

抗、感螨木薯品种对阿维菌素抗性和敏感二斑叶螨发育繁殖及解毒代谢的影响

IJITI Oluwole Gregory^{1,2,3}, 梁 晓^{2,3}, 刘 迎^{2,3}, 伍春玲^{2,3}, 安兴奎^{2,3},
牛长缨^{1*}, 陈 青^{2,3*}

1. 华中农业大学植物科学技术学院, 湖北武汉 430070; 2. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所/农业农村部热带作物有害生物综合治理重点实验室/海南省热带作物病虫害生物防治工程技术研究中心, 海南海口 571101; 3. 中国热带农业科学院三亚研究院/海南省南繁生物安全与分子育种重点实验室, 海南三亚 572000

摘 要: 二斑叶螨是木薯上的重要害虫, 长期使用阿维菌素使其抗药性问题突出, 选用抗螨木薯品种是绿色、有效、简便的虫害防治途径, 当前, 抗螨木薯品种对抗性二斑叶螨的控制效果尚不明确, 难以为害螨的抗药性治理提供决策支持。据此, 本研究以抗螨木薯品种 C1115、感螨木薯品种 SC205 及二斑叶螨适宜的繁育寄主豇豆为参试材料, 探究其对阿维菌素抗性 (AB-R) 和敏感 (AB-S) 品系发育繁殖和解毒代谢能力的影响。结果表明: 与取食豇豆相比, 取食 SC205 的 AB-R、AB-S 的发育历期、种群增长[净增殖率 (R_0)、内禀增长率 (r_m)、平均世代周期 (T)] 和种群加倍时间 (DT) 无显著差异, 而取食 C1115 显著延长了 AB-R、AB-S 的发育历期, 显著抑制种群增长 (R_0 、 r_m 显著降低, T 和 DT 显著延长), 且 AB-R 在 C1115 上的 T 和 DT 也显著低于 B-S。在解毒酶活性方面, 与取食豇豆相比, 2 种害螨品系取食 SC205 和 C1115 后, 细胞色素 P450 酶 (CYP450s)、谷胱甘肽 S-转移酶 (GSTs)、尿苷二磷酸糖基转移酶 (UGTs) 3 种解毒酶活性均显著提高, 并且取食 C1115 的酶活显著高于取食 SC205, 此外, 取食 3 种寄主后, AB-R 的酶活也均显著高于 AB-S。阿维菌素抗性相关的解毒基因表现出不同的表达特性, 与取食豇豆相比, 虽然 2 种害螨品系取食 C1115 和 SC205 后, 体内 6 个基因的表达量均显著提高, 但是当 AB-R 和 AB-S 取食相同木薯品种时, *CYP389C10*、*UGT201D3* 和 *UGT11* 的表达量无显著差异, 而 AB-R 中的 *CYP392A16*、*GSTd01* 和 *GSTm09* 表达量显著高于 AB-S。上述结果表明, 二斑叶螨 AB-R 品系因其解毒代谢能力更强, 可能在解毒抗螨木薯品种的有毒次生物质时更具优势, 从而削弱抗螨木薯对二斑叶螨的控害效果, 但该假设需通过后续的田间试验进一步证实。本研究结果为评估抗螨木薯在害螨抗药性治理中的应用潜力提供前期理论基础。

关键词: 二斑叶螨; 阿维菌素; 木薯; 发育繁殖; 解毒代谢

中图分类号: S435.33 文献标志码: A

Effects of Mite-resistant and Mite Susceptible Cassava Cultivars on the Development, Reproduction, and Detoxification System of Abamectin-resistant and Susceptible *Tetranychus urticae*

IJITI Oluwole Gregory^{1,2,3}, LIANG Xiao^{2,3}, LIU Ying^{2,3}, WU Chunling^{2,3}, AN Xingkui^{2,3}, NIU Changying^{1*},
CHEN Qing^{2,3*}

1. College of Plant Science & Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan, Hubei 430070, China; 2. Environment and Plant Protection Institute, China Academy of Tropical Agricultural Sciences / Key Laboratory of Integrated Pest Management on Tropical Crops, Ministry of Agriculture and Rural Affairs / Hainan Engineering Research Center for Biological Control of Tropical

收稿日期 2025-10-02; 接受日期 2025-11-20

基金项目 国家重点研发计划项目 (No. 2023YFD1600600); 农业农村部农业资源调查与保护利用专项 (No. NFZX-2024)。

作者简介 IJITI Oluwole Gregory (1994—), 男, 硕士研究生, 研究方向: 虫害绿色防控。*通信作者 (Corresponding author): 牛长缨 (NIU Changying), E-mail: niuchangying@mail.hzau.edu.cn; 陈 青 (CHEN Qing), E-mail: chqingztq@163.com。

Crops Diseases and Insect Pests, Haikou, Hainan 571101, China; 3. Sanya Research Academy, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences / Hainan Key Laboratory for Biosafety Monitoring and Molecular Breeding in Off-Season Reproduction Regions, Sanya, Hainan 572000, China

