佛山市烟粉虱隐种类型鉴定、抗性水平及抗性机制分析

林晓涛 马艺嘉 阳柏顺 王依娜 谢薇薇 黄若菡 刘雅婷*

（佛山大学农业与生物工程学院，广东 佛山 528000）

摘要：为佛山市精准防控烟粉虱*Bemisia tabaci*，从佛山市5个区共采集10个烟粉虱田间种群，对其隐种类型进行鉴定，评估其中7个种群对阿维菌素、吡虫啉、吡蚜酮、氟吡呋喃酮、氟啶虫胺腈、噻虫嗪和烯啶虫胺7种常用杀虫剂的敏感性，并解析相关抗性分子机制。结果显示：在采集的10个烟粉虱田间种群中，6个为烟粉虱MEAM1隐种与MED隐种的混合种群，3个为纯MEAM1隐种种群，仅1个为纯MED隐种种群。7个烟粉虱田间种群对阿维菌素均表现敏感，5个烟粉虱田间种群已对吡虫啉产生高水平抗性；6个烟粉虱田间种群已对氟啶虫胺腈产生中等水平抗性、高水平抗性和极高水平抗性；6个烟粉虱田间种群对吡蚜酮为敏感、低水平抗性和中等水平抗性；6个烟粉虱田间种群对烯啶虫胺的抗性为低水平抗性和中等水平抗性；在6个烟粉虱田间种群中，仅XDNC种群对氟吡呋喃酮为敏感性下降，其他5个种群对氟吡呋喃酮均表现为中等水平抗性；6个烟粉虱田间种群对噻虫嗪的抗性差异明显。在烟粉虱噻虫嗪和吡虫啉高抗种群KXL中*CYP4C64*、*GST1*、*GST5*和*GST14*基因显著上调；在烟粉虱吡虫啉高抗种群ZBST中*GST5*、*GST14*、*UTG354A1*和*CYP6CM1*基因显著上调；在烟粉虱氟啶虫胺腈极高抗种群FKY中*CYP6CM1*、*GST5*和*GST14*基因显著上调。7个烟粉虱田间种群中*CYP4C64*抗性突变频率均低于50.0%，而6个种群的乙酰胆碱酯酶1（acetylcholinesterase 1，AChE1）基因均已出现100.0%纯合抗性点突变。综上所述，阿维菌素可作为佛山市烟粉虱防治的优先选择，而吡虫啉和氟啶虫胺腈需谨慎使用，其他4种杀虫剂应根据种群抗性水平差异化施用。

关键词：烟粉虱；隐种；抗药性；抗性监测；抗性机理

Identification of cryptic species types, resistance levels and resistance mechanism analysis of tobacco whitefly *Bemisia tabaci* in Foshan City

Lin Xiaotao Ma Yijia Yang Baishun Wang Yina Xie Weiwei Huang Ruohan Liu Yating*

（School of Agricultural and Biological Engineering, Foshan University, Foshan 528000, Guangdong Province, China）

Abstract: To provide a basis for the precise management of tobacco whitefly *Bemisia tabaci* in Foshan City, ten field populations of *B. tabaci* were collected from five districts in Foshan. The cryptic species composition was identified, the susceptibility of seven populations to seven commonly used insecticides, including abamectin, imidacloprid, pymetrozine, flupyradifurone, sulfoxaflor, thiamethoxam, and nitenpyram, was evaluated, and the associated molecular mechanisms of resistance were analyzed. The results showed that among the ten field populations of *B. tabaci* collected, six consisted of a mixed population of the Middle East−Asia Minor 1 (MEAM1) and Mediterranean (MED) cryptic species, three were pure MEAM1 populations, and only one was a pure MED population. All seven tested popu-

基金项目：国家自然科学基金项目（32102209）

* 通信作者（Author for correspondence），E-mail：liuyating@fosu.edu.cn

收稿日期：2026-05-24

lations were susceptible to abamectin. Five populations exhibited a high resistance to imidacloprid; six populations showed moderate, high, or extremely resistance to sulfoxaflor; six populations were classified as susceptible, low resistant, or moderately resistant to pymetrozine, and six populations exhibited low or moderate resistance to nitenpyram. Among six tested populations, only the XDNC population showed reduced susceptibility to flupyradifurone, whereas the remaining five populations showed moderate resistance. Considerable variation in resistance to thiamethoxam was observed among the six populations. In the KXL population, which showed high resistance to both thiamethoxam and imidacloprid, the expression levels of *CYP4C64*, *GST1*, *GST5*, and *GST14* were significantly upregulated. In the imidacloprid-resistance ZBST population, *GST5*, *GST14*, *UTG354A1*, and *CYP6CM1* were significantly upregulated. In the sulfoxaflor-resistant FKY population, *CYP6CM1*, *GST5*, and *GST14* were significantly upregulated. The frequency of resistance-associated mutations in *CYP4C64* was below 50.0% in all seven field populations, whereas a 100.0% homozygous resistance-associated point mutation was detected in the acetylcholinesterase 1 (*AChE1*) gene in six populations. In conclusion, abamectin may be a preferred option for the control of *B. tabaci* in Foshan, while imidacloprid and sulfoxaflor should be used cautiously. The remaining four insecticides should be applied according to the resistance status of local population.

Key words: *Bemisia tabaci*; cryptic species; insecticide resistance; resistance monitoring; resistance mechanism

烟粉虱 *Bemisia tabaci* 是全球最具破坏力的入侵物种之一，自20世纪80年代起在全球范围内暴发成灾。作为一个快速进化的复合种，烟粉虱拥有近40个形态上无法辨别但具有遗传多样性的隐种（Liu et al.，2012；Campbell et al.，2023）。在中国，中东–小亚细亚1型（Middle East-Asia Minor 1，MEAM1，原称B型）隐种和地中海型（Mediterranean，MED，原称Q型）隐种分布最广，为害最严重（Pan et al.，2011）。自20世纪90年代中后期传入中国后，烟粉虱MEAM1隐种曾一度成为田间优势种群（Rao et al.，2011）；而自2003年在云南省首次发现烟粉虱MED隐种以后，其迅速扩散并在多地取代MEAM1成为新的优势隐种（Chu et al.，2006；Zheng et al.，2017）。隐种间的竞争取代受气候适应性、寄主偏好性、共生菌互作及药剂选择压力等诸多因素影响，最终形成了烟粉虱隐种在全国范围内的动态分布格局。因此，持续进行烟粉虱田间隐种种群的动态监测是制订烟粉虱有效防控策略的重要基础。

