调控，这方面的工作以90年代中期2位科学家获得诺贝尔奖为标志性成果；二是以家蚕 *Bombyx mori*、烟草天蛾 *Manduca sexta* 等模式昆虫为代表，集中研究激素和神经肽调节生长发育，并初步总结出了内分泌控制昆虫生长、变态蜕皮的一般规律。近年来，又进一步对调节昆虫生长发育的一系列激素或神经肽进行了深入研究，在分子、细胞、个体水平上已经能够勾画出昆虫生长发育的基本框架；应用基因组学的方法，通过比较飞蝗群居型和散居型两型的基因表达谱，发现有532个基因的

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.n

表达和许多生理过程在两型间有明显差别，参与了型变的调控过程。

虽然目前对模式昆虫胚胎发育到成虫的发育过程大致已经清楚，生长发育、蜕皮变态的一些重要基因已成功克隆，基因结构和发育表达能够解释许多过去不知道的问题和现象，但仍有许多重要的科学问题没有解决，尤其是与害虫危害猖獗相关的重要生长发育事件几乎是空白，基因是如何调节发育停滞？蜕皮变态除了已知的重要基因外，还有哪些重要基因参与蜕皮变态？蝗虫出现群居和散居型分化后导致迁飞这一重要过程基因是如何起作用的？分子生物学的巨大进展使人们认识到所有生长发育、蜕皮变态和生殖发生都是基因控制的，找到调节这些生理现象的重要或关键基因是最初也是最重要的一步，也是利用这些物质开展害虫治理的基础。

**2.2** 注重研究害虫对极端温度、干旱、温室气体和杀虫剂等环境胁迫的生理生化与行为反应，阐明重要害虫的生态适应策略和机制，为害虫的无公害防治提供理论基础

昆虫对极端温度和干旱有很强的适应能力。已测定了多种昆虫的抗寒耐热性，将进一步与现代分子生物学技术结合，分析了昆虫抗冻蛋白及耐热蛋白及其基因组成，阐明昆虫的生理生态适应，找出昆虫生存的薄弱环节。

$CO_2$ 浓度升高和气候变暖等是近年来世界各国关注的焦点。$CO_2$ 浓度升高和气候变暖将增加害虫的发生世代，引起植物体内挥发性化学物质、营养物质和次生性物质的变化，这些变化随之影响害虫及其天敌的行为、生活史对策和种间关系等，以维持三营养级关系。但是，由于大气 $CO_2$ 浓度控制的难度以及多营养层作用的复杂性，分析害虫对 $CO_2$ 浓度升高和温度变化的响应，在国际上刚刚起步，在国内尚属空白。

应用杀虫药剂是害虫综合治理中不可缺少的措施之一。大量使用化学杀虫药剂，导致了农药残留、害虫抗药性和再增猖獗等问题。杀虫药剂诱导害虫猖獗的原因主要是通过害虫适应性变异（如抗药性）、药剂诱导害虫增殖以及破坏了天敌与害虫间的平衡。因此，研究害虫抗药性分子机制，促进抗药性分子检测和治理技术的开发，并为负交互抗性新型杀虫剂的开发提供新途径和新思路，一直是昆虫学和毒理学研究的热点问题，特别是在模式昆虫（果蝇）和卫生害虫中取得了明显的进展，如：库蚊 *Est*α1 调节基因的改变，家蝇 P450 表达的调控等。但是，对农业害虫抗药性特征的研究很少，且与模式昆虫和卫生害虫明显不同。有关杀虫药剂诱导农业害虫猖獗的机制仍不清楚。

**2.3** 植物－害虫－天敌之间的三级营养互作关系是当今进化生态学和化学生态学研究领域的前沿课题，也是寻找害虫可持续控制途径的重要基础

在漫长的进化过程中，植物与植食性昆虫及其天敌间形成了复杂的相互作用关系。一方面，植物在受到昆虫取食后通过特定的信号传递途径（一般通过茉莉酸信号）产生防御反应。另一方面，昆虫也会通过多种方式对植物的防御作出抵抗或产生适应。

有关植物体内间接防御和直接防御诱导的信号通路在国外已经受到关注。主要以番茄、烟草为模式植物，研究被害后的信号传导途径，发现植物诱导抗虫性信号传导主要通过植食性昆虫取食造成的机械损伤及其口腔分泌物诱导的产生。然而，对产生的因子如系统素和茉莉酸各自起的作用、以及二者如何协调抗性基因的表达所知甚少。

