

易春燕,刘旭,王燕平,等.草地贪夜蛾与黏虫肠道微生物的多样性分析[J].江苏农业科学,2024,52(5):140-145.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.05.021

# 草地贪夜蛾与黏虫肠道微生物的多样性分析

易春燕<sup>1</sup>,刘旭<sup>1</sup>,王燕平<sup>1</sup>,刘昌华<sup>1</sup>,刘虹伶<sup>1</sup>,吕玉梅<sup>2</sup>,文维书<sup>3</sup>,雷贤富<sup>4</sup>,张翠翠<sup>1</sup>

(1. 四川省农业科学院植物保护研究所/农业农村部西南作物有害生物综合治理重点实验室,四川成都 610066;

2. 四川省英县蓬莱镇农业服务中心,四川英县 629300; 3. 四川省屏山县农业农村局,四川屏山 645350;

4. 四川省宜宾市叙州区农业农村局,四川宜宾 644600)

**摘要:**通过比较分析对食用玉米叶的草地贪夜蛾与黏虫体内肠道共生菌进行比较分析,研究玉米叶内生细菌的组成与草地贪夜蛾和黏虫肠道微生态的相互关系。选用玉米叶饲养的草地贪夜蛾和黏虫,通过 16S rDNA 全长扩增子测序,比较分析其肠道菌群多样性和丰富度。由  $\alpha$  多样性研究结果可知,草地贪夜蛾和黏虫肠道菌群多样性、物种丰富度比较接近; $\beta$  多样性分析结果也表明,草地贪夜蛾和黏虫肠道菌群落结构相似性较高。KEGG 通路功能预测结果表明,草地贪夜蛾和黏虫肠道菌群中均以代谢功能占比最高,主要涉及糖类代谢、氨基酸代谢和能量代谢。同样取食玉米叶的草地贪夜蛾和黏虫的肠道细菌在门水平上的核心菌群相同,在属水平上的优势菌属丰度和物种多样性差异不大,群落结构相似度高,菌群功能差异不显著,其原因可能是物种遗传特点相似、取食食物和生长环境中微生物种类相同。

**关键词:**草地贪夜蛾;黏虫;玉米叶;肠道微生物;多样性;丰度

**中图分类号:**S433.4 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)05-0140-06

草地贪夜蛾(*Spodoptera frugiperda*),又名秋黏虫、行军虫,属鳞翅目(Lepidoptera)、夜蛾科(Noctuidae),是原产于美洲的重要的农业入侵害虫,危害禾本科、豆科和菊科等 76 科 353 种植物,具

有飞行能力强、繁殖速度快、迁徙速度快等特点。该虫于 2019 年 1 月 11 日入侵我国云南省<sup>[1-4]</sup>,随后迅速扩散至 26 个省(市、区),对我国农业生产造成了巨大的威胁。黏虫(*Mythimna separata*)属鳞翅目(Lepidoptera)夜蛾科(Noctuidae),是一种多食性、暴发性害虫,喜食禾本科作物<sup>[5-8]</sup>。田间调查发现,草地贪夜蛾与黏虫形态相近,常在我国重要的粮食作物玉米上分布,防治不及时的区域虫害发生严重,影响玉米产量。

有人就草地贪夜蛾与黏虫的幼虫和成虫的形态差异进行了很多研究,为草地贪夜蛾的准确鉴别

收稿日期:2023-05-19

基金项目:四川省科技计划(编号:2021YJ0261、2019YFN0180、2023NSFSC0152)。

作者简介:易春燕(1990—),女,四川成都人,硕士,助理研究员,研究方向为农业昆虫与害虫防治。E-mail:yichunyan2023@163.com。  
通信作者:张翠翠,硕士,助理研究员,研究方向为经济作物害虫研究及农药研发。E-mail:997074811@qq.com。

[23] Morkunas I, Narozna D, Nowak W, et al. Cross-talk interactions of sucrose and *Fusarium oxysporum* in the phenylpropanoid pathway and the accumulation and localization of flavonoids in embryo axes of yellow lupine[J]. Journal of Plant Physiology, 2011, 168(5): 424-433.

[24] 杨振国,侯凤莲.光照对玉米苯丙氨酸解氨酶活性的影响[J].吉林林学院学报,1997,13(3):151-153.

[25] 何发林,曹莹莹,李冠群,等.氯虫苯甲酰胺拌种对玉米种子活力及幼苗生长的影响[J].中国农学通报,2019,35(15):151-158

[26] 朱京斌,单成钢,倪大鹏,等.“倒扣滤纸”纸床法在小粒种子发芽率测定方面的优势研究[J].种子科技,2016,34(10):127-128.

[27] 董永义,韩宁宁.种衣剂对玉米出苗和幼苗生长的影响[J].江苏农业科学,2016,44(4):149-151.

[28] 张梦晗,杨换玲,郭线茹,等.吡虫啉种衣剂对小麦种子萌发和幼苗生长的影响及相关生理机制[J].河南农业科学,2015,44(8):76-79,91.