烟粉虱通过水平基因转移获得植物源酚糖丙二酰基转移酶（phenolic glucoside malonyltransferase，PMaT）同源基因 *PMaT1*，利用它代谢植物的防御性物质酚糖，从而形成广泛的寄主适应性（Xia et al.，2021）。目前已报道的烟粉虱寄主植物超过600种，对农业生产构成严重威胁（Oliveira et al.，2001）。烟粉虱可直接刺吸植物汁液，导致叶片萎蔫、植株矮小，还可传播超过400种植物病毒，导致农作物减产甚至绝收（Jones，2003）。目前，化学防治仍是控制烟粉虱种群暴发的关键措施，常用药剂包括新烟碱类、昆虫生长调节剂、拟除虫菊酯类及阿维菌素等。然而，农药的过量使用与不合理施药导致烟粉虱抗药性迅速上升，田间普遍存在高水平抗性种群（谈星等，2021；尚昊培等，2023）。在害虫田间种群的抗性演化中，代谢抗性与靶标抗性是最常见的两种类型。代谢抗性由昆虫体内的解毒酶系统介导。已有大量研究证实解毒酶基因的过量表达与烟粉虱抗药性的产生显著相关。例如，细胞色素P450基因 *CYP6CM1* 和 *CYP4C64* 共同参与了田间烟粉虱对吡虫啉的抗性形成（Yang et al.，2013）；谷胱甘肽 *S*-转移酶（glutathione *S*-transferase，GST）也被证实参与了田间烟粉虱种群对噻虫嗪的抗性形成（Yang et al.，2016）。靶标抗性则由杀虫剂作用靶标的位点突变引起，在田间主要介导高水平抗性的产生。例如，Pym et al.（2023）研究发现烟粉虱 *CYP6CM1* 基因的单点突变可增强其对新烟碱类药剂的抗性；Tsagkarakou et al.（2009）报道钠离子通道上的L925I位点突变可显著提升烟粉虱对拟除虫菊酯和有机磷类杀虫剂的抗性水平；烟粉虱烟碱型乙酰胆碱受体（nicotinic acetylcholine receptor，nAChR）突变可介导其对新烟碱类杀虫剂的广谱抗性（Yin et al.，2024）。因此，明确烟粉虱抗药性现状，解析其抗药

性机制，对于制订科学合理的防控措施至关重要。

佛山市作为广东省重要的蔬菜与花卉产区，烟粉虱常年发生且药剂依赖度高，然而该市烟粉虱隐种组成、抗药性演变规律及抗药性机制尚不明确。为此，本研究系统监测佛山市烟粉虱的隐种类型与抗药性现状，并利用分子生物学技术解析其抗药性机制，以期为该地区烟粉虱的精准治理提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试虫源和植物：2022—2023年分别从佛山市5个区10个采样点采集烟粉虱田间种群，每个采样点常年施用化学药剂防治烟粉虱，具有一定的区域代表性。2022年6月自佛山大学仙溪校区甘蓝上采集烟粉虱成虫样本，命名为FKY种群；2022年10月自新地农场茄子上采集烟粉虱成虫样本，命名为XDNC种群；2022年10月自康喜莱蔬菜专业合作社番茄上采集烟粉虱成虫样本，命名为SCHZS种群；2022年11月自侨鑫生态园南瓜上采集烟粉虱成虫样本，命名为QXSTY种群。2023年3月自佛山大学仙溪校区北门大棚番茄上采集烟粉虱成虫样本，命名为FKYFQ种群；2023年4月自新天成香云纱现代农业生态园番茄上采集烟粉虱成虫样本，命名为XTC种群；2023年5月自康喜莱现代农业产业园黄瓜上采集烟粉虱成虫样本，命名为KXL种群；2023年10月自紫南力恒烧烤营地番茄上采集烟粉虱成虫样本，命名为ZNLH种群；2023年11月自佛山市植宝生态科技有限公司番茄上采集烟粉虱成虫样本，命名为ZBST种群；2023年12月自佛山众福达农业生态园番茄上采集烟粉虱成虫样本，命名为ZFD种群。所有成虫样本一部分直接用于生物测定，剩余样本经液氮速冻后，转移至−80 ℃超低温冰箱保存，用于隐种鉴定与抗性机理分析。室内敏感种群S-MED由中国农业科学院蔬菜花卉研究所昆虫课题组提供，该种群为MED隐种，长期继代饲养于棉花上，未接触过任何农药，每隔2~3代对种群进行分子鉴定以确保其隐种纯度。棉花品种为鲁棉研28号，种子由北京科力达神禾蔬菜研究所提供，盆栽，每盆1株，置于佛山大学仙溪校区B4楼阳台无虫笼中，待长至4~5片真叶时用来饲养试虫。甘蓝品种为京丰一号，种子来源于中蔬种业科技（北京）有限公司，种植于佛山大学仙溪校区北区蔬菜大棚中，于无农药环境培育至叶片成熟，用直径22 mm打孔器避开主叶脉打取叶碟，供试。

杀虫剂和试剂：5%阿维菌素（abamectin）乳油、25%吡蚜酮（pymetrozine）悬浮剂、30%噻虫嗪（thiamethoxam）悬浮剂，河北中保绿农作物科技有限公司；70%吡虫啉（imidacloprid）水分散粒剂、17%氟吡呋喃酮（flupyradifurone）可溶液剂，拜耳作物科学（中国）有限公司；22%氟啶虫胺腈（sulfoxaflor）悬浮剂，科迪华农业科技有限责任公司；20%烯啶虫胺（nitenpyram）可溶液剂，山东鑫星农药有限公司。SuperReal PreMix Plus（SYBR Green）试剂盒、TIANamp Genomic DNA Kit、2×*Taq* PCR MasterMix II、DNA Marker II，天根生化科技（北京）有限公司；Trizol试剂，美国Thermo Fisher公司；RT Reagent Kit with gDNA Eraser，日本TaKaRa公司；*Ase* I、*Bsr* I和*Dde* I限制性内切酶，美国NEB公司；其他试剂均为国产或者进口分析纯。

仪器：JXFSTPRP-CL全自动样品冷冻研磨仪，上海净信实业发展有限公司；GT9612型PCR仪，杭州柏恒科技有限公司；LightCycler 480 II型荧光定量PCR仪、NanoDrop One紫外分光光度计，美国赛默飞世尔科技公司；Universal Hood II电泳仪及凝胶成像系统，美国Bio-Rad公司；SPX-15013SH-II型恒温培养箱，上海新苗医疗器械制造有限公司。

1.2 方法

1.2.1 烟粉虱田间种群隐种类型鉴定及分布

采用mtDNA *COI*酶切法（Chu et al.，2005）对烟粉虱田间种群的隐种类型进行鉴定。每个烟粉虱田间种群随机选择1头成虫，按照TIANamp Genomic DNA Kit说明书提取总DNA，每个种群提取20头试虫。以此为模版，利用mtDNA *COI*基因片段引物C1-J-2195/R-BQ-2819（表1）（郑慧新，2021）进行PCR扩增。引物均由北京擎科生物科技股份有限公司合成。20 μL PCR反应体系：2×*Taq* PCR Mix 10 μL、上游引物Cl-J-2195 1 μL、下游引物R-BQ-2819 1 μL、DNA模板1 μL、ddH_2O 7 μL。PCR反应程序：94 ℃预变性7 min；95 ℃变性30 s，55 ℃退火30 s，72 ℃延伸1 min，循环35次；72 ℃终延伸7 min。PCR产物用*Ase* I限制性内切酶于37 ℃酶切2 h。酶切产物经1%琼脂糖凝胶电泳检测，并根据条带大小判断隐种类型。每个田间种群随机选取1~2头试虫的PCR产物送北京擎科生物科技股份有限公司测序验证。

