

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2022.02.001

我国“十三五”时期重要外来物种入侵防控 科技进展与展望

赵添羽, 何蕊, 华玉涛*
中国生物技术发展中心, 北京 100039

摘要: 随着经济全球化快速发展,外来物种入侵危害日益严重。“十三五”时期,我国针对当前面临的重大外来物种入侵威胁,按照基础前沿、共性关键技术与重大产品研发、典型应用示范研究 3 个层面,部署了一系列科技项目,取得了一批重大科研成果;阐明了入侵物种的入侵机理和进化机制,以及入侵植物与脆弱生态系统互作的调控机制;建立了潜在农业入侵生物信息分析平台,新发外来入侵物种的风险预测与评估模型,重大外来入侵物种的快速检测识别与监测预警技术,以及综合防控技术体系;围绕豚草、空心莲子草、苹果蠹蛾、番茄潜叶蛾、甜菜胞囊线虫等危害特点,开展全程防控技术应用示范。“十三五”期间,基本实现了潜在入侵物种数据量持续丰富完善,新发/突发入侵物种应急防控技术产品有效储备能力增强,重大入侵物种综合防控技术体系逐步健全的良好格局。面向“十四五”,建议继续支持外来物种入侵防控研究,推动“关口前移、疆域监控、灭除阻截、联控减灾”等核心技术的研发,实现有效防控生物入侵的重大目标。

关键词: 生物入侵; 外来入侵物种; “十三五”计划; 入侵种防控



开放科学标识码
(OSID 码)

Progress and prospects in prevention and control of alien invasive species during the 13th five-year plan period in China

ZHAO Tianyu, HE Rui, HUA Yutao*

China National Center for Biotechnology Development, Beijing 100039, China

Abstract: The problem of alien invasive species is compounding. During the 13th five-year plan period, China has carried out a series of research projects on basic frontiers, major common key technologies, major product research and development, and application demonstration research. These projects helped us understand the spread of invasive species and evolutionary mechanisms and interactions of invasive plants in fragile ecosystems. A potential agricultural invasive bioinformatics analysis platform, a risk prediction and assessment model of new alien invasive species, and a comprehensive prevention and control technology system of alien invasive species have been established. Rapid detection, monitoring, and warning system for major alien invasive species have also been developed. Aiming to limit *Ambrosia artemisiifolia*, *Alternanthera philoxeroides*, *Cydia pomonella*, *Tuta absoluta*, and *Heterodera schachtii*, the prevention and control technology has been demonstrated. During the 13th five-year plan period, information on potentially invasive species was enriched and improved, and the effective reserve capacity of new and emergent invasive species emergency prevention and control technology products has been enhanced, and a comprehensive technical system for the prevention and control of major invasive species has been established. Considering the aims of the 14th five-year plan, it is recommended to continue to support research on the prevention and control of alien invasive species. This will promote the research and development of core technologies of "prevention beforehand, territory monitoring, elimination and interception, joint control and disaster reduction", and help achieve the primary goal of effective prevention and control of biological invasion.

Key words: biological invasions; invasive alien species; the 13th five-year plan; prevention and management of IAS

收稿日期(Received): 2021-12-08 接受日期(Accepted): 2022-03-05
基金项目: 国家社会科学基金重大项目(19ZDA039)
作者简介: 赵添羽, 男, 博士, 助理研究员。研究方向: 生物安全、科技计划管理和科技法。E-mail: zhaoty@cncbd.org.cn
* 通信作者(Author of correspondence): 华玉涛, E-mail: huayt@cncbd.org.cn

经济全球化、区域经济一体化的快速发展,加剧了外来有害生物在全球范围内的跨境或区域频繁传入、扩散蔓延和暴发成灾,外来物种入侵一直是国际社会共同面临的问题。我国是遭受外来物种入侵危害和威胁最严重的国家之一,已证实的入侵物种有 664 种,每年造成的直接经济损失逾 2000 亿元。21 世纪以来,传入我国的农林入侵物种达 103 种,每年新发突发 5~6 种,是 20 世纪 80 年代的 10 倍以上(生态环境部,2020),已严重威胁到我国的粮食、生态、生物和贸易安全。

“十三五”时期,针对我国面临的重大外来物种入侵威胁,国家科学技术部启动实施了国家重点研发计划“生物安全关键技术研发”重点专项(以下简称“专项”),安排专门经费支持生物入侵领域的基础前沿、共性关键技术与重大产品研发和典型应用示范研究 3 个层面系列科技项目。本文通过梳理部分科技项目取得的重大研究成果,为我国外来物种入侵防控工作提供理论支撑,并对“十四五”时期相关科技布局提供决策参考。

1 生物入侵前沿性基础研究理论

生物入侵是一个从传入、定殖、扩散、扩张到暴发有序的生态学过程。成功入侵的物种势必具有先天性的优势遗传背景与强大的生态可塑性。“十三五”期间,专项主要针对重大外来入侵物种,揭示入侵物种入侵特性,阐明入侵机制与机理,明确入侵物种与本地物种、生态环境等互作关系进行了部署。在生物入侵机制研究方面取得了重大成果,根据相关项目综合绩效自我评价报告统计,发表学术论文 182 篇,其中 top 期刊论文 53 篇,出版专著 5 部,获得专利 38 项,软件著作权 27 项。