研究表明，植物被害后将诱导产生次生物质与有毒物质影响植食性昆虫的生长发育与行为，并由此分析植物通过食物链对天敌的作用。植食性昆虫危害能诱导植物释放特异性的挥发物引诱天敌，天敌昆虫拥有毒液、多分 DNA 病毒（PDV）、畸形细胞等多种携带因子，能调节寄主发育和抑制寄主免疫反应。天敌昆虫还能“窃听”寄主的种内信息而发现适合的寄主，释放信息化合物引起寄主内部的“战争”。植物－害虫－天敌三者之间关系的研究可为增强自然因子，开辟利用天敌昆虫控制害虫的新途径提

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.n

供技术支持。

**2.4** 重视应用 **3S** 技术，在大尺度上监测害虫远距离迁飞行为和发生危害动态，分析其区域性灾变规律

随着农业产业结构调整、农田耕作制度的变更、农田景观的破碎化，开始从景观生态学的角度，分析害虫在不同作物上的空间转移规律，探讨了不同的耕作制度、栽培措施、水肥管理、防治措施等农田管理方法对害虫的影响，阐明农田景观中昆虫的食物网结构、昆虫群落"源"与"库"的关系，发展了下行控制和上行控制理论，为有效地开展害虫区域性的生态调控提供了理论依据。

针对害虫的长距离、大范围的迁移扩散，应用遥感监测系统(RS)、全球定位系统(GPS)、地理信息系统(GIS)和计算机科学，通过整合遥感信息(包括害虫种群动态信息)、地理信息及气候气象信息，建立迁飞扩散能力强的害虫发生与危害的信息识别模型，分析害虫发生的生态适应宽度与种群时空动态，揭示害虫种群区域性成灾规律，建立害虫大尺度长期预警系统。但是我国应用的基础薄弱，与国际先进水平有一定的差距。

**2.5** 寻找高效的害虫生物调控新技术

在开展害虫基础性研究的同时，国内外都非常重视寻找高效的害虫生物调控新技术。如根据害虫行为特点，使用行为调节剂诱杀或干扰害虫行为。全世界至少有 46 种昆虫性信息素商品化，超过 300 000 $hm^2$ 的作物使用了昆虫性信息素干扰防治作物害虫；筛选植物次生物质或信息化学物质，用于发挥其引诱天敌和植物间接防御作用以及培育新一代作物抗性品种；从天敌昆虫调节寄主发育和抑制寄主免疫的因子中获得新的功能基因或新型杀虫蛋白，用以增强其他生物防治因子的活性，或研发干扰害虫免疫系统的新型杀虫剂或转基因抗虫作物，开辟利用天敌昆虫控制害虫的新途径；不同作物及品种布局提高自然控制作用以及人工释放天敌等。

## 3 项目的主要研究内容

**3.1** 害虫生长发育与生殖调控的分子机制

应用生理学、生物化学、分子生物学、功能基因组学等手段，研究害虫的分化、滞育、蜕皮变态及生殖发生，阐明调节昆虫生长发育关键基因的功能，揭示害虫种群暴发危害的内在机制，为利用昆虫基因调控昆虫的生长发育与生殖提供理论基础。

**3.2** 害虫对环境胁迫的适应机制

以低温、高温、干旱和二氧化碳升高为环境胁迫因子，运用分子生物学、生理与生物化学、生态学等多学科技术手段，研究害虫对环境胁迫的适应性进化和生存策略，揭示环境因子胁迫下害虫生态适应的生理、生态及其分子机制，阐明害虫在未来全球气候变化种群暴发猖獗危害的机理与发展趋势。

**3.3** 杀虫药剂诱导害虫再猖獗的机制

运用生理与生物化学、分子生物学、基因组学及蛋白质组学等技术手段，阐明害虫对新烟碱类、氟虫腈、阿维菌素等新类型杀虫药剂抗药性的分子机制，揭示害虫抗药性的群体遗传规律、害虫对亚致死剂量药剂适应的机制、主要类型杀虫药剂对靶标和非靶标昆虫的选择性机制，阐明杀虫药剂诱导害虫种群再猖獗的生理和生化机制，为抑制害虫再猖獗提供技术支撑。

