

姚 丽,禹 婷,秦 刚,等. 转双抗虫基因 741 杨树对节肢动物群落食物网的影响[J]. 江苏农业科学,2014,42(1):299-301.

转双抗虫基因 741 杨树对节肢动物群落食物网的影响

姚 丽¹,禹 婷¹,秦 刚¹,高宝嘉²

(1. 成都农业科技职业学院农学院园艺分院,四川成都 611130; 2. 河北北方学院,河北张家口 075000)

摘要:利用食物网理论,研究了转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落的食物网的构成和特征。结果表明,与未转抗虫基因 741 杨树的节肢动物群落(对照)相比,转双抗虫基因 741 杨树的节肢动物群落的营养层次多样性、物种多样性、网络复杂多样性和广义信息多样性均有所升高。说明,转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落稳定性优于未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落,转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落对来自外界干扰的抵抗力增强或者在群落受到干扰后恢复力增强。

关键词:转双抗虫基因;杨树;节肢动物;群落;食物网

中图分类号: S433 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2014)01-0299-03

杨树节肢动物群落是以杨树为中心的多种害虫、天敌、中性昆虫共存且通过营养取食关系组成的复杂的稳定的生态系统。转基因的插入,直接影响目标害虫种群,从而有可能通过营养关系影响群落中的其他种群,并最终导致整个生态系统稳定性的破坏。众多学者^[1-7]多采用 Shanner-Wiener 多样性指数反映群落稳定性,但该方法忽略了节肢动物群落不同物种的作用,以及同种内不同个体的差别和群落内营养的复杂性。而食物网直观地反映了群落中物种间的取食相互作用,定量地反映了群落结构的营养层次、物种数、均匀度和网络结构的复杂程度,因而更能从本质上反映群落复杂的构成和在一定程度上反映群落的稳定程度。故本试验研究转双抗

虫基因 741 杨树对杨树节肢动物群落食物网的影响,为进一步解释节肢动物群落稳定性的变化机制提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料及种植

转双抗虫基因 741 杨树高抗株系 Pb29 是河北农业大学林业资源与工程学院生物技术实验室和中国科学院合作,运用农杆菌介导法将 Bt 杀虫蛋白基因(*BtCryIIAc*)和慈菇蛋白酶抑制基因(*API*)同时转入优良毛白杨无性系 741 杨树,获得的转基因无性系^[8-9]。在河北省涿州国家务林场田间栽培试验林(经国家林业局生物基因工程安全委员会批准的大田释放地)种植未转抗虫基因 741 杨树(CK)和转双抗虫基因 741 杨树高抗株系 Pb29)。面积 50 hm²,树龄为 2~3 年生。四周种植黑杨作为隔离林带。整块试验地的自然条件和人为管理均一致。在整个试验阶段林地不做任何肥水及喷施农药管理。

1.2 调查方法

试验采用随机抽样的方法,对CK和高抗Pb29每次随机抽

收稿日期:2013-05-06

基金项目:国家自然科学基金(编号:30070626);转基因生物新品种培育重大科技专项(编号:2009ZX08011-027B)。

作者简介:姚 丽(1980—),女,硕士,讲师,主要从事昆虫学教学与研究工作。E-mail:625635315@qq.com。

通信作者:高宝嘉,教授,博士生导师。E-mail:baojiagao@163.com。

参考文献:

- [1] 黄巧娟,陈礼刚,蒋端生,等. 污水中解有机磷微生物的筛选[J]. 湖南人文科技学院学报,2012,4(2):80-82.
- [2] 叶志平,王凤英,何国伟. 改性沸石混合矿物对富营养化水中磷的吸附性能研究[J]. 华南师范大学学报:自然科学版,2011,5(2):91-96.
- [3] 宋海亮,吕锡武. 利用植物控制水体富营养化的研究与实践[J]. 安全与环境工程,2004,11(3):35-39.
- [4] 胡 萍,周 青. 太湖水体富营养化的植物修复[J]. 农业系统科学与综合研究,2008,24(4):447-451.
- [5] 潘继花,何 岩,邓 伟,等. 湿地对水中磷素净化作用的研究进展[J]. 生态环境,2004,13(1):102-104,108.
- [6] 叶琳琳,朱 燕,徐圣友. 微生物对巢湖沉积物生物可利用磷的稳定性影响[J]. 资源环境与工程,2007,21(3):339-343.
- [7] 韩志萍,胡晓斌,胡正海. 芦竹修复镉汞污染湿地的研究[J]. 应用生态学报,2005,16(5):945-950.
- [8] 耿 兵,张燕荣,王妮珊,等. 不同水生植物净化污染源水的试