1.1 阐明多个重大入侵物种的入侵机理和进化机制

以苹果蠹蛾 *Cydia pomonella* L.、松材线虫 *Bursaphelenchu xylophilus* (Steiner & Buhner) Nickle、烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius)、橘小实蝇 *Bactrocera dorsalis* (Hendel)、稻水象甲 *Lissorhoptrus oryzophilus* Kuschel、黄瓜绿斑驳花叶病毒 *Cucumber green mottle mosaic virus* (CGMMV)、福寿螺 *Pomacea canaliculata* (Lamarck) 等为对象,结合基因组、转录组、蛋白质组和肠道宏基因组等生物多组学新技术新方法,提出并验证了“可塑性基因驱动”“转换防御”和对新宿主适应“非共进化”入侵 3 个假说,并建立了入侵种与共生生物之间的“共生入侵”学说

理论,丰富了入侵生物学学科的内容。

通过比较原产地与入侵地各国、外来种与本地种之间的区别,发现了入侵生物“可塑性基因”的变异与适应性进化,包括发育基因高表达、抗性基因内含子变长、化感受体蛋白扩增、抗药性神经肽受体不敏感、DNA/hAT-Charlie 转座子元件的近期暴发和 P450 基因家族的扩张等,是入侵和竞争替代成功的重要驱动力,从而提出并证明了入侵生物“可塑性基因驱动”假说(Gao & Reitz, 2017; Liu *et al.*, 2018; Wan *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2017)。这些“可塑性基因”随着环境的变化,通过 DNA 甲基化对入侵生物世代调节的遗传机制,加强了入侵昆虫对逆境的适应能力(Dai *et al.*, 2018; Li *et al.*, 2017)。

通过比较 61 个入侵物种在入侵过程中的抗性和耐受性,揭示了“竞争力的增强进化”也是入侵物种增强表型可塑性的关键因素,进而增强入侵生物的生态适应性,发现并提出了“转换防御”假说,即外来物种从原产地到入侵地,其防御会出现由“兼顾抵御专化-泛化天敌”到以“抵御泛化天敌”为主的适应性进化,入侵物种对广食和专食天敌的抗性具有“权衡性”,广食和专食天敌诱导防御特异性仅存在于入侵地种群的适应性进化中(Gao & Reitz, 2017; Xu *et al.*, 2016; Zhao *et al.*, 2016; Zhou *et al.*, 2017)。

利用入侵物种不同地理种群的遗传变异和基因表达调控,发现入侵物种不断经历新的寄主种类却成为其快速适应性进化的主要动力,能够比寄主产生更快速、剧烈而全面的化感、致病、抗逆性和能量代谢通路的一系列适应性进化,并利用与之相关的共生微生物的改变带来的基因水平转移使其发生同一时间不同地域的进化事件,使其在寄主产生相应的抗逆性之前就暴发成灾。这种入侵物种嗅觉适应和致病能力增强的“新寄主驱动”进化假说,不仅是入侵物种快速适应性进化的主要动力,而且为解析入侵生物的快速暴发成灾提供了依据(Xia *et al.*, 2017; Xu *et al.*, 2019)。

共生菌不仅在昆虫解毒代谢、营养吸收等方面发挥着重要的作用,还是重要病害的传播媒介。研究人员发现,入侵生物(如红脂大小蠹 *Dendroctonus valens* LeConte 和福寿螺)的内共生菌群在调控入侵生物的碳水化合物分配、食物消化和外源生物降解

等方面发挥着重要的作用。在此基础上,揭示了共生入侵的代谢、发育、免疫机制,建立了虫菌共生入侵学说(Liu *et al.*, 2018; Lu *et al.*, 2016; Zhou *et al.*, 2017)。此外,入侵昆虫作为病害传播媒介,与重要的病虫害[如松材线虫、番茄黄化曲叶病毒 *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) 等]建立了免疫共生系统。松材线虫进入媒介松墨天牛 *Monochamus alternatus* Hope 的气管中,首先引发的免疫反应是活性氧迸发,但媒介松墨天牛的 Toll 受体可以诱导抗氧化基因上调表达,从而对活性氧进行解毒,造成对线虫的免疫容忍,实现两者共存(Zhou *et al.*, 2018)。一些双生病毒,在没有病毒寄主植物的情况下,可在媒介昆虫种群中维持多代并保持侵染能力,这可能是 TYLCV 病毒在全球流行危害的重要原因之一(Wei *et al.*, 2017)。

这些研究全面诠释和完善了物种竞争取代理论,丰富了入侵生物学学科内容,也有助于找准外来物种入侵防控的关键阶段,为入侵生物的风险评估、预测预报、检验检疫提供了新理论指导和新技术支撑,为精准防控提供了新策略。

