



李海强, 丁瑞丰, 阿克旦·吾外士, 刘建, 潘洪生, 李号宾, 王冬梅. 新疆棉区田间棉铃虫种群对 Bt Cry1Ac 毒蛋白的敏感性研究 [J]. 环境昆虫学报, 2022, 44 (1): 257 – 262.

新疆棉区田间棉铃虫种群对 Bt Cry1Ac 毒蛋白的敏感性研究

李海强, 丁瑞丰, 阿克旦·吾外士, 刘建, 潘洪生, 李号宾, 王冬梅*

(新疆农业科学院植物保护研究所, 农业部库尔勒作物有害生物科学观测实验站,
农业部西北荒漠绿洲作物有害生物综合治理重点实验室, 乌鲁木齐 830091)

摘要: 为了明确新疆棉区棉铃虫 *Helicoverpa armigera* (Hübner) 种群对 Bt Cry1Ac 毒蛋白的敏感性变化, 本次研究采用单雌系 F_1/F_2 代诊断剂量法于 2013 – 2019 年连续监测了新疆库尔勒市棉铃虫种群对 Cry1Ac 毒蛋白的抗性频率以及种群敏感度的变化。结果表明, 2013 – 2019 年新疆库尔勒市棉铃虫种群相对平均发育级别分别为 0.328、0.386、0.539、0.572、0.565、0.542 和 0.562。棉铃虫种群的相对平均发育级别呈逐年升高的趋势, 表明棉铃虫对 Cry1Ac 毒蛋白的敏感度降低, 但尚未发现相对发育级别 ≥ 0.8 的个体, 库尔勒市棉铃虫种群对转 Cry1Ac 基因棉花仍处于较为敏感阶段。单一大面积种植转 Cry1Ac 基因棉花可能是库尔勒地区其抗性发展的重要原因。因此, 后续还需要继续加强对库尔勒棉铃虫种群的抗性监测。

关键词: 棉铃虫; Bt 蛋白; 抗性频率; 抗性监测

中图分类号: Q965; S89

文献标识码: A

文章编号: 1674-0858 (2022) 01-0257-06

Frequency of Bt resistant alleles in wild cotton bollworm populations in Xinjiang

LI Hai-Qiang, DING Rui-Feng, Ahtam Uwayis, LIU Jian, PAN Hong-Sheng, LI Hao-Bin, WANG Dong-Mei* (Key Laboratory of Integrated Pest Management on Crop in Northwestern Oasis, Ministry of Agriculture P. R. China / Scientific Observing Experimental Station of Crop Pest in Korla, Ministry of Agriculture P. R. China / The Institute of Plant Protection, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091, China)

Abstract: The purpose of this study was to assay the sensitivity variation of *Helicoverpa armigera* (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae) to the Cry1Ac toxin in the Korla cotton growing region, Xinjiang Province. The frequency of alleles conferring resistance to Cry1Ac toxin and the relative average development rates of *H. armigera* collected in Korla were assessed from 2013 – 2019 using the F_1 and F_2 offspring, iso-female lines, combined discrimination dose method. From 2013 – 2019, the mean relative average development rates (RADRs) of *H. armigera* larvae in the Korla population were 0.328, 0.386, 0.539, 0.572, 0.565, 0.542 and 0.562, respectively. These results showed that there was an increase in the RADR of *H. armigera* during 2013 – 2019 in the Korla populations, suggesting that resistance to Cry1Ac has increased in *H. armigera* populations in Korla. The cotton bollworm population in Korla was

基金项目: 国家转基因生物新品种培育重大专项 (2016ZX08012-004); 国家自然科学基金 (31460475)

作者简介: 李海强, 男, 博士, 副研究员, 研究方向为棉花害虫综合治理, E-mail: jacky81611@163.com

* 通讯作者 Author for correspondence: 王冬梅, 硕士, 研究员, 研究方向为棉花害虫综合治理, E-mail: wdm872@sina.com

收稿日期 Received: 2020-11-16; **接受日期** Accepted: 2021-05-20

still sensitive to Cry1Ac gene in cotton. Bt transgenic cotton planted in a single large area may be an important reason for the development of resistance in Korla region. Therefore, it is necessary to strengthen the resistance monitoring of cotton bollworm.