1.2.2 烟粉虱田间种群对不同杀虫剂抗性水平的测定

采用浸叶琼脂保湿法测定ZNLH、ZBST、FKY、XDNC、XTC、QXSTY和KXL七个烟粉虱田间种群和1个室内敏感种群对阿维菌素、吡虫啉、吡蚜酮、

氟吡呋喃酮、氟啶虫胺腈、噻虫嗪和烯啶虫胺7种常用药剂的抗性水平。按预试验结果设计各药剂的系列浓度，用0.1‰ Triton X-100水溶液将7种常用药剂配制系列浓度药液，以0.1‰ Triton X-100水溶液处理为对照。将甘蓝叶碟分别于上述不同浓度的7种杀虫剂中浸泡10 s，取出后自然晾干，置于含2%琼脂、直径2.2 cm、高8.0 cm的玻璃管中。每管接入同种群的30~35头烟粉虱成虫（1个重复），管口用透气棉塞封口，每个种群每个浓度重复4次。玻璃管倒置于温度（26±1）℃、相对湿度（70±10）%、光周期16 L∶8 D的人工气候箱中培养，48 h后检查各处理试虫的死亡情况，记录死亡数量并计算死亡率。以虫体完全不动或仅附肢轻微颤动判定试虫死亡。采用Polo Plus 1.0软件计算毒力回归方程、半数致死浓度LC_{50}及95%置信限。根据LC_{50}计算抗性倍数。抗性倍数=药剂对田间种群的LC_{50}/药剂对敏感种群的LC_{50}。参照胡明鑫等（2023）标准划分抗性水平。抗性倍数<3.0为敏感；3.0≤抗性倍数<5.0为敏感性下降；5.0≤抗性倍数<10.0为低水平抗性；10.0≤抗性倍数<40.0为中等水平抗性；40.0≤抗性倍数<160.0为高水平抗性；抗性倍数≥160.0为极高水平抗性。

表1 本研究所用引物

Table 1 Primers used in this study

引物用途 Application	基因 Gene	引物名称 Primer name	引物序列（5′–3′） Primer sequence (5′–3′)	参考文献 Reference
隐种鉴定 Cryptic species identification	mtDNA *COI*	C1-J-2195	TTGATTTTTTGGTCATCCAGAAGT	郑慧新，2021 Zheng, 2021
		R-BQ-2819	CTGAATATCGRCGAGGCATTCC	
基因表达 Gene expression analysis	*ACTIN*	ACTIN-F	TCTTCCAGCCATCCTTCTTTG	Li et al., 2013
		ACTIN-R	CGGTGATTTCCTTCTGCATT	
	CYP6CM1	CYP6CM1-qF	CACTCTTTTGGATTTACTGC	Yang et al., 2013
		CYP6CM1-qR	GTGAAGCTGCCTCTTTAATG	
	CYP4C64	CYP4C64-qF	TCGGATTACGTCAGAGCTATTTAC	
		CYP4C64-qR	GTGGAGCACGCTTAGACA	
	GST1	GST1-qF	CCAGTCGGTTTTCGGCCTCTT	Yang et al., 2016
		GST1-qR	CGTTTCATCTTTGCTTATGCCA	
	GST5	GST5-qF	GCGACAAGCCATTTCAACCT	
		GST5-qR	TTTGCTTCTCCAATCGCTCC	
	GST14	GST14-qF	AGATCCCGAAGAACTTACCTG	
		GST14-qR	ACTTGTCGTACCAACGGCTG	
	UGT354A1	UGT354A1-qF	TTGTGGAAATACGAAGATGAGACG	杜田华等, 2022 Du et al., 2022
		UGT354A1-qR	CCGTTGTAAAGTGACTCTTGTGTGC	
基因突变 Mutation detection	*CYP4C64*	CYP4C64-F	ATCGATCGGAAATTCGGGGCTGA	Yang et al., 2021
		CYP4C64-R	TTTGATGGAATTTTTTCCCGGTCATGC	
	AchE1	BtAchE1-F	TAGGGATCTGCGACTTCCC	Tsagkarakou et al., 2009
		BtAchE1-R	GTTCAGCCAGTCCGTGTACT	
	Kdr	BtKdr-F	GCCAAATCCTGGCCAACT	
		BtKdr-R	GAGACAAAAGTCCTGTAGC	

1.2.3 烟粉虱田间种群抗性相关基因表达分析

采用Trizol法提取7个烟粉虱田间种群和1个室内敏感种群的总RNA，按照RT Reagent Kit with gDNA Eraser说明书反转录合成cDNA。*CYP4C64*、*CYP6CM1*、*GST1*、*GST5*、*GST14*和*UTG354A1*基因引物分别为CYP4C64-qF/CYP4C64-qR（Yang et al.，2013）、CYP6CM1-qF/CYP6CM1-qR（Yang et al.，2013）、GST1-qF/GST1-qR（Yang et al.，2016）、GST5-qF/GST5-qR（Yang et al.，2016）、GST14-qF/GST14-qR（Yang et al.，2016）和UGT354A1-qF/UGT354A1-qR（杜田华等，2022）（表1）。以*ACTIN*为内参基因，按照SuperReal PreMix Plus（SYBR Green）试剂盒说明书，采用实时荧光定量PCR（real-time fluorescent quantitative PCR，RT-qPCR）技术检测抗性相关基因

CYP4C64、*CYP6CM1*、*GST1*、*GST5*、*GST14* 和 *UTG354A1* 的相对表达量。20 μL RT-qPCR 反应体系：2×SuperReal PreMix Plus 10 μL、上下游引物各 0.5 μL、cDNA 模板 1 μL、ddH_2O 8 μL。RT-qPCR 反应程序：95 ℃预变性 15 min；95 ℃变性 10 s，60 ℃退火 20 s，72 ℃延伸 20 s，循环 45 次。采用 $2^{-\Delta\Delta CT}$ 法计算目的基因的相对表达量（Livak & Schmittgen，2001）。

1.2.4 烟粉虱田间种群基因突变分析

ZNLH、ZBST、FKY、XDNC、XTC、QXSTY 和 KXL 七个烟粉虱田间种群各选择 1 头成虫，按照 TIANamp Genomic DNA Kit 说明书提取基因组 DNA。乙酰胆碱酯酶 1（acetylcholinesterase 1，AChE1）基因的 F331W 位点突变是介导有机磷类杀虫剂抗性的重要分子标志；钠离子通道 L925I 位点突变是烟粉虱对拟除虫菊酯类杀虫剂产生靶标抗性的关键指标；而 *CYP4C64* 作为代谢抗性相关基因，其突变分析可从解毒代谢角度补充评估抗性风险。因此，本研究分别对每个烟粉虱田间种群的 *CYP4C64* 基因突变、*AChE1* 基因的 F331W 位点突变和钠离子通道基因的 L925I 位点突变进行分析。每个烟粉虱田间种群选取 20 头成虫进行基因型检测与突变频率分析。参照 Yang et al.（2021）方法采用 PCR 扩增和测序比对检测 *CYP4C64* 基因 5′ UTR 区域的 T32A 抗性突变位点的突变频率。*CYP4C64* 基因 5′ UTR 区域的扩增引物为 CYP4C64-F/CYP4C64-R（Yang et al.，2021）（表 1）。25 μL PCR 反应体系：2×*Taq* PCR Mix 12.5 μL、上下游引物各 0.5 μL、DNA 模板 1 μL、ddH_2O 10.5 μL。PCR 反应程序：95 ℃预变性 2 min；95 ℃变性 30 s，60 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 30 s，34 次循环；72 ℃终延伸 5 min。参照 Tsagkarakou et al.（2009）方法对 *AChE1* 基因的 F331W 位点突变和钠离子通道基因的 L925I 位点突变进行分析。分别采用 *Bsr* I 和 *Dde* I 限制性内切酶对 PCR 产物进行酶切，经 1% 琼脂糖凝胶电泳分析基因型，计算等位基因的突变频率。*AChE1* 基因的 F331W 位点突变和钠离子通道基因的 L925I 位点突变的引物分别为 BtAchE1-F/BtAChE1-R（Tsagkarakou et al.，2009）和 BtKdr-F/BtKdr-R（Tsagkarakou et al.，2009）（表 1）。25 μL PCR 反应体系：2×*Taq* PCR Mix 12.5 μL、上下游引物各 0.5 μL、DNA 模板 1 μL、ddH_2O 10.5 μL。PCR 反应程序：94 ℃预变性 5 min；95 ℃变性 30 s，60 ℃退火 30 s（每个循环下降 1 ℃，降至 51 ℃），10 次循环，72 ℃延伸 30 s；94 ℃变性 30 s，50 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 30 s，25 次循环；72 ℃终延伸 10 min。