1.2 阐明入侵植物与脆弱生态系统互作的调控机制及后果

Liu *et al.* (2020) 针对生长异常快速的薇甘菊 *Mikania micrantha* Kunth 的研究发现,其属于 C3 植物,但可在白天和夜晚分别利用不同的光合途径进行 CO₂ 的固定,使其净光合速率接近 C4 植物,充足的碳水化物导致了它的快速生长特性。同时,薇甘菊还可以通过自身的化感物质有效地富集固氮菌和氨化细菌,加速了根际土壤的养分循环,为其快速生长提供充足养分;Qiu *et al.* (2018) 对入侵中国沿海盐沼湿地的互花米草 *Spartina alterniflora* Loise. 研究发现,随纬度的升高,互花米草的开花时间推迟,种群内开花同步性升高,表明入侵植物能响应环境变异、调节种群的开花同步性、提升定殖机率和扩散速度。上述研究证明了入侵植物的“内禀入侵性”的关键驱动因子的调控是其快速响应环境变化、促进定殖和扩张的一条重要途径。

入侵植物通过“生境再造”导致生境要素和结构同质化,促进入侵。对不同入侵植物[如互花米草、空心莲子草 *Alternanthera philoxeroides* (Mart.) Griseb. 等]和本地植物生长环境中土壤微生物和土壤线虫等多样性进行比较,发现入侵植物通过同质

化重要的非生物因子,弱化了土壤生物群落的纬度格局,增加了不同纬度间土壤群落组成和结构的相似性(Lu *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2019b)。

以入侵植物互花米草、土著昆虫素毒蛾 *Laelia coenosa* (Hübner) 及其本地宿主芦苇 *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud 为研究对象,研究植物通过改变资源数量和质量对昆虫种群发展的影响,发现在入侵植物生境中,诱导昆虫繁殖的环境线索(资源可用性和叶气味)与决定种群适合度的资源质量(营养和防御)之间存在不匹配性,导致土著昆虫陷入入侵植物的“生态陷阱”,揭示了入侵植物资源数量与质量性状间的“解耦效应”对土著昆虫的负面影响(Sun *et al.*, 2020)。

上述研究结果证实,入侵植物不仅通过本身具有的先天遗传特性优势,提高其资源利用效率,实现其种群扩张与暴发,还能直接导致地上生物群落组成和种间互作关系的同质化,而且能直接或间接介导生境要素和结构以及土壤生物群落同质化,进而导致生态过程和生态系统服务功能的同质化,削弱生态系统稳定性和生态系统服务功能,构建有助于自身种群存续和发展的生境。

1.3 明确全球变化对外来植物入侵性和生境可入侵性具有“双重增效”效应

通过连续多年的同质园增温和加氮实验,研究人员证明了增温和模拟氮沉降不仅显著促进入侵植物的生长、干物质含量增加、叶面积和分株数量增大等,还能延迟入侵植物的物候进程,影响植物初生和次生代谢物质,进而影响植食性昆虫的发生和种群动态(He & He, 2020; Liu *et al.*, 2020, 2021a, 2021b; Peng *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2019)。此外,以空心莲子草及其天敌昆虫莲草直胸跳甲 *Agasicles hygrophila* Selman et Vogt 为研究系统,Wang *et al.* (2019) 也发现气候变化明显影响入侵植物天敌防治的效果,相比于中纬度地区,虽然在低纬度地区生物防治效果显著,但莲草直胸跳甲给本土植物带来显著的非靶标效应,气候差异能导致的植物-昆虫互作关系的变化。

Qiu *et al.* (2020) 发现,水淹胁迫和富营养化同时降低本地植物的竞争力和优势度,而对入侵植物互花米草的竞争力和优势度无显著影响,这一结果表明,多重环境变化有利于外来水生植物入侵。

上述研究表明,全球变化不仅对外来种扩张和

入侵具有潜在促进作用,而且与全球变化相关联的升温、氮沉降和降水变化还能通过改变可利用资源水平以及外来种与生态系统功能群的互作关系和强度影响生态系统的可入侵性,通过“双重增效”影响外来植物入侵格局。

2 入侵生物防控的共性关键技术与重大产品研发

在基础前沿研究的基础上,专项建立潜在入侵物种智能预警与防控平台,研发物种特异性图像和分子等快速检测技术;开展风险因子评判,进行综合风险的定量评估技术开发;获得物种特异性灭除、阻截等产品,集成防控技术体系;在入侵生物共性关键技术与重大产品研发方面取得了突出的成果,根据相关项目综合绩效自我评价报告统计,发表学术论文 198 篇,申请/授权专利 103 项,审定/颁布标准 31 项,研发检测技术/防控产品 42 项,以及制定防控技术方案/规范 38 项。

2.1 建立了潜在农业入侵生物信息分析平台和生物多组学数据库

基于大区域跨境农业入侵生物信息资源的多源异构特性,通过对多源异构数据来源及物种信息的判定、确证和数据整合分析,得到潜在农业入侵物种 7000 余种。进一步进行数据筛选,并结合生物学、生态学、适生性等评判,获得潜在农业有害入侵生物 1200 余种(包括植物 390 种、动物 570 种、病原体 270 种),构建了大区域跨境农业入侵生物信息库(<http://www.chinaias.cn/wjPart/index.aspx>; 洗晓青等,2018)。围绕潜在农业入侵生物的多源异构数据,研发数据重构分析和可视化分析技术,实现对跨境农业入侵生物信息数据时空分析的可视化展示。通过以物种的中文名或拉丁学名进行模糊查询,实现潜在农业入侵生物的累积截获批次、来源国家、涉及口岸等可视化信息展示。