**3.4** 害虫与寄主植物的协同进化

采用昆虫行为生理学、化学生态学、分子生物学和蛋白质组学等技术，系统地研究害虫寻找、选择寄主作物的行为特征及其对抗虫物质的适应性机制，揭示作物自身防御、补偿以及系统抗性产生的机理，阐明害虫与作物的协同进化机制，为作物系统抗虫性的利用和作物抗虫基因的改良提供新的科学依据。

**3.5** 天敌与害虫的互作及控害机制

综合运用免疫生理学、分子生物学、基因组学、生态学等手段，从天敌寻找和调控寄主的角度，明确虫害诱导的重要植物挥发物对天敌行为的影响，探讨寄生性天敌适应寄主的免疫机理，阐明昆虫病毒的潜伏感染和诱发的分子机

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.n

制及疾病流行规律，定量评价天敌对主要农业害虫的控害潜能，为增强天敌自然控害作用、人工繁育和释放天敌控制害虫等提供重要的理论基础与技术贮备。

**3.6** 作物－害虫－天敌食物网关系及其调控机理

采用植物化学、行为学、生态学和系统分析等方法，研究信息化合物在食物网中的联系、干扰与协同作用，营养物质和次生物质在食物网中的流动规律，阐明主要农事措施对食物网结构和功能的影响，揭示食物网内作物与天敌对害虫的调控机理，提出害虫的全系统管理策略，开展害虫的可持续控制。

**3.7** 重大害虫区域性暴发监测与预警

以遥感、地理信息系统、全球定位系统技术和计算机网络信息技术为研究手段，从昆虫远距离迁飞，造成异地暴发危害的角度，研究昆虫的远距离迁飞行为和规律，东亚季风等大气环流、降雨、作物布局等对昆虫起飞、巡航和降落的作用机理以及害虫远距离迁飞的区域性成灾机理，害虫的遥感监测原理、技术与方法以及重大害虫暴发成灾的早期预警指标，为重大害虫区域性暴发的实时监测、及时预警和有效治理提供理论依据和技术支撑。

## 4 项目研究方案和技术路线

本项目采用生物技术和信息技术为核心的技术体系，综合运用分子生物学、基因组学、生理生化、生态学和信息科学等方法，在基因、个体、种群和生态系统等不同层次，从害虫的生长发育调控因子出发，研究害虫蜕皮变态、迁飞滞育与生殖调控的分子机制，阐明害虫种群暴发的内在机制；以环境和杀虫药剂作为胁迫因子，研究害虫的生态适应性和杀虫药剂诱导害虫再猖獗的机理；从作物、害虫和天敌相互关系的角度，研究害虫与寄主作物的协同进化机制、天敌对害虫的适应及其持续控害作用，分析作物－害虫－天敌食物网间的信息与营养联系，阐明利用作物抗性与天敌调控害虫的机理，提出害虫的可持续控制对策；以遥感、地理信息系统、全球定位系统技术和计算机网络信息技术为研究手段，建立重大害虫区域性暴发监测与预警系统。它的学术思路与技术路线可用图 1 表示。