1.3 数据分析

采用 SPSS 20.0 软件对数据进行单因素方差分析，应用 Duncan 氏新复极差法进行差异显著性检验。

2 结果与分析

2.1 烟粉虱田间种群隐种类型及分布

在佛山市 10 个烟粉虱田间种群中，ZNLH、ZFD、FKYFQ、XDNC、XTC 和 SCHZS 这 6 个种群为烟粉虱 MEAM1 隐种与 MED 隐种的混合种群，ZBST、FKY、QXSTY 三个种群均为烟粉虱 MEAM1 隐种，KXL 种群为烟粉虱 MED 隐种（表 2）。烟粉虱 MEAM1 隐种在佛山市多地占据优势，其中在 ZFD 和 FKYFQ 种群中 MEAM1 隐种占比达 95.0%，在 ZNLH 种群中 MEAM1 隐种占比为 60.0%；在 XDNC 和 XTC 种群中 MED 隐种占比达 90.0%，推测与当地施药类型及植物种类有关（表 2）。综上，佛山市烟粉虱田间种群以 MEAM1 隐种和 MED 隐种混合发生为主，且 MEAM1 隐种为当地优势隐种。

表 2 佛山市烟粉虱田间种群的隐种类型及分布

Table 2 Cryptic species composition and distribution of field population of *Bemisia tabaci* in Foshan City

种群名称 Population	隐种比例 Cryptic species composition/%	
	MEAM1	MED
ZNLH	60.0	40.0
ZBST	100.0	0.0
ZFD	95.0	5.0
FKY	100.0	0.0
FKYFQ	95.0	5.0
XDNC	10.0	90.0
XTC	10.0	90.0
QXSTY	100.0	0.0
SCHZS	35.0	65.0
KXL	0.0	100.0

2.2 烟粉虱田间种群对不同杀虫剂的抗性水平

7 个烟粉虱田间种群对阿维菌素均表现敏感，LC_{50} 介于 0.05~0.52 mg/L 之间，远低于田间推荐剂量（3.3~5.0 mg/L）（表 3）。5 个烟粉虱田间种群已对吡虫啉产生高水平抗性，其中 XTC 和 ZBST 种群对吡虫啉的抗性倍数接近 100.00 倍，分别为 99.77 倍和 96.53 倍（表 3）。6 个烟粉虱田间种群对氟啶虫胺腈为中等水平抗性和高水平抗性，其中 FKY 种群已对氟啶虫胺腈产生极高水平抗性，抗性倍数为 296.36 倍；KXL 种群对氟啶虫胺腈的抗性倍数达 158.95 倍，接

近极高水平抗性(表3)。6个烟粉虱田间种群对吡蚜酮为敏感、低水平抗性和中等水平抗性,其中XTC种群和KXL种群对吡蚜酮为中等水平抗性,抗性倍数分别为19.85倍和22.56倍(表3)。6个烟粉虱田间种群对烯啶虫胺产生低水平抗性和中等水平抗性,其中XTC种群和KXL种群对烯啶虫胺为低水平抗性,抗性倍数分别为7.99倍和9.25倍(表3)。在6个烟粉虱田间种群中,仅XDNC种群对氟吡呋喃酮为敏感性下降,抗性倍数为3.27倍;其他5个种群对氟吡呋喃酮均表现为中等水平抗性,抗性倍数介于10.08~23.60倍之间(表3)。6个烟粉虱田间种群对噻虫嗪的抗性差异明显,其中XDNC种群对噻虫嗪为敏感水平,KXL种群则对噻虫嗪表现为高水平抗性,抗性倍数为59.43倍(表3)。综上所述,阿维菌素可作为佛山市烟粉虱防治的优先选择,而吡虫啉和氟啶虫胺腈需谨慎使用,其他4种杀虫剂应根据种群抗性水平差异化施用。

表3 佛山市烟粉虱田间种群对不同杀虫剂的抗性水平

Table 3 Resistance levels of field population of *Bemisia tabaci* from Foshan City to different insecticides

杀虫剂 Insecticide	种群 Population	LC_{50}/(mg/L)	95%置信限 95% confidence limits/(mg/L)	斜率±标准差 Slope±SE	χ^2	*P*	抗性倍数 Resistance ratio	抗性水平 Resistant level
阿维菌素 Abamectin	S-MED	0.24	0.20−0.30	1.79±0.17	2.37	0.50	1.00	
	ZNLH	0.24	0.21−0.27	2.63±0.21	1.07	0.78	0.99	S
	ZBST	0.05	0.04−0.06	1.71±0.16	1.70	0.64	0.20	S
	FKY	0.09	0.08−0.10	2.25±0.18	1.51	0.68	0.37	S
	XDNC	0.37	0.23−0.54	1.53±0.18	4.36	0.22	1.54	S
	XTC	0.40	0.33−0.47	1.58±0.18	0.40	0.94	1.66	S
	QXSTY	0.12	0.10−0.14	1.76±0.17	1.11	0.77	0.49	S
	KXL	0.52	0.45−0.61	2.02±0.17	2.76	0.43	2.17	S
吡虫啉 Imidacloprid	S-MED	14.66	6.58−22.81	0.76±0.14	1.04	0.79	1.00	
	ZNLH	1 292.95	953.95−2 022.23	1.05±0.15	0.09	0.99	88.18	HR
	ZBST	1 415.42	1 051.55−2 029.62	0.89±0.14	0.83	0.84	96.53	HR
	FKY	126.80	8.31−296.89	0.52±0.15	0.12	0.99	8.65	LR
	XDNC	114.97	51.91−179.55	0.86±0.15	1.80	0.62	7.84	LR
	XTC	1 462.89	937.30−2 091.33	0.75±0.14	0.56	0.91	99.77	HR
	QXSTY	643.73	508.88−830.09	1.25±0.16	1.67	0.64	43.90	HR
	KXL	1 077.08	798.52−1 475.06	0.93±0.14	1.43	0.70	73.46	HR
吡蚜酮 Pymetrozine	S-MED	88.36	69.60−119.28	1.19±0.15	1.68	0.64	1.00	
	ZNLH	554.22	270.73−1 208.10	0.43±0.13	0.50	0.92	6.27	LR
	ZBST	164.76	43.19−289.38	0.55±0.14	1.04	0.79	1.86	S
	FKY	221.60	137.41−338.10	0.65±0.14	2.95	0.40	2.51	S
	XDNC	147.96	102.74−264.64	0.82±0.14	1.19	0.76	1.67	S
	XTC	1 753.70	788.30−61 916.11	0.45±0.16	0.43	0.93	19.85	MR
	KXL	1 993.10	1 275.09−4 480.62	0.82±0.15	0.75	0.86	22.56	MR
氟吡呋喃酮 Flupyradifurone	S-MED	20.85	14.86−29.53	0.83±0.14	1.89	0.59	1.00	
	ZNLH	210.14	175.77−258.42	1.62±0.16	1.74	0.63	10.08	MR
	ZBST	308.11	245.31−367.55	2.14±0.22	2.28	0.52	14.78	MR
	FKY	354.72	292.56−422.79	1.67±0.17	1.77	0.62	17.01	MR
	XDNC	68.27	39.19−97.09	0.90±0.14	0.53	0.91	3.27	DS
	XTC	249.53	181.80−353.14	0.98±0.16	0.35	0.95	11.97	MR
	KXL	491.98	376.84−645.35	1.06±0.15	0.59	0.90	23.60	MR