基于入侵生物多组学大数据,构建了 130 多种入侵物种(包括植物 31 种、动物 100 种)基因组数据库 InvasionDB (<http://www.inse-ct-genome.com/invasiondb/>; Huang *et al.*, 2021),开发了基因组分析软件,发现了入侵昆虫的基因组学特性,实现从基因组角度预测昆虫入侵性;挖掘了化感、解毒、发育、滞育、代谢等一批与入侵致害紧密相关的扩增基因家族;鉴别出 6 个可用于防治和风险分析的生

物学靶点和潜在靶标基因、6 个与宿主互作的信号化合物及信号传导通路(Chen *et al.*, 2019; Zhang *et al.*, 2019a),为入侵生物后基因组时代的共性关键技术开发提供了分子数据支持。

2.2 建立了新发外来入侵物种的风险预测评估模型

基于物种分布模型,利用虚拟物种构建 200 余种应用场景,建立了一套评估入侵物种潜在适生区预测模型选用准确率的方法;通过比较分析最大熵模型、遗传算法、大理石算法、Bioclim、增强回归树、凸包算法、生态位因子分析、广义可加模型、广义线性模型、核密度估计、最小体积椭球体等 11 种物种分布地预测模型的准确性(Escobar *et al.*, 2018; Qiao *et al.*, 2018; Wan *et al.*, 2020),明确了靶向不同入侵生物类群的模型选择策略,为新发外来入侵物种跨区域扩散的定殖风险预测提供了技术支撑(赵健等,2019);针对新发外来入侵物种的扩散风险驱动及其风险性,结合入侵物种跨区域扩散路径分析,利用项目调查获得的发生分布点,对重大物种的现有分布特征进行分析和建模,并针对不同物种类群设置和调整模型参数,实现了对 6 种入侵物种跨区域扩散风险的定量评估(王玉生等,2018; 张桂芬等,2020)。

2.3 研发了重大外来入侵物种的快速检测识别与监测预警技术

针对入侵植物图像识别与监测,建立了图像识别的深度学习模型和深度卷积神经网络,构建了入侵植物图像快速智能识别 APP 平台系统和入侵植物的无人机图像监测技术。针对入侵生物的快速诊断鉴定,明确了靶标对象种特异性的快速分子识别靶标基因,建立了小麦矮星黑穗病菌 *Tilletia controversa* Kühn、甜菜孢囊线虫 *Heterodera schachtii* Schmidt、梨枯梢病菌 *Erwinia pyrifoliae* Kim、松材线虫病、苹果蠹蛾等 5 种入侵生物的特异性分子检测技术,发展了蓟马类、实蝇类、介壳虫类、粉蚧类、粉虱类、潜叶蝇类等 6 类昆虫的 DNA 条形码快速识别系统,研制分子检测试剂盒 5 套(张桂芬等,2019)。通过分子识别主程序嵌入、图像识别算法更新与图像重训练等,建立了基于网络的重大入侵植物图像和入侵害虫实蝇图像及分子数据的多模态识别系统,可实现对重大入侵生物的实时智能识别和口岸实时监控。

3 入侵生物综合防治技术

为加强成果转化和应用,专项重点支持了重大

外来入侵物种综合防控应用示范工作,通过构建基于生物防治和生态修复联防联控为核心的区域性持续治理技术新模式,提升重大入侵物种生态区域

防效,优化“技术高效、技术好用和基层会用”的技术体系(表 1)。

表 1 重大入侵物种的区域减灾技术及其应用
Table 1 Regional disaster mitigation techniques for major invasive species and their application

入侵物种 Invasive species	防治方法 Control methods	防治效果 Control efficiency	参考文献 References
甜菜孢囊线虫 <i>Heterodera schachtii</i>	应急处理防控与区域防控技术	增产效果在 60% 以上	高海峰等,2019;
南美番茄潜叶蛾 <i>Tuta absoluta</i>	生物防治、物理防除和绿色防控	防效提高 83%, 蛀果率控制在 0.2% 以下	张桂芬等,2020b,2020c,2021
葡萄蛀果蛾	生物防治及区域全程联控	虫果率控制在 0.5% 以下	现场检查验收,2019 年
稻水象甲 <i>Lissorhoptus oryzophilus</i>	物理防治及生态调控	农药使用减少 67%, 挽回经济损失 40%	现场检查验收,2018 年
美国白蛾 <i>Hyphantria cunea</i>	生防作用物防控技术及区域性减灾技术	提高防效 20%~40%, 降低农药使用量 30%~50%	罗立平等,2018; 王振元等,2018
美洲斑潜蝇 <i>Liriomyza sativae</i>	生物防治及生态调控技术	降低农药使用量 40%~60%	
松材线虫 <i>Bursaphelenchu xylophilus</i>	微生物制剂生物防治和区域性综合防控技术	提高防效 20%~40%, 降低农药使用量 30%~50%	王曦茜等,2018
红火蚁 <i>Solenopsis invicta</i>	区域性应急防控及综合防控新策略	提升防效 30%~70%	王磊等,2018; 温凯等,2017
福寿螺 <i>Pomacea canaliculata</i>	生物防治和生态调控	增产 8%~10%, 增收 2250~3900 元·hm ⁻²	麻程军等,2021; 地方标准: DB36/T 1013-2018
豚草 <i>Ambrosia artemisiifolia</i>	天敌生物防治和生态修复联防联控技术	提高防效 30%, 降低农药使用量 60%~80%	
紫茎泽兰 <i>Ageratina adenophora</i>	生态修复持续控制技术	提高防效 20% 以上	
长芒苋 <i>Amaranthus palmeri</i>	物理阻隔防除和全程防治关键技术	控制效果 90% 以上	张金良等,2021
空心莲子草 <i>Alternanthera philoxeroides</i>	天敌昆虫生物防治技术及综合防控技术	提高防效 30%, 降低农药使用量 50%~80%	宋振等,2018; 地方标准: DB42/T1368-2018, DB51/T2460-2018