Abstract: *Tetranychus urticae* is a significant pest on cassava. Long-term use of abamectin has led to prominent resistance issues. Selecting mite-resistant cassava varieties represents a green, effective and straightforward approach to pest control. However, the effectiveness of resistant cassava varieties against resistant mite strains remains unclear, limiting its utility in supporting resistance management decisions. Accordingly, this study used mite-resistant cassava cultivar C1115, mite-susceptible cassava cultivar SC205 and the preferred host plant cowpea as test materials to investigate the effects on the development, reproduction and detoxification metabolism capabilities of abamectin-resistant (AB-R) and abamectin-sensitive (AB-S) strains. Results showed that compared to feeding on cowpea, feeding on SC205 did not significantly alter the developmental duration or population growth parameters [net reproductive rate (R_0), intrinsic rate of increase (r_m), mean generation time (T), population doubling time (DT)] of either AB-R or AB-S strains. In contrast, feeding on C1115 significantly prolonged the developmental duration and inhibited population growth (significantly decreased R_0 and r_m , significantly increased T and DT) of both strains. Furthermore, on C1115, the T and DT of the AB-R strain were also significantly lower than those of the AB-S strain. Regarding detoxification enzyme activities, compared to feeding on cowpea, feeding on both SC205 and C1115 significantly increased the activities of three detoxification enzymes—cytochrome P450 monooxygenases (P450s), glutathione S-transferases (GSTs) and uridine diphosphate-glycosyltransferases (UGTs) – in both mite strains. Enzyme activities were significantly higher in mites feeding on C1115 compared to those on SC205. Additionally, on all three host plants, the enzyme activities of the AB-R strain were consistently significantly higher than those of the AB-S strain. Detoxification genes associated with abamectin resistance exhibited different expression patterns. Although feeding on both C1115 and SC205 significantly upregulated the expression of six tested genes in both mite strains compared to feeding on cowpea, differences emerged when comparing strains on the same cassava variety. When AB-R and AB-S fed on the same cassava cultivar (C1115 or SC205), the expression levels of *CYP389C10*, *UGT201D3* and *UGT11* showed no significant difference. However, the expression of *CYP392A16*, *GSTd01* and *GSTm09* was significantly higher in the AB-R strain than in the AB-S strain. The results indicate that the AB-R strain of *T. urticae*, likely due to its enhanced detoxification capacity, might possess an advantage in neutralizing toxic secondary metabolites from the mite-resistant cassava, potentially compromising the pest control efficacy of this resistant cultivar. This hypothesis, however, requires further validation through subsequent field experiments. This study provides a preliminary theoretical basis for evaluating the application potential of mite-resistant cassava in the management of mite resistance to acaricides.

Keywords: *Tetranychus urticae*; abamectin; cassava; development and reproduction; detoxification metabolism

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2026.02.019

二斑叶螨 (*Tetranychus urticae* Koch) 是世界危险性害虫。当前, 使用杀螨剂是主要的防治手段, 然而长期或不合理使用化学药剂导致的害螨抗药性问题突出^[1]。阿维菌素作为我国广泛使用的杀螨剂, 目前已有多地对二斑叶螨产生中高水平抗性的相关报道^[2-3]。而二斑叶螨对阿维菌素解毒代谢能力的增强是重要的抗药性形成机制^[4-5]。抗性二斑叶螨体内细胞色素 P450 酶 (CYP450s)^[6]、谷胱甘肽 S-转移酶 (GSTs)^[7]、尿苷二磷酸糖基转移酶 (UGTs)^[8]等解毒代谢酶活性的显著增加, 以及药物代谢蛋白 (如 ABC 转运蛋白)^[9]对阿维菌素代谢效率的提高等, 均在二斑叶螨抗药性形成过程中发挥关键作用。作物被二斑叶螨取食后, 会产生有毒的次生代谢物质抵御螨害^[10], 而

CYP450s、GSTs、UGTs 等解毒酶能将其有效代谢, 使害螨突破作物的防御屏障并形成取食适应性^[11], 然而, 某些作物品种能够富集超过害虫解毒系统承载能力的特定次生物质并表现出抗虫性^[12]; 但对已产生抗药性的害虫而言, 其显著增强的解毒能力可能有助于害虫快速适应抗虫品种, 削弱其抗虫效果, 这一现象在抗药性褐飞虱 (*Nilaparvata lugens* Stål) 取食抗虫水稻的研究中已得到证实^[13]。二斑叶螨作为抗药性事件报道最多的害虫之一, 取食抗虫品种后对其发育繁殖及解毒代谢能力的影响尚无报道。因此, 本研究拟通过比较分析阿维菌素抗性和敏感二斑叶螨取食抗螨、感螨木薯品种后对其发育繁殖及解毒代谢能力的差异, 为评估抗螨木薯在害螨抗药性治理

中的应用潜力提供前期理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 供试二斑叶蚜 阿维菌素敏感 (AB-S) 和抗性 (AB-R) 品系为西南大学植物保护学院何林教授馈赠的实验室筛选品系, 其抗性倍数达 20 000 倍^[14]。实验室饲养条件: 温度为 $(26\pm 1)^{\circ}\text{C}$, 相对湿度为 $(70\pm 5)\%$, 光周期为 14L/10D^[15], 以豇豆品种咫尺豇豆 (CP) (重庆芊虹农业发展有限公司) 进行继代饲养^[16]。

1.1.2 供试植株 抗蚜木薯 C1115 和感蚜木薯 SC205 为实验室前期经抗蚜性鉴定, 遗传稳定的品种^[17]。

1.2 方法

1.2.1 二斑叶蚜在抗、感蚜木薯上的发育历期及种群生命表 分别挑取阿维菌素抗性、敏感品系的雌成蚜各 3 头, 置于抗、感蚜木薯品种及咫尺豇豆盆栽植株上 (2 个二斑叶蚜品系, 3 种寄主作物叶片, 需 6 张叶片), 待其产卵后将雌成蚜 (F_0 代) 从叶片上移除, 待卵孵化为幼蚜后 (F_1 代), 每张叶片仅保留 1 头幼蚜 (将雌成蚜、其他孵化的幼蚜以及未孵化的卵移除)。每 12 h 观察幼蚜的发育情况, 同时记录发育历期 (幼蚜发育至前若蚜、后若蚜所需时间以及总的发育历期时长), 设置 30 个生物学重复 (5 株盆栽苗 $\times$ 6 张叶片)。待幼蚜发育至成蚜后, 每 12 h 记录 1 次产卵量, 并统计 F_1 代总的产卵量和成蚜寿命 2 项指标。同时, 将 10 粒第 1 次 (24 h 内) 新产的卵依次转移到叶盘 (用直径 5 cm 的打孔器制备叶盘) 上, 记录卵期 (F_2 代)。进一步根据上述数据计算对阿维菌素抗性和敏感的二斑叶蚜种群的生命表参数, 计算公式: 种群净生殖率 (R_0) = $\sum l_x m_x$; 平均世代周期 (T) = $\sum x l_x m_x / R_0$; 内禀增长率 (r_m) = $\ln R_0 / T$; 周限增长率 (λ) = e^{r_m} ; 种群加倍时间 (DT) = $\ln 2 / r_m$ 。式中, 种群净增殖率 (R_0) 表示雌成蚜个体在其一生中可以产生的后代总数; 内禀增长率 (r_m) 表示在理想条件下, 害蚜种群理论最大增长速率; 平均世代周期 (T) 为从卵孵化为幼蚜, 直至其发育为雌成蚜并能产生下一代幼蚜所需的平均时间; 周限增长率 (λ) 为单位时间内种群数量增长的倍数; 种群加倍时间 (DT) 为种群数量翻倍所需时间; x 为特定虫龄; l_x 为特定虫龄的存活率; m_x 为在 x 期间平均每头雌成蚜的产卵数。