- 验研究[J]. 农业环境科学学报,2011,30(3):548-553.
- [9] 胡开林,邓 柳,王丽风. 城市污水处理与受纳湖库水体富营养化成因分析[J]. 昆明理工大学学报:理工版,2004,29(4):168-172.
- [10] 冯 胜,秦伯强,高 光. 细菌群落结构对水体富营养化的响应[J]. 环境科学学报,2007,27(11):1823-1829.
- [11] 宋关玲,侯文华,汪群慧,等. 菌根真菌在控制湖泊面源污染的应用前景[J]. 东北农业大学学报,2005,36(1):124-128.
- [12] 纪荣平,吕锡武,李先宁. 富营养化水源水中臭味物质的去除技术[J]. 给水排水,2004,30(10):8-13.
- [13] 郑焕春,周 青. 微生物在富营养化水体生物修复中的作用[J]. 中国生态农业学报,2009,17(1):197-202.
- [14] 刘春光,邱金泉,王 雯,等. 富营养化湖泊治理中的生物操纵理论[J]. 农业环境科学学报,2004,23(1):198-201.
- [15] 王彦珍,韩士群,宋 伟,等. 植物与螺组合浮床对富营养化水体的净化效果[J]. 江苏农业学报,2011,27(2):295-300.
- [16] 王 琳,王迎春,李 季,等. 微生物菌剂处理富营养化景观水体的室内试验研究[J]. 农业环境科学学报,2007,26(1):88-91.

取 5 个样点,每样点随机抽取 2 株杨树。各处理从 4 月至 10 月每隔 5~10 d 调查 1 次,逐枝逐叶调查取样植株上所有节肢动物群落的种类和数量,并作详细记载,未知种类按统一标号编号进行记载。另外,各代鳞翅目害虫分别采集卵 50 粒和幼虫 10~20 头,在室内饲养观察其被寄生率和寄生蜂的种类和数量。

1.3 营养层的划分

参考吴进才等的方法^[10]把群落中的节肢动物分为:基位物种:不捕食或寄生其他物种,而被其他物种捕食或寄生的物种,主要是指一些植食性害虫和多种中性昆虫;中位物种:既捕食或寄生其他物种,又有可能被其他物种所捕食或寄生的物种,主要是小型捕食性节肢动物和寄生昆虫,如瓢虫、猎蝽、寄生蜂等;顶位物种:指捕食其他物种,而很少被其他物种所捕食,主要是一些食性凶狠,游走性强的大中型捕食者。

1.4 群落食物网结构的定量分析方法

应用赵志模等的广义信息多样性指数^[11]分析群落的食物网网络结构。

广义信息多样性指数: $H_G = - \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^{F_i} W_{ij} \lg W_{ijk}$

$$W_{ijk} = \frac{N_{ij} F_{ij} R_{ijk}}{\sum_{jk} N_{ij} F_{ij} R_{ijk}}$$

式中: N_{ij} 为第 i 层第 j 物种的数量; F_{ij} 为物种 N_{ij} 的营养渠道数; R_{ijk} 为物种 N_{ij} 第 k 渠道的重要值。

广义信息多样性指数可以分解为营养层次多样性、物种多样性和网络多样性:

营养层次多样性 $H_L = - \sum_i L_i \lg L_i$

式中: L_i 为群落第 i 层占整个群落的转化势率。

$$L_i = \frac{\sum_{jk} N_{ij} F_{ij} R_{ijk}}{\sum_{ijk} N_{ij} F_{ij} R_{ijk}}$$

物种多样性指数 $H_s = - \sum_i L_i \sum_j S_{ij} \lg S_{ij}$

式中: S_{ij} 为第 i 层第 j 物种占该层的转化势率。

$$S_{ij} = \frac{\sum_k N_{ij} F_{ij} R_{ijk}}{\sum_{jk} N_{ij} F_{ij} R_{ijk}}$$