3.1 豚草和空心莲子草基于天敌昆虫生物防治的持续治理技术及其应用

针对豚草 *Ambrosia artemisiifolia* L.,主要解决了天敌昆虫的早春助增转移技术和 2 种天敌昆虫的联合控制技术,建立了豚草区域化持续治理技术模式。针对空心莲子草,重点解决了天敌(莲草直胸跳甲)规模化繁育技术和标准化工艺流程,建立了“天敌越冬保种-助增释放-化学协同”的空心莲子草综合治理技术模式。通过技术集成,分别在湖北宜昌、四川青神开展了空心莲子草天敌防控研究及推广示范。建立天敌繁育工厂 18 个、生物防治示范点 450 处,扩繁效率提升 40~50 倍,放飞跳甲近亿头,覆盖空心莲子草发生区面积超 67 万 hm²,实现了示范区的持续控制(宋振等,2018)。

3.2 甜菜孢囊线虫的监测与应急防控技术体系及其应用

针对甜菜孢囊线虫在我国的发生分布及危害,开发了系列应急防控技术和集成区域治理技术,并推广应用。明确了非寄主轮作能够有效控制孢囊线虫危害,筛选出抗病品种 5 个,并在新疆大面积

推广,效果显著。其中,Beta796 在新源进行推广示范,累计超 800 hm²。通过药剂筛选,发现噻唑膦、阿维噻唑膦和阿维菌素等药剂处理均能有效控制甜菜孢囊线虫危害,使用路富达、噻唑膦和阿维菌素乳油,作物增产效果在 60% 以上(高海峰等,2019)。制定了应急防控技术体系和方案,并被行业部门认可和推广应用约 667 hm²,有效控制了甜菜孢囊线虫的危害和扩散蔓延。

3.3 稻水象甲的全程防控技术集成及其应用

针对稻水象甲在我国危害水稻的习性和特点,研发并集成构建了稻水象甲环境友好型绿色全程防控技术体系,包括早播诱虫、育秧期“避”(无纺布覆盖处理)和“管”(水位水流管控)、秧苗移栽期“洗”(洗秧移栽)和“浸”(浸秧定植)、育秧返栽及大田期“撒”(浅水撒施生防作用物)等,并于水稻育秧期至大田期,在贵州进行了田间应用和示范。建立稻水象甲防控示范基地 1 个,累计示范面积 60 hm²,包括早育秧、药剂防治及水育秧各 20 hm²,对稻水象甲发生和危害的控制效果达 75.1%~81.0%,水稻平均增产 2100 kg·hm⁻²,挽回损失

44%(张昌容等,2018)。

3.4 福寿螺的区域全程防控技术集成及其应用

针对福寿螺的发生危害特点和稻田立地现状,研发并集成构建了福寿螺区域全程防控技术方案,包括纱网阻断拦截、稻田收获后旋耕处理、铲除田埂和沟渠卵块、施用茶皂素复配药剂、稻田水分管控以及稻鸭共育技术等,在江西进行了田间应用和示范。建立福寿螺防控技术体系应用示范基地 3 个,核心示范区面积 80 hm²,辐射面积约 1133 hm²,对福寿螺的防治效果达 93.6%~97.2%,水稻增产 8.2%,化学农药施用量减少 79.3%,每公顷增加收入 4320 元(含鸭子收入)(麻程军等,2021)。

3.5 椰心叶甲和长芒苋的区域全程防控技术集成及其应用

针对椰心叶甲 *Brontispa longissimi* (Gestro) 防治难题,集成了以生物防治为主、化学防治为辅的绿色防控技术体系。针对不同区域气候和生态特点,构建了寄生蜂越冬经济作物区、越冬生态林区、越冬园林景观区、非越冬园林绿化区、岛屿海岸线生态区防控等 5 种防控模式,平均防效 90% 以上(彭正强等,2019)。项目执行期间,签订了各项释放寄生蜂等防治服务合同协议共 16 项,服务地点涵盖海南、广东和福建等省份,乃至马尔代夫地区,累计经费 358.15 万元,对我国南方地区椰心叶甲的综合防治工作起到了重要的推动作用。