续表3 Continued

杀虫剂 Insecticide	种群 Population	LC_{50}/(mg/L)	95%置信限 95% confidence limits/(mg/L)	斜率±标准差 Slope±SE	χ^2	*P*	抗性倍数 Resistance ratio	抗性水平 Resistant level
氟啶虫胺腈 Sulfoxaflor	S-MED	4.29	2.90−6.11	1.45±0.16	3.63	0.30	1.00	
	ZNLH	169.38	112.86−341.64	0.80±0.14	0.20	0.98	39.50	MR
	ZBST	142.30	119.76−172.03	1.72±0.17	0.44	0.93	33.18	MR
	FKY	1 270.79	666.19−7 945.92	0.47±0.14	0.08	0.99	296.36	EHR
	XDNC	156.97	119.55−214.53	0.99±0.15	1.99	0.58	36.61	MR
	XTC	286.53	223.62−361.14	1.41±0.18	0.22	0.97	66.82	HR
	KXL	681.60	447.03−1 453.62	0.78±0.16	1.45	0.69	158.95	HR
噻虫嗪 Thiamethoxam	S-MED	175.44	138.37−236.11	1.21±0.15	1.72	0.63	1.00	
	ZNLH	3 028.67	1 659.42−11 264.20	0.69±0.15	0.36	0.95	17.26	MR
	ZBST	3 695.61	2 879.89−5 087.04	1.11±0.14	1.96	0.58	21.07	MR
	FKY	657.63	489.96−837.94	1.18±0.15	0.31	0.96	3.75	DS
	XDNC	101.77	55.261−148.35	1.14±0.17	2.00	0.57	0.58	S
	XTC	6 301.24	3 532.60−21 077.56	0.83±0.17	0.89	0.83	35.92	MR
	KXL	10 426.87	6 495.20−26 318.95	0.69±0.14	1.09	0.78	59.43	HR
烯啶虫胺 Nitenpyram	S-MED	6.88	5.52−8.83	1.27±0.15	0.50	0.92	1.00	
	ZNLH	139.13	107.50−173.46	1.18±0.14	0.27	0.97	20.23	MR
	ZBST	93.74	77.66−111.58	1.69±0.17	1.11	0.77	13.63	MR
	FKY	264.41	205.85−361.28	1.18±0.16	1.50	0.68	38.45	MR
	XDNC	179.46	113.86−244.96	0.93±0.14	0.12	0.99	26.10	MR
	XTC	54.92	33.49−86.00	0.63±0.14	1.75	0.63	7.99	LR
	KXL	63.61	48.70−79.98	1.21±0.15	0.54	0.91	9.25	LR

S：敏感；DS：敏感性下降；LR：低水平抗性；MR：中等水平抗性；HR：高水平抗性；EHR：极高水平抗性。S: Susceptible; DS: decreased susceptible; LR: low resistance; MR: moderate resistance; HR: high resistance; EHR: extremely high resistance.

2.3 烟粉虱田间种群抗性相关基因的表达

对噻虫嗪和吡虫啉均表现为高水平抗性的烟粉虱KXL种群体内*CYP4C64*、*GST1*、*GST5*和*GST14*基因的相对表达量较室内敏感种群显著上调（$P<0.05$），推测烟粉虱KXL种群对噻虫嗪和吡虫啉产生抗性，可能与这些基因的高表达有关（图1）。同样，对吡虫啉产生高水平抗性的烟粉虱ZBST种群体内*GST5*和*GST14*基因的相对表达量也显著高于室内敏感种群（$P<0.05$）；此外，烟粉虱ZBST种群体内*UTG354A1*和*CYP6CM1*基因的相对表达量显著高于室内敏感种群（$P<0.05$），分别为室内敏感种群的8.21倍和6.16倍（$P<0.05$），表明这些基因可能共同参与ZBST种群对吡虫啉的抗性形成（图1）。对氟啶虫胺腈产生极高水平抗性的FKY种群体内*CYP6CM1*、*GST5*和*GST14*基因的相对表达量显著高于室内敏感种群（$P<0.05$），分别为室内敏感种群的11.93倍、11.27倍和24.02倍（图1），表明这3个抗性基因可能参与FKY种群的抗性形成。

2.4 烟粉虱田间种群抗性相关基因的突变

7个烟粉虱田间种群*CYP4C64*基因第32位碱基的突变频率介于0.0~40.0%之间，均小于50.0%，其中ZNLH、ZBST和QXSTY种群*CYP4C64*基因第32位碱基的突变频率为0.0（表4）。7个烟粉虱田间种群中普遍存在*AChE1*基因的F331W位点突变。除ZNLH种群*AChE1*基因F331W位点的突变频率为87.5%外，其余6个种群*AChE1*基因F331W位点的突变频率均为100.0%，即为纯合抗性基因型（表4）。7个烟粉虱田间种群中钠离子通道基因L925I位点的突变频率差异较大，其中FKY种群和QXSTY种群中钠离子通道基因L925I位点的突变频率均为100.0%，ZBST种群中钠离子通道基因L925I位点的突变频率为92.5%，而KXL种群中钠离子通道基因L925I位点的突变频率仅为45.0%（表4）。

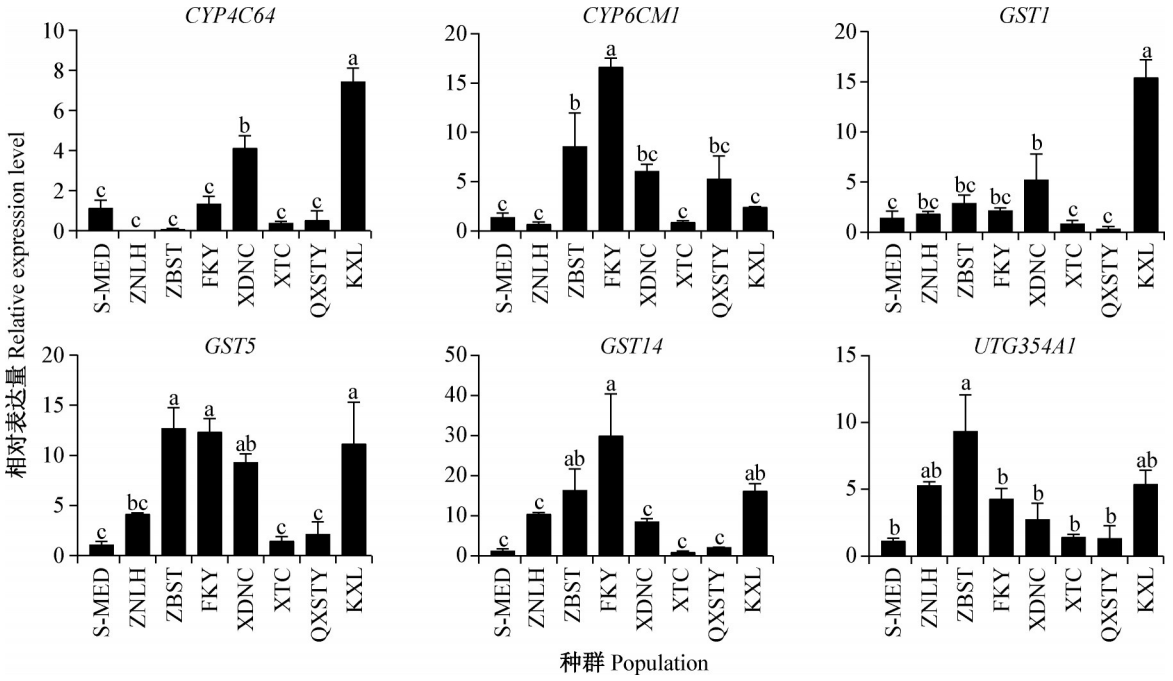


图1 佛山市烟粉虱田间种群体内抗性基因的相对表达量

Fig. 1 Relative expression levels of resistance-related genes in field populations of *Bemisia tabaci* from Foshan City

图中数据为平均数±标准误。不同小写字母表示经Duncan氏新复极差法检验差异显著(P<0.05)。Data are mean±SE. Different lowercase letters indicate significant differences among treatments according to Duncan's new multiple range test (P<0.05).