Key words: *Helicoverpa armigera*; Bt Cry1Ac; resistance allele frequency; resistance monitoring

棉铃虫 *Helicoverpa armigera* 是危害棉花的一种重大的致灾性害虫。20 世纪 90 年代曾在我国连年暴发几乎对所有化学农药产生抗性 (吴孔明, 2005)。苏云金杆菌 *Bacillus thuringiensis* (Bt) 产生的 δ -内毒素对许多鳞翅目害虫具有很高的杀虫活性, 而对天敌和人畜很安全。自 1997 年转苏云金芽孢杆菌 (Bt) 基因棉花在我国首次商业化栽培以来, 较好地控制了棉铃虫的为害, 为棉铃虫的防控提供了一种安全有效的策略 (张洋, 2010)。然而, 长期大面积推广和种植, 棉铃虫在整个生长期都受到了 Bt 棉体内持续表达的 Bt 杀虫蛋白的高压选择, 棉铃虫将会对 Bt 棉演化出抗性 (叶萱, 2004)。Kranthi (2006) 报道从 Bt 棉花上采集棉铃虫种群后用 Bt 棉花叶片饲养 1 代, 随后直接用含 Bt Cry1Ac 的饲料筛选了 11 代后发现, 棉铃虫对 Bt Cry1Ac 的抗性达到 205 倍。虽然目前已有多种害虫检测到对蛋白产生了不同程度的抗性, 但是至今为止, 并没有发现因为害虫抗性的产生而导致转基因作物种植失败的情况, 但是抗性演变问题不可忽视。因此, 有必要进行棉铃虫对 Bt 的抗性监测, 为棉铃虫的综合治理提供理论依据 (Luttrell, 2012; Kennedy, 2017; Kukanur, 2018)。

棉铃虫对 Bt 毒蛋白抗性监测是一种有效的方法, 其目的和意义在于明确 Bt 棉花是否仍然可以在新疆继续种植, 并持续地压低棉铃虫的种群数量 (Burd, 2003; Wu, 2007)。先前的学者已进行了大量的研究。2009–2013 年, 在长江流域棉区通过不含 Bt 毒素的人工饲料和含有 1.0 mol/L Cry1A (c) 毒素的饲料, 共筛选了夏津 2 837 个棉铃虫家系和安次 2 055 个家系的生长速率, 没有发现对 Bt Cry1A (c) 有抗性的棉铃虫个体 (An, 2015)。2010–2011 年利用相同的方法, 研究了新疆棉铃虫对 Bt 棉的抗性频率进行了监测, 结果表明新疆地区棉铃虫田间种群的抗性频率仍处于敏感水平 (王冬梅, 2012)。张洋等 (2010) 利用改进的单雌系 F_1/F_2 代法, 对黄河流域主要棉区河南安阳县、河北威县、山东武城县的棉铃虫种群进行了系统监测, 结果表明, 我国黄河流域这 3 个主要棉区田间棉铃虫种群对 Cry1Ac 毒素还没有产

生明显的抗性, 抗性基因频率仍处于正常水平。李国平等 (2018) 对河南省新乡市棉铃虫种群进行了 Bt 抗性频率监测, 结果表明新乡市棉铃虫种群对 Cry1Ac 蛋白的敏感度增加, 转 Cry1Ac 基因棉花仍处于较为敏感阶段。

新疆棉区是我国重要的棉花生产基地, 近些年随着转基因棉花的引进和大面积种植, 其对棉铃虫产生的抗性也备受关注。同时, 棉铃虫对 Bt Cry1Ac 棉的敏感性的监测工作仍然开展较少。因此, 有必要对新疆棉区棉铃虫对 Cry1Ac 毒素抗性进行系统的监测。本文采用单雌系 F_1/F_2 代诊断剂量法于 2013–2019 年连续监测了新疆库尔勒市棉铃虫种群对 Cry1Ac 蛋白的抗性频率以及种群敏感度的变化。通过这些研究, 可以明确上述地区棉铃虫种群对 Cry1Ac 的敏感程度, 以及其抗性的演化过程, 为制定切实可行的棉铃虫抗性治理措施提供参考, 以保障转基因棉花在新疆有效、持久安全的利用。

1 材料与方法

1.1 供试虫源

新疆库尔勒地区是新疆 Bt 棉花集中种植区之一。2013–2019 年 7 月在新疆库尔勒地区利用 1 000 W 诱虫灯诱集 2 代棉铃虫成虫, 总计 446 个棉铃虫单雌系作为供试虫源, 用于棉铃虫种群对 Cry1Ac 抗性频率的监测。