针对长芒苋 *Amaranthus palmeri* S. Watson 防治难题,集成了长芒苋综合防控技术体系。制定长芒苋全程防控技术方案,实施狠抓苗期控制、适时物理防治、巧用化学药剂、收获后清园等措施,建立防控示范基地 2 个、核心示范区 10 hm²,为长芒苋稳效防控提供技术支撑,平均防效达到 93%~95%(曹晶晶等,2020)。

4 总结与展望

“十三五”时期,我国在外来入侵物种暴发成灾与进化机制、风险评估与监测预警体系建设、智能检测与快速识别技术、综合防控与应急处置方案、防治技术田间应用示范等方面取得一系列成果,获得一定的经济、社会和生态效益。

面向“十四五”,建议继续部署相关科技项目,推动我国外来物种入侵防控科技工作不断取得新的突破。在基础前沿研究上,开展生物多样性抵御生物入侵的响应与受损系统的生态恢复机制研究,

为保障国家生态安全提供理论支撑;在共性关键技术与重大产品研发上,坚持国家需求导向,突出前瞻性风险评估监测预警处置能力建设,真正实现“关口前移”、御“侵”于国门之外的防控目标;在典型应用示范研究上,坚持应用导向和产业化方向,完善生物防治技术体系,突出生物防治技术体系在外来生物入侵防控中的主体作用。

4.1 加强生物多样性功能对外来入侵生物的稳定响应与恢复重构机制研究

加强生物多样性功能在外来物种入侵防控中的作用机制研究,对保障国家生态安全具有重要意义,对我国生态文明建设具有推动作用。建议针对中华人民共和国农业农村部公布的《国家重点管理外来入侵物种名录》中的重大入侵物种,研究本地物种群落多样性、遗传多样性对外来入侵生物、媒介生物及其携带病原的阻截功能及模型,揭示生态系统功能稳定性机制和多物种协同阻抗机制,阐明生物多样性对外来入侵生物功能的影响规律及其应对生物入侵的自我补偿和生态修复能力;寻找系统演替和更新的驱动因子,研发基于关键物种生物多样性修复和模拟的综合防控模型,为基于生物多样性的外来物种入侵防控技术应用提供理论支撑。

4.2 构建重大入侵生物前瞻性风险评估预警处置技术平台体系

在“十三五”已有成果基础上,推动建立“关口前移”的重大外来物种入侵前瞻性风险评估预警处置技术平台体系;构建外来入侵物种跨境溯源数据库,研究并筛选潜在重大外来入侵生物,判断并明确可能的入侵方式和路径,形成目标地重大外来物种入侵动态监测预警体系;研发更高灵敏度、更短时间的便携式检测产品,完善快速应急响应的现场处置技术体系,形成重大外来物种入侵风险鉴定与预警处置平台,变“消极被动”为“积极主动”,提升外来入侵生物前瞻性风险评估、预警与处置能力。

4.3 推动生物防治技术体系产业化应用

贯彻“创新”和“绿色”的新发展理念,推动“十三五”形成的生物防治技术体系化、规模化、市场化、产业化应用,以绿色发展推动农业供给侧结构性改革,突出科技创新对经济社会发展的引领和带动作用。依托部省联动组织实施重点研发计划,精准对接地方外来物种入侵防控需求,突出相关行业主管部门作用,加强科研院校、创新企业、技术推广