表4 佛山市烟粉虱田间种群中*CYP4C64*抗性基因、*AChE1*基因F331W位点和钠离子通道基因L925I位点的突变情况

Table 4 Mutation frequencies of the resistance-associated *CYP4C64* gene, the F331W mutation in *AChE1*, and the L925I mutation in the sodium channel gene in field populations of *Bemisia tabaci* from Foshan City

种群 Population	隐种 Cryptic species	*CYP4C64*抗性基因 Resistance gene *CYP4C64*		F331W位点 F331W site					
		检测数量 No.examined	突变频率 Mutation frequency/%	检测数量 No. examined	等位基因类型 Allele type			等位基因频率 Allele frequency/%	
					RR	RS	SS	R	S
ZNLH	MEAM1/MED	20	0.0	20	16	3	1	87.5	12.5
ZBST	MEAM1	20	0.0	20	20	0	0	100.0	0.0
FKY	MEAM1	20	15.0	20	20	0	0	100.0	0.0
XDNC	MEAM1/MED	20	30.0	20	20	0	0	100.0	0.0
XTC	MEAM1/MED	20	40.0	20	20	0	0	100.0	0.0
QXSTY	MEAM1	20	0.0	20	20	0	0	100.0	0.0
KXL	MED	20	25.0	20	20	0	0	100.0	0.0

种群 Population	隐种 Cryptic species	L925I位点 L925I site					
		检测数量 No. examined	等位基因类型 Allele type			等位基因频率 Allele frequency/%	
			RR	RS	SS	R	S
ZNLH	MEAM1/MED	20	11	7	2	72.5	27.5
ZBST	MEAM1	20	17	3	0	92.5	7.5
FKY	MEAM1	20	20	0	0	100.0	0.0
XDNC	MEAM1/MED	20	4	13	3	52.5	47.5
XTC	MEAM1/MED	20	6	8	6	50.0	50.0
QXSTY	MEAM1	20	20	0	0	100.0	0.0
KXL	MED	20	2	14	4	45.0	55.0

3 讨论

烟粉虱的隐种变化是一个动态发展的过程，短短十几年MEAM1和MED两种入侵隐种在田间分布就发生了根本性转变。目前，烟粉虱MED隐种已在中国大部分地区广泛分布，而烟粉虱MEAM1隐种则相对集中分布在长江流域、东南沿海及云南省（Zheng et al.，2017；2021）。林晓涛等（2023）对佛山市田间烟粉虱的系统监测结果显示，三水区种群为单一MED隐种，禅城区、南海区和顺德区为MED隐种和MEAM1隐种的混合种群。本研究结果显示佛山市田间烟粉虱以MEAM1隐种和MED隐种混合发生为主，且MEAM1隐种为优势隐种。这与全国大多数地区烟粉虱MED隐种占绝对优势的结果不同。造成这种地域性差异的原因是多方面的。第一、气候适应性。佛山市地处亚热带季风气候区，夏季高温高湿，而烟粉虱MEAM1隐种对高温的耐受性显著强于MED隐种（Liu et al.，2020），更适应本地气候条件。第二、寄主偏好性。佛山市种植作物以瓜类、十字花科蔬菜为主，烟粉虱MEAM1隐种在甘蓝等寄主上的适合度高于烟粉虱MED隐种（Jiao et al.，2013），这为其种群扩张提供了生态基础。第三、杀虫剂选择压力。在无药剂干扰下，烟粉虱MEAM1隐种在番茄等作物上的竞争能力超过烟粉虱MED隐种（Smith et al.，2020）。若田间杀虫剂使用模式对烟粉虱MED隐种的选择压力较弱，可能间接促进烟粉虱MEAM1隐种发展。

本研究结果显示佛山市7个烟粉虱田间种群对阿维菌素均表现敏感，这与多地的抗性监测结果一致（Wang et al.，2017），表明阿维菌素仍是防治烟粉虱成虫的有效杀虫剂。吡虫啉作为防治烟粉虱的传统药剂，其抗性问题日益凸显。例如，江苏省盐城市烟粉虱对吡虫啉的抗性倍数高达1 900倍（Wang et al.，2010）；湖南省长沙市烟粉虱田间种群对吡虫啉的抗性倍数亦达113.14倍（谈星等，2021）；本研究结果显示佛山市多个烟粉虱田间种群已对吡虫啉表现为高抗水平，部分地区抗性倍数接近100倍；表明烟粉虱对吡虫啉的抗性已呈现区域性高抗特征，在田间防治中应谨慎选择吡虫啉。氟啶虫胺腈是新一代烟碱类杀虫剂。本研究结果显示佛山市烟粉虱种群已对其产生高水平抗性，其中两个田间种群的抗性倍数达到极高抗水平，分别为296.36倍和158.95倍，这意味着本地烟粉虱种群可能对烟碱类杀虫剂存在交互抗性。吴乾兴等（2018）研究结果显示海南市烟粉虱对氟啶虫胺腈曾表现出较高的敏感性；张万里等（2019）研究结果显示广州市烟粉虱种群对氟啶虫胺腈为中等抗性水平。虽然烟粉虱种群对氟啶虫胺腈的抗性水平存在区域性差异，但烟粉虱对氟啶虫胺腈的抗性风险仍不容忽视，使用氟啶虫胺腈时应结合抗性监测数据，优化用药策略，避免抗性进一步发展。本研究结果显示佛山市烟粉虱种群对吡蚜酮、氟吡呋喃酮和烯啶虫胺为中低水平抗性，可作为轮换药剂与阿维菌素协同使用，从而降低烟粉虱对单一杀虫剂的选择压力。

代谢抗性是烟粉虱对部分杀虫剂产生抗性的主要机制之一，其主要通过增强体内解毒酶的活性来加速对农药的降解。在代谢抗性中细胞色素P450的研究最广泛。多项研究证实细胞色素P450基因的过表达是烟粉虱对新烟碱类药剂产生抗性的主要原因之一，其中*CYP6CM1*和*CYP4C64*基因则与烟粉虱对吡虫啉产生抗性密切相关（Yang et al.，2013）。本研究结果显示在对吡虫啉表现高抗的KXL、ZBST种群以及对氟啶虫胺腈表现高抗的KXL、FKY种群中*CYP4C64*与*CYP6CM1*基因均显著上调，同时在烟粉虱抗性种群中*GST14*和*GST5*基因的相对表达量也显著上调，表明GST可能作为协同因子共同介导了烟粉虱对新烟碱类药剂的解毒代谢。