1.2 供试 Bt Cry1Ac 蛋白

含 Cry1Ac 型 Bt ICP 20% 的 MVPII 水剂, 由 Mycogen 公司提供, 冻存于 -20°C 冰箱备用。

1.3 实验方法

采用 F_1/F_2 单雌系法: 以 Wu (1999) 确定的 $1.0\ \mu\text{g}/\text{mL}$ 饲料为诊断浓度, 并参照 Burd (2003) 的生物测定方法。在库尔勒试验基地诱集棉铃虫雌蛾, 以 10% 蜂蜜水饲养在一次性水杯中, 单头饲养后将每个雌蛾所产初孵幼虫 30~35 头接入 $1.0\ \mu\text{g}/\text{mL}$ 的 Cry1Ac 饲料中, 以不加 Cry1Ac 的人工饲料作为对照, 在温度 $27 \pm 2^{\circ}\text{C}$, 相对湿度 60%~70%, 光周期 14 L:10 D 下饲养, 6 d 后观

察幼虫发育级别, 统计幼虫的发育级别。

F_1 代幼虫在 Cry1Ac 饲料上发育与在正常饲料上发育较相近的按 10% 的比例, 将各个家系在正常饲料上存活幼虫分别保存下来, 使其羽化, 置于养虫笼中自交, 进行 F_2 代幼虫生物测定, 方法同 F_1 代幼虫生物测定。

1.4 数据处理

根据生物测定结果, 计算每个家系幼虫在两种饲料上的相对平均发育级别, 为消除环境条件的影响, 相对平均发育级别为在 Cry1Ac 饲料上的平均发育级别除以在正常饲料上的平均发育级别。试验数据处理均采用 SPSS 17.0 数据处理系统进行分析。对不同年份的相对发育级别进行单因素方差分析, 相同小写字母表示差异不显著, 不同小写字母表示差异显著。

F_2 代与 F_2 代对应的 F_1 代的相对平均发育级别利用单因素方差分析其差异显著性, F_2 代与 F_2 代对应的 F_1 代的相对平均发育级别相关性分析采用 SPSS 17.0 数据处理系统进行分析。

2 结果与分析

2.1 F_1 代棉铃虫种群的敏感性

2013 – 2019 年库尔勒棉铃虫种群各家系在 Cry1Ac 上的相对平均发育级别 (RADR) 分布见图 1。 F_1 代棉铃虫中均未观察到 RADR 大于 0.8 的个体, RADR 在 0.3 ~ 0.6 之间。

2013 – 2019 年共测试库尔勒种群分别为 60 个、38 个、48 个、53 个、59 个、83 个和 105 个雌性家系。 F_1 代棉铃虫种群的 RADRs 分别为 0.328、0.386、0.539、0.572、0.565、0.542、0.562。RADR 从 2015 年开始明显的升高 (见图 1), 在 2016 年达到峰值 0.572, 然后逐渐下降到 2019 年的 0.562, 方差分析表明, 2015 – 2019 年棉铃虫的相对发育级别显著高于 2013 年和 2014 年 ($F(6, 439) = 44.39; P < 0.0001$)。表明, 棉铃虫种群对 Cry1Ac 的 RADR 升高, 抗性增加。

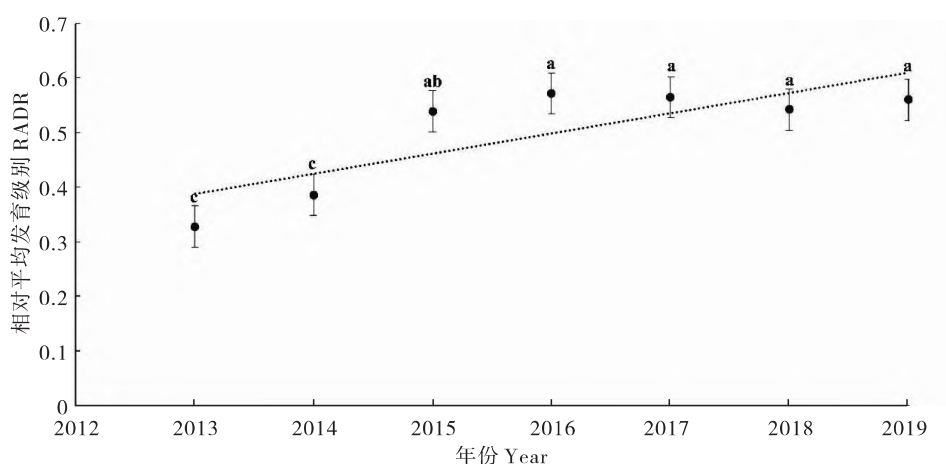


图 1 不同年份 F_1 代库尔勒棉铃虫种群相对发育级别

Fig. 1 RADR dynamics for each year in the F_1 generation in the Korla populations during 2013 – 2019