网络多样性 $H_T = - \sum_i L_i \sum_j S_{ij} \sum_k T_{ijk} \lg T_{ijk}$

式中: T_{ijk} 为第 i 层第 j 物种第 k 渠道占该物种的转化势率。

$$T_{ijk} = \frac{N_{ij} F_{ijk} R_{ijk}}{\sum_k N_{ij} F_{ij} R_{ijk}}$$

在计算中,由于群落食物网渠道的重要值需要通过试验获得,故假定各渠道的重要值相等,即令 $R_{ijk} = 1$ 。

2 结果与分析

2.1 对节肢动物群落食物网基本特征的影响

食物网是多种生物及其取食关系的集合。把特定环境中收集到的一群生物,按其取食关系联系起来就可以得到群落的食物网结构图。无论是简单的还是复杂的食物网都有其最基本的特征,而这些最基本的特征可以反映出食物网结构的内部变化。

由表 1 可以看出,未转抗虫基因 741 杨树(CK)和转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落都是三维生态系统,即生态环境是立体的。在相同维数的生态系统中,相对稳定的环境下平均食物链长度更大。表 1 表明,未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落的食物链平均长度小于转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落。就营养物种数而言转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落比未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落低,表明营养物种数对食物链长度的影响不大。说明与未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落相比,转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落处于相对稳定的环境。

表 1 未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落和转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落食物网基本特征值

类型	平均食物链长	最大链长	营养物种数	生态系统维数
未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落	1.62	3	86	3
转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落	1.74	3	84	3

2.2 对节肢动物群落食物链的影响

由表 2 可以看出,就总链节数而言,未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落高于转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落,主要是由于作为目标害虫的寄生性天敌,在营养物种关系中位于中位物种,它的减少可直接影响转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落基-中链节数和中-顶链节数的下降。但基-顶链节数并没有变化,主要是基位物种中中性昆虫的增多,给顶位物种提供食料。就各链节数所占比例而言,与未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落相比,转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落的基-顶链节数所占比例上升,基-中链节数和中-顶链节数所占比例下降。说明,目标害虫寄生性天敌的减少,中性昆虫添补空缺,使顶位物种对基位物种的控制能力增强。

2.3 对节肢动物群落营养物种的影响

由表 3 可以看出,不论是未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落还是转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落都是基位物种数最多,其次为中位物种,顶位物种数最少;但未转抗虫基

表 2 未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落和转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落的链节数

项目	未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落		转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落	
	数量	比例	数量	比例
总链节数	119	1.000 0	116	1.000 0
基-中链节数	60	0.504 2	58	0.500 0
基-顶链节数	51	0.428 5	51	0.439 6
中-顶链节数	8	0.067 2	7	0.060 3

因 741 杨树节肢动物群落的总物种数、基位物种、中位物种数高于转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落。就物种数所占比例而言,与未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落相比,转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落的基位物种和顶位物种数占总物种数的比例高,中位物种数占总物种数的比例低。说明转双抗虫基因 741 杨树对食物网中中位物种的寄生性天敌影响最大。

表 3 未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落和转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落的营养物种数

项目	未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落		转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落	
	数量	比例	数量	比例
总物种数	86	1.000 0	84	1.000 0
基位物种	61	0.709 3	60	0.714 3
中位物种	14	0.162 7	13	0.154 7
顶位物种	11	0.127 9	11	0.140 0

2.4 节肢动物群落的广义信息多样性

未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落和转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落测定的广义信息多样性指数见表 4。

表 4 未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落和转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落的广义信息多样性指数

类型	H_L	H_S	H_T	H_C
未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落	0.211 6	0.696 7	0.415 6	1.323 9
转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落	0.237 4	0.698 3	0.432 6	1.368 3

3 讨论

转双抗虫基因 741 杨树中存在着众多数量的节肢动物,彼此间互相联系、互相制约形成特有的结构^[12-17]。转抗虫基因的插入使食物网基本特征营养物种数量的降低,说明其对目标害虫有较好的抗虫效果。但同时也对其所存在的食物网产生了影响,表现在转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落基-中链节数、中-顶链节数和中位物种的降低,主要是由于赖以目标害虫为主的寄生性天敌的减少;同时目标害虫的减少使得同样处于基位物种的中性昆虫数量的增加,从而基-顶链节数和顶位物种并没有受到影响,说明中性物种可以通过调节自身种群数量对中、顶位物种发挥效益,在整个节肢动物群落中有着重要的作用。蒋杰贤等^[18]研究结果也表明在节肢动物群落中天敌与中性类群在群落食物链中存在着捕食与被捕食关系,在某种程度上维系着节肢动物群落的稳定。