部门之间的协调联动,筛选更多优质天敌昆虫资源,构建更优生物防治技术体系,推动“政产学研用”五位一体协同创新,形成生物防治技术体系防控外来入侵生物的新业态。

参考文献

- 生态环境部, 2021. 2020 年中国生态环境状况公报(摘录). 环境保护, 49(11): 47-68.
- 曹晶晶, 王瑞, 李永革, 张桂芬, 郭建英, 万方浩, 2020. 外来入侵植物长芒苋在中国不同地区的表型变异与环境适应性. 植物检疫, 34(3): 25-31.
- 高海峰, 彭焕, 乔精松, 彭德良, 杨安沛, 吴伟, 张航, 白微微, 王锁牢, 李广阔, 2019. 外来入侵甜菜孢囊线虫在新疆的适生性分布及风险评估. 生物安全学报, 28(4): 286-291.
- 罗立平, 王小艺, 杨忠岐, 曹亮明, 2018. 美国白蛾防控技术研究进展. 环境昆虫学报, 40(4): 721-735.
- 麻程军, 王瑞, 刘彬, 黄斌, 侯有明, 汤宝珍, 2021. 茶皂素对福寿螺的毒力效果和对三种水生生物的安全性评价. 农药学报, 23(1): 139-145.
- 彭正强, 吕宝乾, 覃伟权, 李朝绪, 温海波, 2019. 外来害虫椰心叶甲入侵灾变的生态学基础及控制技术体系. 华南农业大学学报, 40(5): 161-165.
- 宋振, 张瑞海, 张国良, 余文畅, 熊佳林, 王然, 黄成成, 付卫东, 2018. 空心莲子草叶甲释放量对空心莲子草防控效果的研究. 生态环境学报, 27(11): 2033-2038.
- 温凯, 李志强, 张森泉, 王文荣, 曾玲, 许益鏊, 陆永跃, 2017. 生境类型影响了昆虫威饵剂对红火蚁的防治效果. 环境昆虫学报, 39(4): 854-861.
- 王玉生, 周培, 田虎, 万方浩, 张桂芬, 2018. 警惕杰克贝氏粉蚧 *Pseudococcus jackbeardsleyi* Gimpel & Miller 在中国大陆扩散. 生物安全学报, 27(3): 171-177.
- 王磊, 许益鏊, 李梓琳, 曾玲, 陆永跃, 2018. 三株金龟子绿僵菌对红火蚁的致病力测定. 环境昆虫学报, 40(4): 820-824.
- 冼晓青, 王瑞, 郭建英, 刘万学, 张桂芬, 孙玉芳, 万方浩, 2018. 我国农林生态系统近 20 年新入侵物种名录分析. 植物保护, 44(5): 168-175.
- 王曦茜, 曹业凡, 汪来发, 朴春根, 李成录, 2018. 松材线虫病发生及防控现状. 环境昆虫学报, 40(2): 256-267.
- 王振元, 程相称, 贾玉迪, 王琳, 李继广, 张凯敏, 2018. 美国白蛾发生特点与防治对策. 江苏林业科技, 45(2): 52-54.
- 赵健, 李志鹏, 张华伟, 陈宏, 翁启勇, 2019. 基于 MaxEnt 模型和 GIS 技术的烟粉虱适生区预测. 植物保护学报, 46(6): 1292-1300.
- 张昌容, 何永福, 李鸿波, 张忠民, 江兆春, 宋聚群, 2018. 贵州龙里越冬代稻水象甲卵巢发育进度调查. 中国植保导刊, 38(1): 70-72.
- 张金良, 王瑞, 张桂芬, 韩力, 白文军, 2021. 危险性杂草——长芒苋控制技术研究. 江西农业, 199(1): 43-44.
- 张桂芬, 王玉生, 郭建洋, 冼晓青, 万方浩, 张金良, 王福莲, 张亚宁, 2019. 重大检疫性害虫玉米根茎叶甲的种特异性 SS-COI 快速检测技术研究. 植物保护, 45(1): 109-115, 134.
- 张桂芬, 冼晓青, 张毅波, 张蓉, 马德英, 刘万学, 高有华, 王俊, 杨子林, 李庆红, 王玉生, 薛延韬, 万方浩, 2020a. 警惕南美番茄潜叶蛾 *Tuta absoluta* (Meyrick) 在中国扩散. 植物保护, 46(2): 281-286.
- CHEN T, SAEED Q, HE Z F, LU L H, 2019. Transmission efficiency of Cotton leaf curl Multan virus by three cryptic species of *Bemisia tabaci* complex in cotton cultivars. *PeerJ*, 7: e7788.
- DAI T M, LU Z C, WANG Y S, LIU W X, WANG F H, 2018. Molecular characterizations of DNA methyltransferase 3 and its roles in temperature tolerance in the whitefly, *Bemisia tabaci* Mediterranean. *Insect Molecular Biology*, 27(1): 123-132.
- ESCOBAR L E, QIAO H, CABELLO J, PETERSON A T, 2018. Ecological niche modeling reexamined: a case study with the Darwin's fox. *Ecology & Evolution*, 8(10): 4757-4770.
- GAO Y L, REITZ S R, 2017. Emerging themes in our understanding of species displacements. *Annual Review of Entomology*, 62(1): 165-183.
- HE Z, HE W, 2020. Asymmetric climate warming does not benefit plant invaders more than natives. *Science of the Total Environment*, 742: 140624.
- HUANG C, LANG K, QIAN W Q, WANG S P, CAO X M, HE R, ZHAN A R, CHEN M Y, YANG N W, LI F, 2021. InvasionDB: a genome and gene database of invasive alien species. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(1): 191-200.
- LI G, YING D, GENG Y, 2017. Differentially expressed microRNAs and target genes associated with plastic internode elongation in *Alternanthera philoxeroides* in contrasting hydrological habitats. *Frontiers in Plant Science*, 8: 2078.
- LIU B, YAN J, LI W H, YIN L, WANG F, 2020. *Mikania micrantha* genome provides insights into the molecular mechanism of rapid growth. *Nature Communication*, 11: 340.
- LIU C, ZHANG Y, REN Y, WANG H, LI S, JIANG F, YIN L, QIAO X, ZHANG G, QIAN W, LIU B, FAN W, 2018. The genome of tapeworm *Taenia multiceps* sheds light on understanding parasitic mechanism and control of coenurosis disease. *GigaScience*, 7: 1-13.