*AChE1*基因的F331W位点突变是烟粉虱对有机磷类杀虫剂产生靶标抗性的关键机制（Alon et al.，2008）。Yuan et al.（2012）和Wang et al.（2020）前期研究发现北京、襄阳、长沙、福州及沈阳等市的烟粉虱田间种群均发生该突变；截至2019年，在全国监测的139个烟粉虱田间种群中，有95.7%种群存在该突变（郑慧新，2021）。本研究发现佛山市烟粉虱田间种群的*AChE1*基因中F331W位点突变频率同样处于高位，这与早年间有机磷类杀虫剂的大量施用有直接关系，推测该选择压力促使烟粉虱抗性水平显著上升。Yang et al.（2021）研究结果显示*CYP4C64*基因中5′ UTR区的单碱基突变是烟粉虱MED隐种对噻虫嗪产生抗性的重要分子标志。在本研究的7个烟粉虱田间种群中，该基因突变频率均低于50.0%，结合田间抗性监测数据（佛山市烟粉虱种群对噻虫嗪的抗性水平均在中等及以下）以及所测种群为烟粉虱MEAM1隐种与MED隐种的混合种群的背景，推测低突变频率可能与种群遗传结构及噻虫嗪选择压力相对温和有关。拟除虫菊酯类杀虫剂的作用靶标为钠离子通道基因，其L925I位点突变是烟粉虱MEAM1隐种对该类药剂产生抗性的重要

标志(Morin et al.,2002;王利华和吴益东,2004;何玉仙等,2007)。本研究中L925I位点的突变频率在佛山市不同烟粉虱田间种群间存在显著差异,其中在FKY、QXSTY和ZBST种群中L925I位点的突变频率均超过92.0%,而在KXL种群中L925I位点的突变频率仅为45.0%,表明烟粉虱田间抗药性的形成是多基因协同调控的过程,单一靶标突变并不能完全反映种群的实际抗性水平,还需结合代谢抗性等其他机制综合分析。

本研究明确了佛山市烟粉虱田间种群的隐种类型和抗药性现状,并对田间种群抗药性形成的分子机制进行了初步分析。但仍存在一些不足之处:首先,仅对佛山市烟粉虱种群进行了单年度静态监测,未体现种群结构与抗药性的年际动态变化;其次,仅测定了佛山市烟粉虱种群对7种传统常用杀虫剂的敏感性,未对近年来新推广的双丙环虫酯等新型药剂进行抗性监测;最后,仅针对已知经典抗性基因进行了表达与突变分析,尚未挖掘新的抗性相关基因,也未深入解析多基因协同调控的抗性机理。后续将扩大监测范围并建立年度常态化监测机制,系统追踪烟粉虱MEAM1隐种与MED隐种的种群动态变化,同时将新型药剂纳入抗性监测体系,进一步结合多组学分析挖掘更多新的抗性基因,深入解析抗药性形成的分子机制,为烟粉虱抗药性治理提供更全面的理论支撑。

参 考 文 献(References)

Alon M, Alon F, Nauen R, Morin S. 2008. Organophosphates' resistance in the B-biotype of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) is associated with a point mutation in an ace1-type acetylcholinesterase and overexpression of carboxylesterase. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 38(10): 940−949

Campbell LI, Nwezeobi J, van Brunschot SL, Kaweesi T, Seal SE, Swamy RAR, Namuddu A, Maslen GL, Mugerwa H, Armean IM, et al. 2023. Comparative evolutionary analyses of eight whitefly *Bemisia tabaci* sensu lato genomes: cryptic species, agricultural pests and plant-virus vectors. BMC Genomics, 24: 408

Chu D, Zhang YJ, Brown JK, Cong B, Xu BY, Wu QJ, Zhu GR. 2006. The introduction of the exotic Q biotype of *Bemisia tabaci* from the Mediterranean region into China on ornamental crops. Florida Entomologist, 89(2): 168−174

Chu D, Zhang YJ, Cong B, Xu BY, Wu QJ, Zhu GR. 2005. Sequence analysis of mtDNA *COI* gene and molecular phylogeny of different geographical populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius). Agricultural Sciences in China, 4(7): 533−541

Du TH, Wei XG, Yin C, Yang J, Huang MJ, Gui LY, Yang X, Zhang YJ. 2022. Cloning of the *Bemisia tabaci* Q biotype UDP-glycosyltransferase *UGT354A1* gene and its role in thiamethoxam resistance. Chinese Journal of Applied Entomology, 59(2): 257−267 (in Chinese) [杜田华, 危学高, 殷城, 杨静, 黄明娇, 桂连友, 杨鑫, 张友军. 2022. Q型烟粉虱UDP-糖基转移酶*UGT354A1*基因克隆及其在噻虫嗪抗性中的作用. 应用昆虫学报, 59(2): 257−267]

He YX, Huang J, Yang XJ, Weng QY. 2007. Pyrethroid resistance mechanisms in *Bemisia tabaci* (Gennadius). Acta Entomologica Sinica, 50(3): 241−247 (in Chinese) [何玉仙, 黄建, 杨秀娟, 翁启勇. 2007. 烟粉虱对拟除虫菊酯杀虫剂的抗性机理. 昆虫学报, 50(3): 241−247]

Hu MX, Yang ZZ, Li Y, Zhang N, Wang F, Bai YC, Jiao XG, Zhang LX, Liu BM. 2023. Cryptic *Bemisia tabaci* species harboring tomato yellow leaf curl virus and endosymbionts and insecticide resistance monitoring in Tianjin. Journal of Plant Protection, 50(1): 101−110 (in Chinese) [胡明鑫, 杨泽众, 李妍, 张楠, 王芳, 白义川, 焦晓国, 张李香, 刘佰明. 2023. 天津市烟粉虱隐种鉴定及其携带TYLCV、内共生菌情况和抗药性监测. 植物保护学报, 50(1): 101−110]

Jiao XG, Xie W, Wang SL, Wu QJ, Pan HP, Liu BM, Zhang YJ. 2013. Differences in host selection and performance between B and Q putative species of *Bemisia tabaci* on three host plants. Entomologia Experimentalis et Applicata, 147(1): 1−8

Jones DR. 2003. Plant viruses transmitted by whiteflies. European Journal of Plant Pathology, 109(3): 195−219

Li RM, Xie W, Wang SL, Wu QJ, Yang NN, Yang X, Pan HP, Zhou XM, Bai LY, Xu BY, et al. 2013. Reference gene selection for qRT-PCR analysis in the sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). PLoS ONE, 8(1): e53006

Lin XT, Wang YN, Zhang KG, Zhong ZX, Liu YT. 2023. Identification of cryptic species and detection of virus carrying rate of *Bemisia tabaci* in Foshan, Guangdong Province. China Vegetables, (2): 78−82 (in Chinese) [林晓涛, 王依娜, 张可国, 钟泽鑫, 刘雅婷. 2023. 广东佛山地区田间烟粉虱的隐种鉴定及带毒率检测. 中国蔬菜, (2): 78−82]

Liu SS, Colvin J, De Barro PJ. 2012. Species concepts as applied to the whitefly *Bemisia tabaci* systematics: how many species are there? Journal of Integrative Agriculture, 11(2): 176−186

Liu SX, Yu H, Vlasenko VA. 2020. Effect of different temperature and humidity on *Bemisia tabaci*. Journal of Botanical Research, 2(2): 21−24

Livak KJ, Schmittgen TD. 2001. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. Methods, 25(4): 402−408

Morin S, Williamson MS, Goodson SJ, Brown JK, Tabashnik BE, Dennehy TJ. 2002. Mutations in the *Bemisia tabaci* para sodium channel gene associated with resistance to a pyrethroid plus organophosphate mixture. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 32(12): 1781−1791