1.2.2 二斑叶蚜在抗、感蚜木薯上的解毒酶活性 分别将 200 头阿维菌素抗性和敏感的二斑叶蚜雌成蚜接种至抗蚜木薯 C1115、感蚜木薯 SC205 和咫尺豇豆离体叶片上, 叶片置于吸满水的海绵上, 叶片四周边缘用吸水纸包裹以防止叶蚜逃逸。饲喂 48 h 后, 收集存活的二斑叶蚜进行 P450s、UGTs 和 GSTs 酶活分析。使用电动匀浆器, 将收集的二斑叶蚜样品在 1 mL PBS 缓冲液 (0.01 mol/L, pH 为 7.4) 中充分研磨, 并于 4°C , 1000 r/min 离心 5 min, 取上清, 置于 -20°C 保存, 备用。P450s、UGTs 和 GSTs 酶活测定参照购自上海酶联公司 (<https://www.mlbio.cn/>) 的试剂盒方法进行。每个处理设置 3 个生物学重复。

1.2.3 二斑叶蚜在抗、感蚜木薯上的解毒酶基因表达差异 二斑叶蚜在寄主上的饲喂方法与酶活分析相同 (1.2.2)。饲喂 48 h 后^[15], 收集存活的二斑叶蚜, 按照试剂盒方法提取总 RNA (Invitrogen PureLink RNA, ThermoFisher Scientific) 及 cDNA 第 1 链的合成 [ToloScript ALL-in-one RT EasyMix for qPCR (TOLOBIO)]。采用 qPCR 分析二斑叶蚜取食不同寄主后, 目前已报道的与阿维菌素抗性相关的 CYP450 基因 (*CYP389C10*、*CYP392A16*)、GSTs 基因 (*TuGSTd01*、*TuGSTm09*)、UGTs 基因 (*UGT201D3*、*UGT11*) (表 1) 的表达量变化。qPCR 的具体操作方法: cDNA 样品经 RNase-free ddH₂O 稀释 5 倍后作为 qPCR 模板, 以二斑叶蚜 β -actin 作为内参基因 (表 1)。qPCR 反应体系的配制参照 2 $\times$ Q3 SYBR qPCR Master Mix 试剂盒 (TOLOBIO, 中国)。qPCR 反应条件为: 95°C 预变性 30 s; 95°C 变性 10 s, 60°C 退火 30 s, 72°C 延伸 20 s, 40 次循环。使用 LightCycler[®] 96 仪器 (Roche, 瑞士) 以相同时间内抗性二斑叶蚜取食咫尺豇豆品种的基因表达量归一化设置为 1.0, 阿维菌素抗性、敏感二斑叶蚜品系取食抗蚜、感蚜木薯品种后相同基因的表达量以取食豇豆品种的基因表达量的相对倍数表示, 采用 $2^{-\Delta\Delta\text{CT}}$ 方法^[18]进行 qPCR 结果分析, 每个处理设置 3 个生物学重复, 每个生物学重复设置 3 个技术重复。

1.3 数据处理

使用统计学软件 DPS (V9.50) 的 Turkey's 多重比较法分析阿维菌素抗性、敏感二斑叶蚜品系取食不同寄主作物后发育繁殖相关指标、解毒代谢酶活性及抗药性相关解毒酶基因的表达差

表 1 与阿维菌素抗性相关的二斑叶螨解毒基因 qPCR 引物
Tab. 1 qPCR primers for detoxification genes associated with abamectin resistance in *T. urticae*

抗性基因 Resistance gene	序列 (5'-3') Sequence (5'-3')	退火温度 Tm/℃	产物大小 Product size/bp	参考文献 Reference
<i>CYP392A16</i>	F: GGAGGGAGGTTTCATTGGTG	57.0	146	[19]
	R: CAGGCTGAAAGAAGTGGGTC	57.0		
<i>CYP389C10</i>	F: ATGTTTCTCGATCATTTCAACGTAAG	56.8	62	[20]
	R: TTAATGCTTCAAAGTGTGAAAATTTGT	57.2		
<i>GSTd01</i>	F: TGAAAGGCGAACACTTACAACC	59.7	209	[7]
	R: TGAACCAAGTGTCCCAGTAAAGC	59.4		
<i>GSTm09</i>	F: CATTATCTGGCTCGTAAACAC	52.8	166	[21]
	R: AAGAATCCAAACCAAGTCG	52.3		
<i>UGT201D3</i>	F: CAAAAGACCGAGAAAGTTATGC	56.7	87	[8]
	R: CCTCAACACTTTTCAAGACGC	57.6		
<i>UGT11</i>	F: TGTATCCAAAGGTCCTCGTG	55.6	205	[22]
	R: TTGTGCATTGTCCAAACTGA	55.2		
<i>β-actin</i>	F: CCCTCCTTGTAGTTTCTGCTCT	57.4	202	[15]
	R: ACTAACGATGGGTCTGGTCC	56.1		