群落稳定性一直为群落生态学家所关注,对其表述及成因的解释也各不相同,大部分学者均是从物种数量和群落结构反映群落稳定性^[1-3,15,18-20]。本研究侧重物种在食物网中的地位和作用,从广义信息多样性以及营养层次多样性、物种多样性和网络多样性几个方面进行探讨,结果表明转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落与未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落相比,目标害虫数量的降低使物种分布更为均匀,顶位物种对基位物种和中位物种的控制能力更强,整个食物网络趋向复杂,群落受到扰动后的恢复力较强,群落也较稳定。

参考文献:

[1] 崔金杰,夏敬源. 转 *Bt* 基因棉 R93-4 对昆虫群落的影响[J]. 西南农业大学学报,1999,21(4):58-63.
[2] 崔金杰,夏敬源. 一熟转 *Bt* 基因棉田昆虫群落研究[J]. 西北农业大学学报,1999,27(6):28-32.
[3] 崔金杰,夏敬源. 转 *Bt* 基因棉对昆虫群落结构和组成的影响[J]. 河南农业大学学报,1999,33(4):342-345.
[4] 魏国树,张青文,崔 龙. 转基因棉田节肢动物群落结构特征研究[J]. 应用生态学报,2001,12(4):576-580.

表 4 表明,转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落的广义信息多样性指数高于未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落。进一步分析营养层次多样性、网络多样性和物种多样性可以看出,转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落在营养层次多样性、物种多样性和网络多样性等方面均高于未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落。说明转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落有利于复杂网络的形成;转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落在降低目标害虫数量的同时,群落内同一营养层和不同营养层的物种个体数量分布更均匀,均匀度的增加有利于物种多样性增加;转双抗虫基因 741 杨树节肢动物群落网络多样性的增加,说明该群落内优势种相对于未转抗虫基因 741 杨树节肢动物群落来说较少,营养渠道数较多。

[5] 闫亮珍,赵彩云,柳晓燕,等. 转 *Bt* 基因作物对植物-害虫-天敌食物链的影响[J]. 植物保护,2011,37(6):27-31,37.
[6] 肖能文,陈法军,吴 刚,等. 转基因作物对害虫和天敌影响的研究概况[J]. 安徽农业科学,2009,37(28):13781-13788.
[7] 薛 莹,张文国. 转基因植物的非靶标效应——以转 *Bt* 基因棉为例[J]. 中央民族大学:自然科学版,2008,17(S1):40-50.
[8] 郑均宝,王 峰,刘群录,等. 毛白杨转基因植株的研究[J]. 林业科学,1995,31(2):181-184.
[9] Tabshnik B E, Roush R T, Earle E D, et al. Resistance to *Bt* toxins [J]. Science, 2000, 28: 37-41.
[10] 吴进才,陆自强,杨金生,等. 稻田主要天敌的栖境生态位与捕食作用分析[J]. 昆虫学报,1993,36(3):323-331.
[11] 赵志模,郭依泉. 群落生态学原理和方法[M]. 重庆:科学技术文献出版社重庆分社,1990:147-164.
[12] Odum E P. Basic ecology [M]. Hiladelphia: Saunders Publishing, 1983:46-50.
[13] 黄衍章,江世宏,杨长举,等. 荔校园昆虫群落种类组成与营养结构分析[J]. 华中农业大学学报,2004,23(2):208-213.
[14] 周洪许,郭建英,万方浩. 转 *Cry1Ac + CpTI* 基因棉对棉田害虫及其天敌种群动态的影响[J]. 昆虫学报,2004,47(4):538-542.
[15] 郑建伟,黄大庄,张显国. 高速公路昆虫群落多样性和稳定性的研究[J]. 河北林果研究,2005,20(4):334-337.
[16] 刘立军,黄 毅,段妍惠,等. 转基因水稻表达的 *Bt* 蛋白对拟环纹豹蛛 (*Pardosa pseudoannulata*) 生长发育的影响[J]. 激光生物学报,2011,20(1):45-49.
[17] 李建峰,赵惠燕,杜 超,等. 猕猴桃园节肢动物群落演替的突变模型研究及稳定性分析[J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2012,40(10):135-140.
[18] 蒋杰贤,万年峰,季香云,等. 桃园生草对桃树节肢动物群落多样性与稳定性的影响[J]. 应用生态学报,2011,22(9):2303-2308.
[19] 冯明祥,王继青,张 涛,等. 农药对茶园节肢动物群落结构稳定性的影响[J]. 山东农业科学,2012,44(2):89-92.
[20] 赵爱玲,郝海娟,曹彦清,等. 不同管理方式下的枣园各功能团节肢动物群落多样性差异分析[J]. 山西农业科学,2011,39(2):152-155.