注: 图中不同小写字母 a, b 代表在 0.05 水平差异显著, 下同。Note: Different small letters in the figure were significantly at 0.05 level, the same as below.

2.2 F_1 代棉铃虫种群相对平均发育级别分布频次

2013 – 2014 年棉铃虫 F_1 代幼虫相对平均发育级别主要分布在 0.2 ~ 0.5 之间, 2015 年略有增加, 其中相对平均发育级别为 0.6 的所占比例最高。至 2016 – 2019 年则主要分布在 0.3 ~ 0.7 之间, 且相对发育级别为 0.7 的个体比例较 2016 年以前逐渐增加 (图 2)。

2.3 F_2 代棉铃虫种群的敏感性

2013 – 2019 年进行了 F_2 棉铃虫种群的 Bt Cry1Ac 毒素的抗性的生物测定。结果表明, F_2 代棉铃虫种群相对平均发育级别为 0.419 ~ 0.621, 与其对应的 F_1 代棉铃虫种群相比, 除了 2013 年和 2019 年有明显差异, 其余年份无差异 (见表 1)。在供试的 F_2 代家系中, 没有任何 1 个家系的相对平均发育级别达到 0.8。

相关性分析表明, F_2 代与 F_2 代对应的 F_1 代的相对平均发育级别间无明显相关性 ($R = 0.229$,

$P = 0.084$), 表明 F_2 代棉铃虫种群的变化没有遗传。

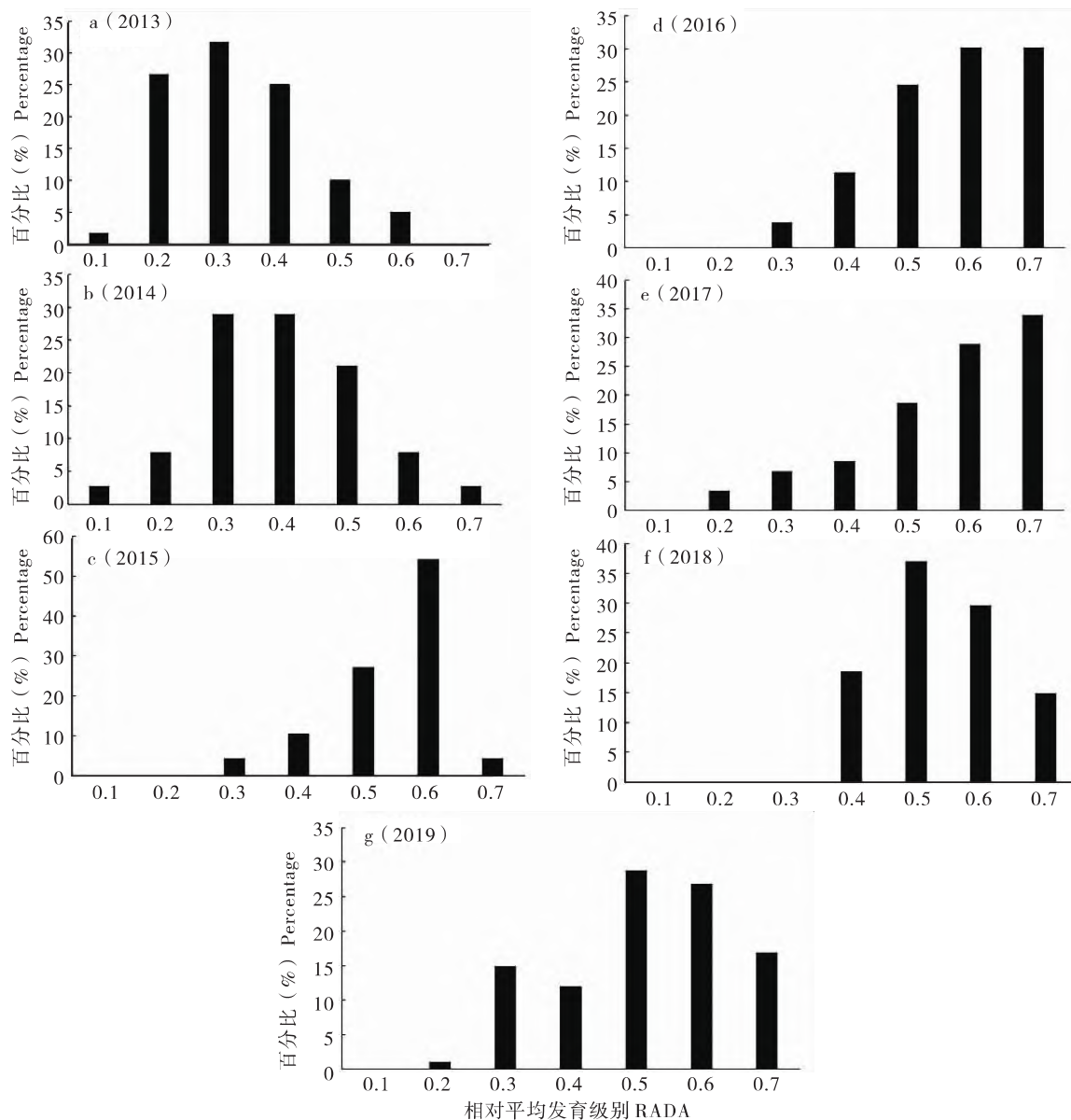


图2 棉铃虫 F_1 代幼虫相对平均发育级别分布图

Fig. 2 RADR distribution for six-day-old larvae of *Helicoverpa armigera* F_1 generation female lines on Cry1Ac diets in the Korla population during 2013–2019

表1 库尔勒棉铃虫种群 F_1 和 F_2 代幼虫的相对平均发育级别

Table 1 Relative average development ratings for larvae of *Helicoverpa armigera* F_1 and F_2 generation female lines in Korla population