异。显著性水平 P 为 0.05。在进行解毒酶基因表达量分析时,以二斑叶螨取食豇豆后的表达量归一化处理为 1.0,其他处理下基因的表达量以相对取食豇豆时表达量的倍数表示。

2 结果与分析

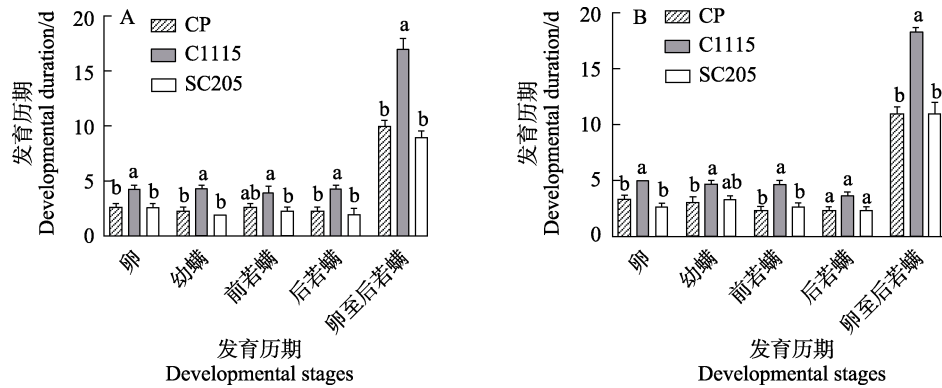
2.1 二斑叶螨取食抗、感螨木薯品种后的发育历期

由图 1 可知,对阿维菌素抗性和敏感的二斑叶螨取食适宜寄主豇豆时,其从卵至后若螨的发育历期分别为 10.00 d 和 11.00 d,与之相比,2 种害螨品系分别取食感螨木薯品种 SC205 时,其发育历期分别为 9.00 d 和 11.00 d,与取食豇豆相

比无显著差异。2 种害螨分别取食抗螨木薯品种 C1115 时,其发育历期则分别为 17.00 d 和 18.33 d,均显著长于取食豇豆和 SC205 (图 1)。结果表明,无论二斑叶螨是否形成抗药性,抗螨木薯品种 C1115 均能显著延长其发育历期。

2.2 二斑叶螨取食抗、感螨木薯品种后的生命表参数

由表 2 可知,AB-R 和 AB-S 取食其适宜寄主豇豆时,其净增殖率 (R_0)、内禀增长率 (r_m)、周限增长率 (λ)、平均世代周期 (T) 和种群加倍时间 (DT) 分别为 101.25 和 109.50、0.34 和 0.39、1.50 和 1.56、12.86 d 和 15.10 d、1.95 d 和 1.86 d,除 DT 外,2 个害螨品系间无显著差异。



A: AB-R; B: AB-S。不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)。
A: AB-R; B: AB-S. Different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$).

图 1 二斑叶螨取食抗、感螨木薯品种后的发育历期

Fig. 1 Developmental duration of *T. urticae* while fed on mite-resistant and mite-susceptible cassava cultivars

表 2 二斑叶螨取食抗、感螨木薯品种后的生命表参数
Tab. 2 Life table parameters of *T. urticae* while fed on mite-resistant and mite-susceptible cassava cultivars

害螨-寄主组合 Mite-host group	净增殖率 R_0	内禀增长率 r_m	周限增长率 λ	平均世代周期 T/d	种群加倍时间 DT/d
AB-R-CP	101.25±1.35 ^a	0.34±0.02 ^{ab}	1.50±0.04 ^a	12.86±0.56 ^c	1.95±0.02 ^d
AB-S-CP	109.50±3.75 ^a	0.39±0.02 ^a	1.56±0.07 ^a	15.10±0.59 ^c	1.86±0.02 ^c
AB-R-C1115	62.90±4.15 ^c	0.19±0.03 ^c	1.21±0.01 ^b	22.24±0.30 ^b	3.72±0.03 ^b
AB-S-C1115	57.05±2.83 ^c	0.16±0.02 ^c	1.17±0.01 ^b	25.59±0.65 ^a	4.39±0.03 ^a
AB-R-SC205	94.30±3.99 ^{ab}	0.35±0.01 ^{ab}	1.42±0.05 ^a	13.03±0.92 ^c	1.99±0.10 ^d
AB-S-SC205	92.00±2.29 ^{ab}	0.30±0.03 ^{ab}	1.35±0.01 ^a	15.06±0.45 ^c	2.31±0.10 ^c

注：不同小写字母表示差异显著（ $P<0.05$ ）。
Note: Different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$).

与取食豇豆相比，2 个害螨品系取食 SC205 后，上述种群生命表参数也无显著差异，而取食 C1115 后， R_0 、 r_m 和 λ 显著降低，分别为 62.92 和 57.05、0.19 和 0.16、1.21 和 1.17，而 T 和 DT 显著延长，分别为 22.24 d 和 25.59 d、3.72 d 和 4.39 d（表 2）。上述结果表明，抗螨木薯品种 C1115 能显著抑制 2 个害螨品系的种群增长，同时，二斑叶螨对阿维菌素产生抗性后，其在抗螨木薯上的种群增长有加速的趋势。