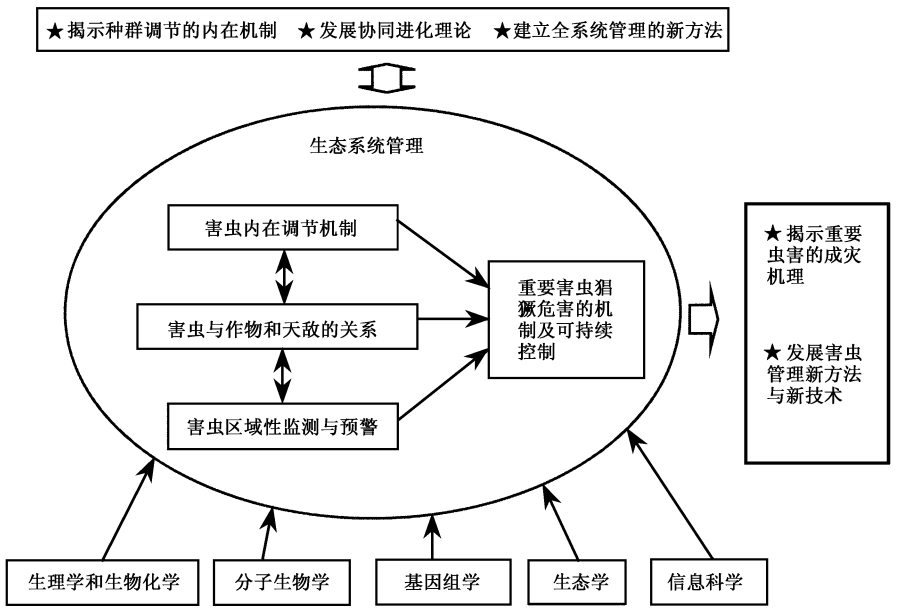



图 1 项目的学术思路与技术路线

根据项目总体目标以及拟解决的关键科学问题，设置如下 7 个研究课题。将以环境胁迫

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.n

和杀虫药剂使用为作用因子，作物－害虫－天敌的相互作用关系及其调控机理为主线，通过整合基因组学、分子生物学、生理与生物化学、生态学和信息科学多学科和多手段，达到揭示害虫猖獗危害的机制，建立害虫监测与预警系统，提出害虫可持续控制技术的总体目标。各个课题之间相互联系，组成一个有机的整体。从害虫自身的生长发育因子出发，研究害虫蜕皮变态、迁飞滞育与生殖调控的分子机制，阐明害虫种群暴发的内在机制（课题 1）；从环境和杀虫药剂胁迫的角度，研究害虫对温、湿度等因子的生态适应性（课题 2）和杀虫药剂诱导害虫再猖獗的机理（课题 3），揭示害虫对环境的适应与其持续猖獗的关系；从作物、害虫和天敌相互关系的角度，研究害虫与寄主作物的协同进化机制（课题 4）、天敌对害虫的适应及其持续控害作用（课题 5），进一步分析作物－害虫－天敌食物网的信息传递与营养联系，阐明作物与天敌调控害虫的机理，提出害虫的可持续控制对策（课题 6）；以遥感、地理信息系统、全球定位系统技术和计算机网络信息技术为研究手段，建立重大害虫区域性暴发监测与预警系统（课题 7）。

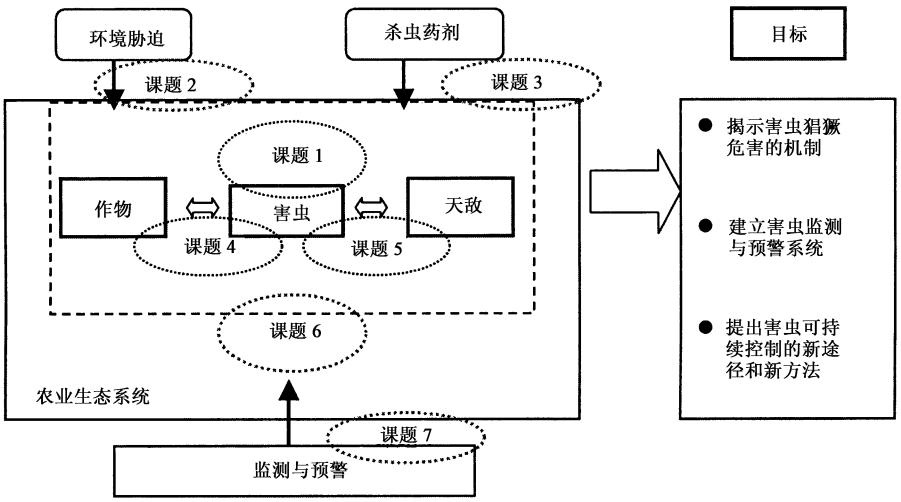



图 2　项目课题的设置及它们之间的耦联关系

## 5　项目研究队伍

本项目依托 4 个密切相关的国家重点实验室（农业虫害鼠害综合治理研究国家重点实验室、植物病虫害生物学国家重点实验室、有害生物控制与资源利用国家重点实验室、水稻生物学国家重点实验室）和多个部门重点开放实验室，拥有我国一流的研究条件和设备。集中了中国科学院动物研究所、中国农业科学院植物保护研究所、中国农业大学、浙江大学、中山大学、华南农业大学、南京农业大学等相关重点大学在本领域的优秀人才，组成了精干、高效、务实的研究团队。

根据项目研究内容的需要，既考虑到承担单位的研究基础、研究力量及研究条件等方面的优势，又充分考虑到学科的交叉渗透、优势互补、人员的梯队衔接，组成了以具有高级职称或博士学位的中青年研究人员为主体的精干队伍，共 43 人，其中具博士学位者占 87%，45 岁以下占 70%左右，有 4 人入选国家“百千万人才工程”（一、二层次），2 人获得国家杰出青年科学基金，1 人为中国科学院“百人计划”引进人才，1 人为中国工程院院士。

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.n