年份 Year	相对平均发育级别 Relative average development rating per line		F	df	P
	F_1 代生物测定 F_1 generation	F_2 代生物测定 F_2 generation			
2013	0.556 ± 0.013 a	0.419 ± 0.016 b	6.58	3	0.007
2014	0.626 ± 0.061 a	0.589 ± 0.052 a	4.97	1	0.126
2015	0.570 ± 0.026 a	0.574 ± 0.028 a	0.10	12	0.922

续表 1 Continued table 1

年份 Year	相对平均发育级别 Relative average development rating per line		<i>F</i>	df	<i>P</i>
	F ₁ 代生物测定 F ₁ generation	F ₂ 代生物测定 F ₂ generation			
2016	0.628 ± 0.050 a	0.603 ± 0.041 a	1.18	3	0.321
2017	0.637 ± 0.017 a	0.621 ± 0.035 a	0.54	14	0.599
2018	0.632 ± 0.019 a	0.617 ± 0.046 a	1.49	7	0.178
2019	0.674 ± 0.018 a	0.585 ± 0.0279 b	2.56	11	0.026

3 结论与讨论

本文利用单雌系 F₁/F₂ 代诊断法从 2013 – 2019 年连续对新疆库尔勒棉区棉铃虫种群对 Cry1Ac 蛋白的抗性频率进行了监测。结果发现库尔勒 F₁ 代和 F₂ 代棉铃虫均未发现相对平均发育级别大于 0.8 的个体, 说明没有出现耐 Cry1Ac 蛋白的棉铃虫个体。这表明库尔勒地区棉铃虫种群仍处于敏感水平, 抗性水平较低。Li *et al.* (2010 年) 在 2005 年、2006 年和 2009 年对新疆库尔勒棉铃虫对 Cry1Ac 进行了抗性频率监测, 结果表明, F₁ 代的相对平均发育级别分别为 0.31, 0.32 和 0.49, 棉铃虫种群仍处于敏感水平。Zhang *et al.* (2018) 发现新疆棉铃虫对 Cry1Ac 的敏感性高于黄河流域和长江流域棉区。这些结果表明, 新疆南疆地区棉铃虫种群的抗性频率较低, 仍然处于对 Cry1Ac 蛋白敏感的阶段, 这与本研究结果一致。