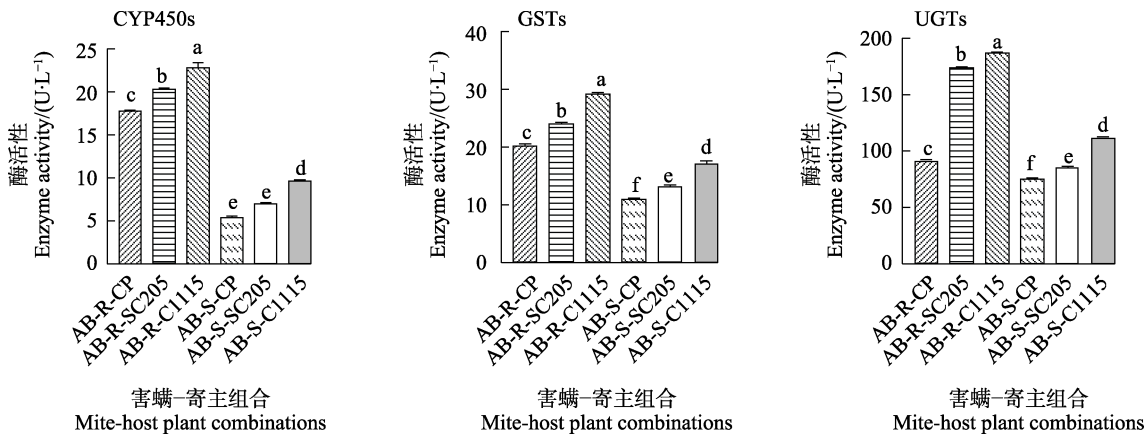
2.3 二斑叶螨取食抗、感螨木薯品种后的解毒酶活性

结果表明，二斑叶螨抗性品系和敏感品系取食不同寄主后，其解毒酶活性差异显著。AB-S 取食豇豆后，其 CYP450s 酶活性仅为 5.45 U/L，取食 SC205 后，酶活性显著升高至 7.10 U/L，而取食 C1115 后，酶活性达 9.69 U/L，显著高于取食豇豆和 SC205 的水平。AB-R 取食豇豆后，其酶活性高达 17.84 U/L，并且 AB-R 取食 SC205 和

C1115 后，酶活性依然显著上升，分别为 20.30、22.92 U/L。2 种品系取食不同寄主后 GSTs 和 UGTs 酶活性的变化趋势与 CYP450s 相似，即无论是 AB-R 或是 AB-S，其取食豇豆后 3 种解毒酶活性均最低，取食 C1115 后均最高，取食 SC205 后次之，并且同一种解毒酶在二斑叶螨取食 3 种不同寄主植物后均表现出显著差异（图 2）。

2.4 二斑叶螨取食抗、感螨木薯品种后的解毒酶基因表达量

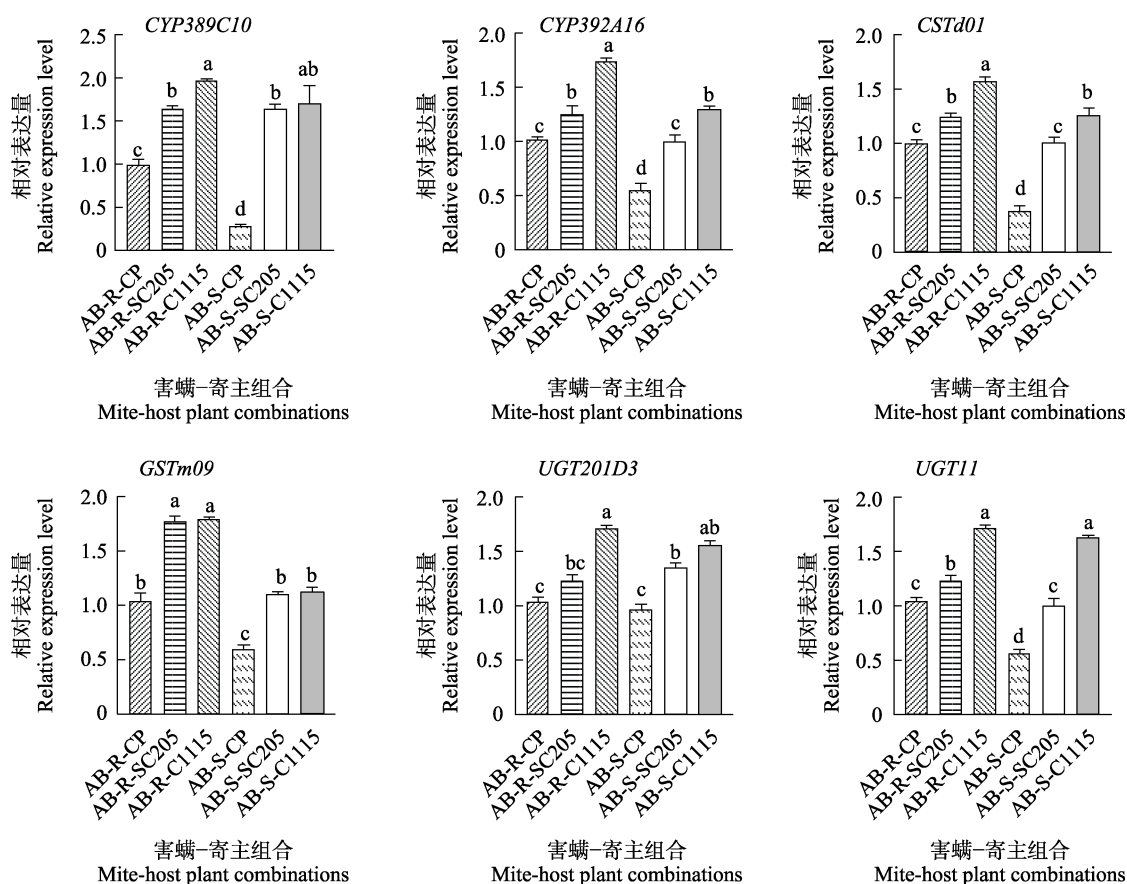
结果表明，与取食豇豆相比，2 个害螨品系取食抗螨（C1115）、感螨（SC205）木薯品种后，6 个解毒酶基因的表达量均显著提高。进一步比较 2 个害螨品系取食同种寄主后相同基因的表达量发现，AB-R 中的 *CYP392A16*、*GSTd01* 和 *GSTM09* 表达量显著高于 AB-S，而 *CYP389C10*、*UGT201D3* 和 *UGT11* 的表达量不存在显著差异（图 3）。结果表明，与取食豇豆相比，2 个害螨品系取食木薯后能够激活其解毒酶基因表达，此



不同小写字母表示差异显著（ $P<0.05$ ）。
Different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$).