- LIU Z, YU H, SUN X, DING J Q, 2021a. Effects of elevated temperature on chemistry of an invasive plant, its native congener and their herbivores. *Journal of Plant Ecology*. [2021-12-06]. DOI:10.1093/jpe/rtab013.
- LIU Z, ZHANG C, MA L, ZHOU X M, SUN X, DING J Q, 2021b. Elevated temperature decreases preferences of native herbivores to an invasive plant. *Entomologia Generalis*, 41(2): 137-146.
- LU M, HULCR J, SUN J, 2016. The role of symbiotic microbes in insect invasions. *Annual Review of Ecology Evolution & Systematics*, 47(1): 487-505.
- LU X M, HE M Y, DING J Q, SIEMANN E, 2018. Latitudinal variation in soil biota: testing the biotic interaction hypothesis with an invasive plant and a native congener. *The ISME Journal*, 12(12): 2811-2822.
- PENG Y, YANG J X, ZHOU X H, PENG P H, LI J J, ZHANG S M, HE W M, 2019. An invasive population of *Solidago canadensis* is less sensitive to warming and nitrogen-addition than its native population in an invaded range. *Biological Invasions*, 21: 151-162.
- QIAO H J, FENG X, ESCOBAR L E, PETERSON A T, SOBERON J, ZHU G P, PAPES M, 2018. An evaluation of transferability of ecological niche models. *Ecography*, 42(3): 521-534.
- QIU S Y, XU X, LIU S S, LIU W W, LIU J, NIE M, SHI F C, ZHANG Y H, WEINER J, LI B, 2018. Latitudinal pattern of flowering synchrony in an invasive wind-pollinated plant. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, 285: 1072.
- SUN F, OU Y Y, OU Q J, ZENG L D, YU H X, ZHENG J, GAO L, LI W H, LI N, PENG C L, 2020. The invasive potential of a hybrid species: insights from soil chemical properties and soil microbial communities. *Journal of Plant Ecology*, 13(1): 20-26.
- WAN F H, YIN C L, WU Q, TANG R, HUANG C, CHEN M H, QIAN W Q, GUO J Y, 2019. A chromosomal genome assembly reveals key genetic features of invasiveness in the Codling moth, *Cydia pomonella*. *Nature Communication*, 10: 4237.
- WANG K L, LAI S J, YANG X X, ZHU T Q, LU X M, WU C L, RUAN J, 2017. Ultrasensitive and high-efficiency screen of de novo low-frequency mutations by o2n-seq. *Nature Communications*, 8: 15335.
- WEI J, HE Y Z, GUO Q, GUO T, LIU Y Q, ZHOU X P, LIU S S, WANG X W, 2017. Vector development and vitellogenin determine the transovarial transmission of begomoviruses. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 114(26): 6746.
- WANG Y, HUANG W, WANG Y, DING J Q, 2019. Environment and host plant quality interact to determine the pupation success of a biological control agent, *Agasicles hygrophila*, on a nontarget host, *Alternanthera sessilis*. *Biological Control*, 136: 104003.
- WAN J, QI G J, MA J, REN Y L, WANG R, MCKIRDY S, 2020. Predicting the potential geographic distribution of *Bactrocera bryoniae* and *B. neohumeralis* (Diptera: Tephritidae) in China using MaxEnt ecological niche modeling. *Journal of Integrative Agriculture*, 19(8): 2072-2082.
- XIA W Q, WANG X R, LIANG Y, LIU S S, WANG X W, 2017. Transcriptome analyses suggest a novel hypothesis for whitefly adaptation to tobacco. *Scientific Reports*, 7: 12102.
- XU H X, QIAN L X, WANG X W, SHAO R X, HONG Y, LIU S S, WANG X W, 2019. A salivary effector enables whitefly to feed on host plants by eliciting salicylic acid-signaling pathway. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(2): 490-495.
- XU H Y, YANG N W, DUAN M, WAN F H, 2016. Functional response, host stage preference and interference of two whitefly parasitoids. *Insect Science*, 23(1): 134-144.
- ZHAO L L, ZHANG X X, WEI Y A, ZHOU J, ZHANG W, QIN P J, CHINTA S, KONG X B, LIU Y P, YU H Y, HU S N, ZOU Z, BUTCHER R A, SUN J H, 2016. Ascariosides coordinate the dispersal of a plant-parasitic nematode with the metamorphosis of its vector beetle. *Nature Communications*, 7: 12341.
- ZHANG P, LI B, WU J H, HU S J, 2019a. Invasive plants differentially affect soil biota through litter and rhizosphere pathways: a meta-analysis. *Ecology Letters*, 22(1): 200-210.
- ZHANG Y Z, PENNING S C, LI B, WU J H, 2019b. Biotic homogenization of wetland nematode communities by exotic *Spartina alterniflora* in China. *Ecology*, 100(4): e02596.
- ZHOU F Y, XU L T, WANG S S, WANG B, LOU Q Z, LU M, SUN J H, 2017. Bacterial volatile ammonia regulates the consumption sequence of d-pinitol and d-glucose in a fungus associated with an invasive bark beetle. *Isme Journal*, 11(12): 2809-2820.
- ZHOU J, ZHAO L L, YU H Y, WANG Y H, ZHANG W, HU S N, ZOU Z, SUN J H, 2018. Immune tolerance of vector beetle to its partner plant parasitic nematode modulated by its insect parasitic nematode. *Faseb Journal*, 32(9): 4862-4877.