Oliveira MRV, Henneberry TJ, Anderson P. 2001. History, current status, and collaborative research projects for *Bemisia tabaci*. Crop Protection, 20(9): 709−723

Pan HP, Chu D, Ge DQ, Wang SL, Wu QJ, Xie W, Jiao XG, Liu BM, Yang X, Yang NN, et al. 2011. Further spread of and domination by *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) biotype Q on field crops in China. Journal of Economic Entomology, 104(3): 978−985

Pym A, Mina JGM, Troczka BJ, Hayward A, Daum E, Elias J, Slater R, Vontas J, Bass C, Zimmer CT. 2023. A single point mutation in the *Bemisia tabaci* cytochrome-P450 *CYP6CM1* causes enhanced resistance to neonicotinoids. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 156: 103934

Rao Q, Luo C, Zhang H, Guo X, Devine GJ. 2011. Distribution and dynamics of *Bemisia tabaci* invasive biotypes in central China. Bulletin of Entomological Research, 101(1): 81−88

Shang HP, Dou WJ, Yang SW, Wang F, Li MJ, Chen GH, Zhang XM. 2023. Toxicity and field control effects of four commonly used insecticides on adult *Bemisia tabaci* MED (Hemiptera: Aleyrodidae) in different agricultural landscapes. Chinese Journal of Ecology, 42(7): 1713−1720 (in Chinese) [尚昊培, 窦文珺, 羊绍武, 王飞, 李明江, 陈国华, 张晓明. 2023. 四种常用杀虫剂对不同农田景观烟粉虱MED隐种成虫种群毒力测定与田间防效. 生态学杂志, 42(7): 1713−1720]

Smith HA, Shrestha D, van Santen E, Masroor Q, Wong A. 2020. Development of *Bemisia tabaci* MEAM1 and MED on tomato (*Solanum lycopersicum*) alone and in a mixed population. Florida Entomologist, 103(1): 72

Tan X, Zheng HX, Ji Y, Xie W, Zhang YJ. 2021. Monitoring of resistance in field populations of *Bemisia tabaci* to 5 insecticides in China. China Vegetables, (5): 64−69 (in Chinese) [谈星, 郑慧新, 季尧, 谢文, 张友军. 2021. 田间烟粉虱种群对5种杀虫剂的抗性监测. 中国蔬菜, (5): 64−69]

Tsagkarakou A, Nikou D, Roditakis E, Sharvit M, Morin S, Vontas J. 2009. Molecular diagnostics for detecting pyrethroid and organophosphate resistance mutations in the Q biotype of the whitefly *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). Pesticide Biochemistry and Physiology, 94(2/3): 49−54

Wang LH, Wu YD. 2004. A mutation in sodium channel gene associated with pyrethroid resistance in *Bemisia tabaci* (Gennadius) and its detection. Acta Entomologica Sinica, 47(4): 449−453 (in Chinese) [王利华, 吴益东. 2004. 与拟除虫菊酯抗性相关的烟粉虱钠通道基因突变及其检测. 昆虫学报, 47(4): 449−453]

Wang R, Che WN, Wang JD, Luo C. 2020. Monitoring insecticide resistance and diagnostics of resistance mechanisms in *Bemisia tabaci* Mediterranean (Q biotype) in China. Pesticide Biochemistry and Physiology, 163: 117−122

Wang SL, Zhang YJ, Yang X, Xie W, Wu QJ. 2017. Resistance monitoring for eight insecticides on the sweetpotato whitefly (Hemiptera: Aleyrodidae) in China. Journal of Economic Entomology, 110(2): 660−666

Wang ZY, Yan HF, Yang YH, Wu YD. 2010. Biotype and insecticide resistance status of the whitefly *Bemisia tabaci* from China. Pest Management Science, 66(12): 1360−1366

Wu QX, Liu Y, Zhang YJ, Li QJ, Wang S, Ye QH, Fu QW, Huang GS, Yang TZ, Luo F, et al. 2018. Study on resistance monitoring of traditional insecticides against *Bemisia tabaci*. Modern Agricultural Science and Technology, (2): 119−120, 122 (in Chinese [吴乾兴, 刘勇, 张友军, 李秋洁, 王爽, 叶启宏, 符启位, 黄国宋, 杨天章, 罗丰, 等. 2018. 烟粉虱常用药剂抗性监测研究. 现代农业科技, (2): 119−120, 122]

Xia JX, Guo ZJ, Yang ZZ, Han HL, Wang SL, Xu HF, Yang X, Yang FS, Wu QJ, Xie W, et al. 2021. Whitefly hijacks a plant detoxification gene that neutralizes plant toxins. Cell, 184(13): 3588

Yang X, He C, Xie W, Liu YT, Xia JX, Yang ZZ, Guo LT, Wen YN, Wang SL, Wu QJ, et al. 2016. Glutathione *S*-transferases are involved in thiamethoxam resistance in the field whitefly *Bemisia tabaci* Q (Hemiptera: Aleyrodidae). Pesticide Biochemistry and Physiology, 134: 73−78

Yang X, Wei XG, Yang J, Du TH, Yin C, Fu BL, Huang MJ, Liang JJ, Gong PP, Liu SN, et al. 2021. Epitranscriptomic regulation of insecticide resistance. Science Advances, 7(19): eabe5903

Yang X, Xie W, Wang SL, Wu QJ, Pan HP, Li RM, Yang NN, Liu BM, Xu BY, Zhou XM, et al. 2013. Two cytochrome P450 genes are involved in imidacloprid resistance in field populations of the whitefly, *Bemisia tabaci*, in China. Pesticide Biochemistry and Physiology, 107(3): 343−350

Yin C, O'Reilly AO, Liu SN, Du TH, Gong PP, Zhang CJ, Wei XG, Yang J, Huang MJ, Fu BL, et al. 2024. Dual mutations in the whitefly nicotinic acetylcholine receptor β1 subunit confer target-site resistance to multiple neonicotinoid insecticides. PLoS Genetics, 20(2): e1011163

Yuan LZ, Wang SL, Zhou JC, Du YZ, Zhang YJ, Wang JJ. 2012. Status of insecticide resistance and associated mutations in Q-biotype of whitefly, *Bemisia tabaci*, from eastern China. Crop Protection, 31(1): 67−71

Zhang WL, Yin F, Chen HY, Li ZY, Feng X, Lin QS. 2019. The resistance of *Bemisia tabaci* to six pesticides in different cropping system. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 47(24): 158−160 (in Chinese) [张万里, 尹飞, 陈焕瑜, 李振宇, 冯夏, 林庆胜. 2019. 不同耕作制度下烟粉虱成虫对6种杀虫剂的抗药性比较. 安徽农业科学, 47(24): 158−160]

Zheng HX. 2021. Biotype and resistance monitoring of field populations of *Bemisa tabaci* in China. PhD thesis. Changsha: Hunan Agricultural University (in Chinese) [郑慧新. 2021. 我国烟粉虱田间种群隐种鉴定与抗性监测. 博士学位论文. 长沙: 湖南农业大学]

Zheng HX, Xie W, Fu BL, Xiao S, Tan X, Ji Y, Cheng JX, Wang R, Liu BM, Yang X, et al. 2021. Annual analysis of field-evolved insecticide resistance in *Bemisia tabaci* across China. Pest Management Science, 77(6): 2990−3001

Zheng HX, Xie W, Wang SL, Wu QJ, Zhou XM, Zhang YJ. 2017. Dynamic monitoring (B versus Q) and further resistance status of Q-type *Bemisia tabaci* in China. Crop Protection, 94: 115−122

（责任编辑：张俊芳）