图 2 二斑叶螨取食抗、感螨木薯品种后的解毒酶活性

Fig. 2 Detoxification enzyme activities of *T. urticae* while fed on mite-resistant and mite-susceptible cassava cultivars



不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

Different lowercase letters indicate significant difference ($P < 0.05$).

图 3 二斑叶螨取食抗、感螨木薯品种后的解毒酶基因表达量

Fig. 3 Transcriptions of detoxification genes of *T. urticae* while fed on mite-resistant and mite-susceptible cassava cultivars

外,相比于解毒酶活性较为一致的变化趋势,其编码基因的表达式差异更为复杂多变。

3 讨论

不同寄主对害虫发育繁殖及解毒代谢系统的影响具有显著差异。大量研究表明,害虫倾向于定殖在最适宜其发育繁殖的寄主上,而次生代谢物是驱动害虫与寄主协同进化的核心介质,其组成差异直接导致害虫发育与解毒系统的分化^[23]。CELORIO-MANCERA 等^[24]通过转录组分析发现,棉铃虫 (*Helicoverpa armigera*) 取食棉花后,特定解毒基因的上调表达随摄入棉酚浓度的升高而增强,以此应对棉酚的毒性,但当其取食不含棉酚的玉米、大豆后,这些解毒基因的表达无差异化,表明寄主次生物质的种类和浓度是调控害虫解毒基因表达的关键因素。类似地,课题组前期研究发现,抗螨木薯品种 C1115 能够显著抑制二斑叶螨的发育与繁殖,这与其叶片单宁^[25]、木

质素^[26]、绿原酸^[27]、亚麻苦苷^[28]等次生物质显著高于感螨木薯品种有关,这些高含量的次生物质导致害螨解毒代谢系统高负荷运转,可能导致其生殖能力下降。本研究,AB-R 取食抗螨木薯后,其解毒酶活性相较于 AB-S 提高更为显著,同时促进了种群增长(净增长率、内禀增长率提高,世代周期缩短)。因此,推测与阿维菌素形成的选择压力相比,抗螨木薯所含的次生物质对二斑叶螨的解毒代谢负担可能更小,害螨更容易适应。在抗虫水稻与抗性褐飞虱 (*Nilaparvata lugens*) 的互作研究中发现,抗性褐飞虱可有效解毒抗虫水稻的有毒次生物质,从而显著降低其控害效果^[13]。丁杰等^[29]用 5 种寄主连续饲养灰飞虱 (*Laodelphax striatellus* Fallén) 3 代后,灰飞虱对三氟苯嘧啶、吡虫啉、噻虫嗪和溴氰虫酰胺的敏感性均无显著差异,此外,取食稗草的灰飞虱体内酯酶 (ESTs) 和多功能氧化酶 (MFO) 的活性最高,取食水稻紫香糯 2315 的 GSTs 活性最高,表明取食不同寄

主植物可影响灰飞虱对杀虫剂的敏感性和体内解毒酶的活性。

害虫解毒基因功能分化与外源物质的类型和结构有关。一方面,同一解毒基因能够同时解毒次生物质和农药,例如,美洲棉铃虫[*Helicoverpa zea* (Boddie)]中的 *CYP321A1* 基因能够同时代谢呋喃香豆素以及杀虫剂溴氰菊酯^[30]。另有研究发现,通过基因编辑敲低棉铃虫 *CYP6AE* 基因,能够显著提高害虫对2种次生物质(花椒毒素和2-十三烷酮)以及2种杀虫剂(顺式氰戊菊酯和茚虫威)的敏感性^[31]。另一方面,负责次生物质和农药代谢的解毒基因具有分工上的差异。在草地贪夜蛾(*Spodoptera frugiperda* JE Smith)的研究中发现,来自 *CYP6B*、*CYP321A* 和 *CYP9A* 三个家族的 *P450* 基因更多参与次生物质的解毒,而来自于 *CYP9A* 家族的基因主要响应农药胁迫,并且二者几乎无交叉诱导的解毒基因^[32]。此外,相同解毒基因在农药解毒和防御寄主次生物质过程中发挥截然不同的功能。例如, LIN 等^[33]研究发现, *CYP4C61* 上的多个等位基因位点与其对抗虫水稻品种 IR36 的致害性表型变化显著相关,并且该基因受吡虫啉诱导表达,但是对于抗虫品种 IR36 的诱导无响应,表明该基因在田间褐飞虱种群中更可能受农药而非受抗虫水稻的选择。本研究发现,在取食抗、感螨木薯品种后 *CYP392A16*、*GSTd01*、*UGT11* 基因均能被显著诱导,并且在 AB-R 和 AB-S 中的表达模式具有一致性,而 *CYP389C10*、*GSTm09*、*UGT201D3* 的表达量在2种害螨取食抗、感木薯后无显著差异,这表明二斑叶螨在应对阿维菌素和木薯次生物质胁迫时,其解毒基因可能既有分工也有协同。

抗虫作物品种被抗药性害虫长期取食后,其防控效能可能降低,也可能继续维持,这取决于产生抗性的药剂种类及抗虫品种的抗虫机制^[34]。在抗吡虫啉褐飞虱与抗虫水稻的互作研究中发现,丙氨酸转氨酶(alanine aminotransferase, ALT)介导了抗性种群中丙氨酸向丙酮酸的转化,促进了脂肪体和卵巢的能量储备水平显著提高,这导致适应抗虫水稻的褐飞虱解毒能力的明显提高和生态适合度的恢复^[35]。然而,当抗虫品种的作用机制与化学农药不同时(抗虫品种可能通过产生 Bt 毒素或蛋白酶抑制剂抗虫,而农药可能为神经毒剂),害虫适应抗虫品种的过程不会直接增强农药抗性,尤其在无农药暴露的情况下,抗性基