棉铃虫对 Bt 抗性是否形成取决于多种因素, 如不同棉铃虫地理种群的密度、时空分布、Bt 基因漂移等 (Wu, 2007)。Liu *et al.* (2008) 报道, 2003 年至 2007 年, 在河北省邱县对棉铃虫抗性频率进行了抗性监测, 结果表明, 田间棉铃虫种群较实验室棉铃虫种群 Cry1Ac 产生抗性的等位基因的频率增加了 12 倍, 密集种植含 Bt Cry1Ac 蛋白的棉花引起了棉铃虫抗性的增加 (何丹军和刘凤沂等, 2001; Xu *et al.*, 2009)。这可能是由于河北邱县自 2001 年以来 Bt 基因棉占总作物种植面积的 85% 以上造成的 (潘利东等, 2013)。

棉花是新疆南部、北部和东部地区的主要作物, 是农民的主要收入来源。然而, 由于近年来作物结构的调整, 棉花种植面积在减少, 而其它经济作物种植面积在扩大。在莎车、阿克苏、哈密、伯乐、昌吉等地形成了多种农作物种植模式, 各地棉花种植比重不断下降。多种作物的分布为

棉铃虫提供了丰富的食物来源, 还可以提供庇护所, 进而减缓棉铃虫对 Bt 蛋白抗药性的发展速度 (Wan P, 2012; Wang, 2018)。因此, 天然避难所在棉铃虫的抗性管理中起着非常重要的作用 (Jin *et al.*, 2015; Takahashi *et al.*, 2016)。

转 Cry1Ac 基因棉对棉铃虫存在明显控制效果, 目前种植转基因棉大多数为转单价基因品种, 因此棉铃虫对转基因棉比对常规棉田化学农药更易产生抗性。一旦棉铃虫对转基因棉产生抗性, 转基因抗虫棉就会失去价值。新疆库尔勒地区当地主要以种植棉花为主, 棉花栽培面积较大, 且连年种植很有可能导致棉铃虫对 Bt 蛋白的敏感性下降。因此, 为了确保 Bt 棉花能够在新疆可持续安全种植仍需继续监测棉铃虫对 Bt 棉花的抗性变化, 为棉铃虫的综合治理提供理论依据。

参考文献 (References)

- An JJ, Gao YL, Lei CL, *et al.* Monitoring cotton bollworm resistance to Cry1Ac in two counties of northern China during 2009 – 2013 [J]. *Pest Management Science*, 2015, 71 (3): 377 – 382.
- Burd AD, Gould F, Bradley JR, *et al.* Estimated frequency of nonrecessive Bt resistance genes in bollworm, *Helicoverpa zea* (Boddie) (Lepidoptera: Noctuidae) in Eastern North Carolina [J]. *Journal of Economic Entomology*, 2003, 96 (1): 137 – 142.
- Daisuke T, Takehiko Y, Masaaki S, *et al.* Is a larger refuge always better? Dispersal and dose in pesticide resistance evolution [J]. *Evolution*, 2016, 71 (6): 1494 – 1503.
- He DJ, Shen JL, Zhou WJ, *et al.* Using F₂ genetic method of iso – female lines to detect the frequency of resistance alleles to *Bacillus thuringiensis* toxin from transgenic Bt cotton in cotton bollworm (Lepidoptera: Noctuidae) [J]. *Cotton Science*, 2001, 13 (2): 105 – 108. [何丹军, 沈晋良, 周威君, 等. 应用单雌系 F₂ 代法检测棉铃虫对转 Bt 基因棉抗性等位基因的频率 [J]. 棉花学报, 2001, 13 (2): 105 – 108]
- Jin L, Zhang HN, Lu YH, *et al.* Large – scale test of the natural refuge strategy for delaying insect resistance to transgenic Bt crops [J]. *Nature Biotechnology*, 2015, 33 (2): 169 – 174.
- Kennedy N, Kirti S, Gujar GT. Frequency of alleles conferring resistance to Cry1Ac toxin of *Bacillus thuringiensis* in population of *Helicoverpa*