因可能因随机遗传漂变或基因重组而逐渐稀释,因此,长期饲养于抗虫品种的害虫对农药的敏感性会逐渐恢复,这可能主要归因于适合度代价和农药选择压力的消失。然而,本研究仅短期观察了不同寄主对阿维菌素抗性和敏感二斑叶螨发育繁殖及解毒代谢的影响差异,尚无足够数据证实抗螨木薯品种在二斑叶螨抗药性治理中的适用性,未来研究应持续监测二斑叶螨在抗螨木薯品种上长期继代取食后的控害效果,以及对阿维菌素的敏感性变化,以期合理利用抗螨作物品种防治抗性害虫提供直接的理论依据。

参考文献

- [1] ADESANYA A W, LAVINE M D, MOURAL T W, LAVINE L C, ZHU F, WALSH D B. Mechanisms and management of acaricide resistance for *Tetranychus urticae* in agroecosystems[J]. Journal of Pest Science, 2021, 94(3): 639-663.
- [2] ZHANG Y, XU D D, ZHANG Y J, WU Q J, XIE W, GUO Z J, WANG S L. Frequencies and mechanisms of pesticide resistance in *Tetranychus urticae* field populations in China[J]. Insect Science, 2022, 29(3): 827-839.
- [3] LU W C, WANG M Y, XU Z F, SHEN G M, WEI P, LI M, REID W, HE L. Adaptation of acaricide stress facilitates *Tetranychus urticae* expanding against *Tetranychus cinnabarinus* in China[J]. Ecology and Evolution, 2017, 7(4): 1233-1249.
- [4] FERREIRA C B S, ANDRADE F H N, RODRIGUES A R S, SIQUEIRA H A A, GONDIM M G C. Resistance in field populations of *Tetranychus urticae* to acaricides and characterization of the inheritance of abamectin resistance[J]. Crop Protection, 2015, 67: 77-83.
- [5] XUE W X, SNOECK S, NJIRU C, INAK E, DERMAUW W, VAN LEEUWEN T. Geographical distribution and molecular insights into abamectin and milbemectin cross-resistance in European field populations of *Tetranychus urticae*[J]. Pest Management Science, 2020, 76(8): 2569-2581.
- [6] PAPAPOSTOLOU K M, RIGA M, SAMANTSIDIS G R, SKOUFA E, BALABANIDOU V, VAN LEEUWEN T, VONTAS J. Over-expression in cis of the midgut P450 *CYP392A16* contributes to abamectin resistance in *Tetranychus urticae*[J]. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 2022, 142: 103709.
- [7] DANESHIAN L, SCHLACHTER C, TIMMERS L F S M, RADFORD T, KAPINGIDZA B, DIAS T, LIESE J, SPEROTTO R A, GRBIC V, GRBIC M, CHRUSZCZ M. Delta class glutathione S-transferase (*TuGSTd01*) from the

- two-spotted spider mite *Tetranychus urticae* is inhibited by abamectin[J]. Pesticide Biochemistry and Physiology, 2021, 176: 104873.
- [8] HAO G F, CHEN Q, LIU Y, WU C L, AN X K, IJITI O G, LIANG X. Characterization of a uridine diphosphate (UDP)-glycosyltransferase gene associated with abamectin resistance in two-spotted spider mite, *Tetranychus urticae*[J]. Experimental and Applied Acarology, 2025, 94(4): 53.
- [9] WU M M, DONG R, ZHANG Y, LIAO H J, TIAN T, XU D D, ZHANG Y J, GUO Z J, WANG S L. Overexpression of *TuABCC4* is associated with abamectin resistance in *Tetranychus urticae* Koch[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2025, 24(6): 2299-2310.
- [10] ATTIA S, GRISSA K L, LOGNAY G, BITUME E, HANCE T, MAILLEUX A C. A review of the major biological approaches to control the worldwide pest *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae) with special reference to natural pesticides: biological approaches to control *Tetranychus urticae*[J]. Journal of Pest Science, 2013, 86(3): 361-386.
- [11] KSHATRIYA K, GERSHENZON J. Disarming the defenses: insect detoxification of plant defense-related specialized metabolites[J]. Current Opinion in Plant Biology, 2024, 81: 102577.
- [12] HEIDEL-FISCHER H M, VOGEL H. Molecular mechanisms of insect adaptation to plant secondary compounds[J]. Current Opinion in Insect Science, 2015, 8: 8-14.
- [13] PANG R, LI S H, CHEN W W, YUAN L Y, XIAO H X, XING K, LI Y F, ZHANG Z F, HE X L, ZHANG W Q. Insecticide resistance reduces the profitability of insect-resistant rice cultivars[J]. Journal of Advanced Research, 2024, 60: 1-12.
- [14] 郝桂锋, 刘迎, 伍春玲, 安兴奎, 陈青, 梁晓. 二斑叶螨对阿维菌素不同抗性水平与解毒酶的关系分析[J]. 热带作物学报, 2025, 46(2): 389-397.
- HAO G F, LIU Y, WU C L, AN X K, CHEN Q, LIANG X. Analysis of the relationship between abamectin resistance levels and detoxification enzymes of *Tetranychus urticae*[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2025, 46(2): 389-397. (in Chinese)
- [15] LIANG X, CHEN Q, LIU Y, WU C L, LI K M, WU M F, YAO X W, QIAO Y, ZHANG Y, GENG Y. Increased activities of peroxidase and polyphenol oxidase enhance cassava resistance to *Tetranychus urticae*[J]. Experimental and Applied Acarology, 2017, 71(3): 195-209.
- [16] 陈奕婷, 梁晓, 刘迎, 伍春玲, 娄永根, 陈青. 豇豆的抗蚜性鉴定及抗蚜防御机制初探[J]. 园艺学报, 2025, 52(7): 1926-1934.
- CHEN Y T, LIANG X, LIU Y, WU C L, LOU Y G, CHEN Q. Resistance identification of cowpea and preliminary study on defense mechanism against aphid[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2025, 52(7): 1926-1934. (in Chinese)
- [17] LIANG X, CHEN Q, LU H, WU C L, LU F P, TANG J H. Identification of cassava germplasms resistant to two-spotted spider mite in China: from greenhouse large-scale screening to field validation[J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 1054909.
- [18] LIVAK K J, SCHMITTGEN T D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method[J]. Methods, 2001, 25(4): 402-408.
- [19] RIGA M, TSAKIRELI D, ILIAS A, MOROU E, MYRIDAKIS A, STEPHANOU E G, NAUEN R, DERMAUW W, VAN LEEUWEN T, PAINE M, VONTAS J. Abamectin is metabolized by CYP392A16, a cytochrome P450 associated with high levels of acaricide resistance in *Tetranychus urticae*[J]. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 2014, 46: 43-53.
- [20] XU D D, ZHANG Y, ZHANG Y J, WU Q J, GUO Z J, XIE W, ZHOU X M, WANG S L. Transcriptome profiling and functional analysis suggest that the constitutive overexpression of four cytochrome P450s confers resistance to abamectin in *Tetranychus urticae* from China[J]. Pest Management Science, 2021, 77(3): 1204-1213.
- [21] PAVLIDI N, TSELIU V, RIGA M, NAUEN R, VAN LEEUWEN T, LABROU N E, VONTAS J. Functional characterization of glutathione S-transferases associated with insecticide resistance in *Tetranychus urticae*[J]. Pesticide Biochemistry and Physiology, 2015, 121: 53-60.
- [22] NJIRU C, XUE W X, DE ROUCK S, ALBA J M, KANT M R, CHRUSZC M, VANHOLME B, DERMAUW W, WYBOUW N, VAN LEEUWEN T. Intradial ring cleavage dioxygenases from herbivorous spider mites as a new detoxification enzyme family in animals[J]. BMC Biology, 2022, 20(1): 131.
- [23] YU Q Y, FANG S M, ZHANG Z, JIGGINS C D. The transcriptome response of *Heliconius melpomene* larvae to a novel host plant[J]. Molecular Ecology, 2016, 25(19): 4850-4865.
- [24] CELORIO-MANCERA M P, HECKEL D G, VOGEL H. Transcriptional analysis of physiological pathways in a generalist herbivore: responses to different host plants and plant structures by the cotton bollworm, *Helicoverpa armigera*[J]. Entomologia Experimentalis et Applicata, 2012, 144(1): 123-133.
- [25] CHEN Q, LIANG X, WU C L, LIU Y, LIU X Q, ZHAO H P, LI K M, CHEN S B, WANG H Y, HAN Z L, WU M F, YAO X W, SHUI J, QIAO Y, ZHAN X, ZHANG Y. Over-

- expression of leucoanthocyanidin reductase or anthocyanidin reductase elevates tannins content and confers cassava resistance to two-spotted spider mite[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 994866.
- [26] YAO X W, LIANG X, CHEN Q, LIU Y, WU C L, WU M F, SHUI J, QIAO Y, ZHANG Y, GENG Y. MePAL6 regulates lignin accumulation to shape cassava resistance against two-spotted spider mite[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 13: 1067695.
- [27] 乔阳. 黄酮合成通路相关基因在木薯抗二斑叶螨防御反应中的功能解析[D]. 海口: 海南大学, 2023.
QIAO Y. Functional analysis of flavonoid synthesis pathway genes in cassava's resistance *Tetranychus urticae*[D]. Hainan University, 2023. (in Chinese)
- [28] WU M F, LIANG X, LIU Y, WU C L, AN X K, ZHAO Z H, HAO G F, IJITI O G, LI Z H, CHEN Q. Mechanisms underlying the effects of cyanogenesis on development and reproduction of *Tetranychus urticae*: insights from enzyme activity and gene expression aspects[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2025, 290: 117523.
- [29] 丁杰, 温胜芳, 王雪婷, 薛燕楠, 张国福, 金岩, 夏晓明. 取食不同寄主植物的灰飞虱对药剂敏感性和解毒酶活性的影响[J]. *环境昆虫学报*, 2021, 43(2): 406-412.
DING J, WEN S F, WANG X T, XUE Y N, ZHANG G F, JIN Y, XIA X M. Effects of host plants on insecticide sensitivity and detoxification enzyme activities in *Laodelphax striatellus* (Hemiptera: Delphacidae)[J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2021, 43(2): 406-412. (in Chinese)
- [30] SASABE M, WEN Z M, BERENBAUM M R, SCHULER M A. Molecular analysis of CYP321A1, a novel cytochrome P450 involved in metabolism of plant allelochemicals (furanocoumarins) and insecticides (cypermethrin) in *Helicoverpa zea*[J]. *Gene*, 2004, 338(2): 163-175.
- [31] WANG H D, SHI Y, WANG L, LIU S, WU S W, YANG Y H, FEYEREISEN R, WU Y D. *CYP6AE* gene cluster knockout in *Helicoverpa armigera* reveals role in detoxification of phytochemicals and insecticides[J]. *Nature Communications*, 2018, 9(1): 4820.
- [32] GIRAUDO M, HILLIOU F, FRICAUX T, AUDANT P, FEYEREISEN R, LE GOFF G. Cytochrome P450s from the fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*): responses to plant allelochemicals and pesticides[J]. *Insect Molecular Biology*, 2015, 24(1): 115-128.
- [33] LIN K, YUE L, YUAN L Y, KANG K, ZHANG Y B, PANG R, ZHANG W Q. Alanine metabolism mediates energy allocation of the brown planthopper to adapt to resistant rice[J]. *Journal of Advanced Research*, 2025, 67: 25-41.
- [34] ALYOKHIN A, CHEN Y H. Adaptation to toxic hosts as a factor in the evolution of insecticide resistance[J]. *Current Opinion in Insect Science*, 2017, 21: 33-38.
- [35] CARRIÈRE Y, CRICKMORE N, TABASHNIK B E. Optimizing pyramided transgenic Bt crops for sustainable pest management[J]. *Nature Biotechnology*, 2015, 33(2): 161-168.