- armigera* (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae) from India [J]. *Indian Journal of Experiment Biology*, 2017, 55 (10): 728–733.
- Kukanura VS, Singha TVK, Kranthi KR, *et al.* Cry1Ac resistance allele frequency in field populations of *Helicoverpa armigera* (Hübner) collected in Telangana and Andhra Pradesh, India [J]. *Crop Protection*, 2018, 107: 34–40.
- Kranthi KR, Dhawad CS, Naidu SR, *et al.* Inheritance of resistance in Indian *Helicoverpa armigera* (Hübner) to Cry1Ac toxin of *Bacillus thuringiensis* [J]. *Crop Protection*, 2006, 25: 119–124.
- Li GP, Gao LN, Huang JR, *et al.* Frequency of Bt resistant alleles in wild cotton bollworm populations [J]. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 2018, 55 (1): 49–54. [李国平, 高丽娜, 黄建荣, 等. 田间棉铃虫种群对 Cry1Ac 蛋白的抗性基因频率 [J]. 应用昆虫学报, 2018, 55 (1): 49–54]
- Li GP, Feng HQ, Gao YL, *et al.* Frequency of Bt resistance alleles in *Helicoverpa armigera* in the Xinjiang cotton-planting region of China [J]. *Environmental Entomology*, 2010, 39 (5): 1698–1704.
- Liu FY, Zhu YC, Shen JL. Monitoring resistance to transgenic Bt cotton in field populations of *Helicoverpa armigera* (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae) with F₁ screening method [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2008, 51 (9): 938–945. [刘凤沂, 朱玉成, 沈晋良. F₁ 代法监测田间棉铃虫对转 Bt 基因棉的抗性 [J]. 昆虫学报, 2008, 51 (9): 938–945]
- Luttrell RG, and Jackson RE. *Helicoverpa zea* and Bt cotton in the United States [J]. *GM Crops Food*, 2012, 3 (3): 213–227.
- Pan LD, Shi M, Zhang K, *et al.* Analysis of frequency of resistance allele to transgenic Bt cotton in field populations of *Helicoverpa armigera* (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae) with F₁ screening method [J]. *Cotton Science*, 2013, 25 (3): 240–246. [潘利东, 施明, 张凯, 等. F₁ 代法检测棉铃虫种群对 Bt 棉的抗性等位基因频率变化 [J]. 棉花学报, 2013, 25 (3): 240–246]
- Wang DM, Li HQ, Ding RF, *et al.* Frequency of resistance to *Bacillus thuringiensis* toxin Cry1Ac in Xinjiang field population of *Helicoverpa armigera* [J]. *Journal of Plant Protection*, 2012, 39 (6): 518–522. [汪冬梅, 李海强, 丁瑞丰, 等. 新疆地区棉铃虫自然种群对 Bt 棉的抗性频率监测 [J]. 植物保护学报, 2012, 39 (6): 518–522]
- Wang PP, Ma JH, Graham PH, *et al.* Susceptibility of *Helicoverpa armigera* to two Bt toxins, Cry1Ac and Cry2Ab, in northwestern China: Toward developing an IRM strategy [J]. *Journal of Pest Science*, 2019, 92: 923–931.
- Wan P, Huang YX, Wu HH, *et al.* Increased frequency of pink bollworm resistance to Bt toxin Cry1Ac in China [J]. *Crop Protection*, 2018, 107: 34–40.
- Wu KM, Guo YY. The evolution of cotton pest management practices in China [J]. *Annual Review of Entomology*, 2005, 50: 31–52.
- Wu KM. Monitoring and management strategy for *Helicoverpa armigera* resistance to Bt cotton in China [J]. *Journal of Invertebrate Pathology*, 2007, 95 (3): 1–223.
- Xu ZP, Liu FY, Chen J, *et al.* Using an F₂ screen to monitor frequency of resistance alleles to Bt cotton in field populations of *Helicoverpa armigera* (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae) [J]. *Pest Management Science*, 2009, 65 (4): 391–397.
- Ye X. Insect resistance to Bt crops [J]. *World Pesticides*, 2004, 6 (2): 33–37. [叶萱. 昆虫对 Bt 作物的抗性 [J]. 世界农药, 2004, 6 (2): 33–37]
- Zhang Y, Zhang S, Cui JJ. Frequency of Bt resistance alleles in *Helicoverpa armigera* populations from the Yellow River cotton-farming region of China [J]. *Cotton Science*, 2010, 22 (4): 297–303. [张洋, 张帅, 崔金杰. 黄河流域田间棉铃虫对转 Bt 基因棉抗性监测 [J]. 棉花学报, 2010, 22 (4): 297–303]
- Zhang DD, Xiao YT, Chen WB, *et al.* Field monitoring of *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae) Cry1Ac insecticidal protein resistance in China (2005–2017) [J]. *Pest Management Science*, 2018, 75 (3). Doi: 10.1002/ps.5175.