[29] 姚晨涛,乔志华,宋雪慧,等.不同成膜剂对玉米噻虫啉悬浮种衣剂的持效性及安全性影响[J].作物学报,2020,46(2):269-279.

[30] 王雅玲,孙丽娜,杨代斌,等.戊唑醇和苯醚甲环唑种子处理对玉米幼苗生长的影响比较[J].作物杂志,2009(4):60-63.

[31] 赵磊磊,聂立水,朱清科,等.种子包衣及其在中国的应用研究[J].中国农学通报,2009,25(23):126-131.

[32] 庄炳昌,岳德荣,王玉民,等.大豆不同品种次生代谢产物及相关酶类含量与抗食心虫的关系[J].中国油料,1992,14(3):18-20.

[33] 李润植,毛雪,李彩霞,等.棉花诱导抗蚜性与次生代谢相关酶活性的关系[J].山西农业大学学报,1998,18(2):165-168.

和田间调查提供依据<sup>[9-12]</sup>。与草地贪夜蛾、黏虫外部生态学、生物学研究相比,关于两者肠道微生物差异的研究还比较少。大量微生物栖居在昆虫肠道内,形成肠道的微生态系统,而昆虫肠道的微生物种类和丰富度因食物、地区和生长发育等不同而出现差异,同一地区以相同食物为食的不同昆虫间肠道微生物有较大差异<sup>[13-15]</sup>。徐天梅等发现,从云南 2 个不同地区采集的草地贪夜蛾肠道内可培养的优势菌属种类有一定的相似性之处<sup>[16]</sup>。顾偲铖等采用分离培养鉴定法研究草地贪夜蛾与黏虫肠道菌群时发现,草地贪夜蛾和黏虫虽然生长在相同的环境中且食用相同的食物,但肠道细菌组成差异很大<sup>[17-18]</sup>。草地贪夜蛾、黏虫的生态位和寄主范围相似,这可能使得这 2 个物种的肠道微生物具有一定的相似性,两者同时入侵将加重危害程度。

本研究比较草地贪夜蛾、黏虫肠道细菌群落结构和多样性差异,预测其肠道代谢途径的功能,以获得它们在肠道微生物和代谢途径方面的异同,并探讨 2 种害虫与玉米叶内生菌间的关系,研究结果将为探索肠道微生物在生物防治方面的研究奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试虫源

2022 年 8 月从四川省农业科学院新都基地将草地贪夜蛾与黏虫采回室内,在智能光照培养箱(鸿科 GHP-160 中国)中以恒温( $27 \pm 1$ )℃、相对湿度 75%、光—暗周期为 16 h—8 h 的条件,采用室外种植的玉米叶片在养虫盒中饲养,分别记为 Sf 组和 Ms 组,各取 4 个平行。

### 1.2 肠道解剖

将收集的 9 日龄试虫转移至新的离心管中,在饲养环境下饥饿处理 24 h,使试虫体内的肠道菌群达到相对稳定的水平。将饥饿处理后的试虫采用无菌水清洗 1 遍,置于 75% 乙醇中浸泡 2 min,然后用无菌水冲洗去除残留的乙醇。在无菌条件下完整地取出肠道,置于无菌离心管中,采用液氮速冻,于  $-80$ ℃ 冰箱内保存、待用。

### 1.3 试虫肠道共生菌群与玉米叶内生菌 16S rDNA 全长扩增子测序

采用 CTAB 法提取试虫肠道菌群与玉米叶内生菌的基因组 DNA,测定 DNA 浓度,并用琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的完整性。PCR 全长扩增,产物纯化,构建 SMART bel 文库,PacBio 上机进行高通量

测序。

### 1.4 数据分析

PacBio 下机数据通过美国太平洋生物科学公司(PacBio) SMRT 分析软件导出 bam 文件。按 barcode 区分样本后进行操作分类单元(OTU)聚类 and 物种分类分析。根据 OTU 聚类结果,对每个 OTU 的代表序列进行物种注释,得到对应的物种信息和基于物种的丰度分布情况;对 OTU 进行样品复杂度分析( $\alpha$  多样性指数),得到样品内物种丰富度、Shannon 指数、辛普森指数、Chao1 指数、ACE 指数、覆盖度和谱系多样性指数;对 OTU 进行多序列比对( $\beta$  多样性指数),得到不同样品和分组的群落结构差异,以无度量多维标定法(NMDS)降维图展示;用 LEfSe 分析方法对分组样品的物种组成和群落结构进行差异显著性检验,以 LDA 值分布柱状图展示。采用 KEGG 数据库预测草地贪夜蛾与黏虫幼虫肠道菌群功能,通过对每个 OTU 进行 KEGG 功能注释,获得 OTU 在 KEGG 各功能水平的注释信息。

## 2 结果与分析

### 2.1 菌群 OTU 物种注释及相对丰度差异

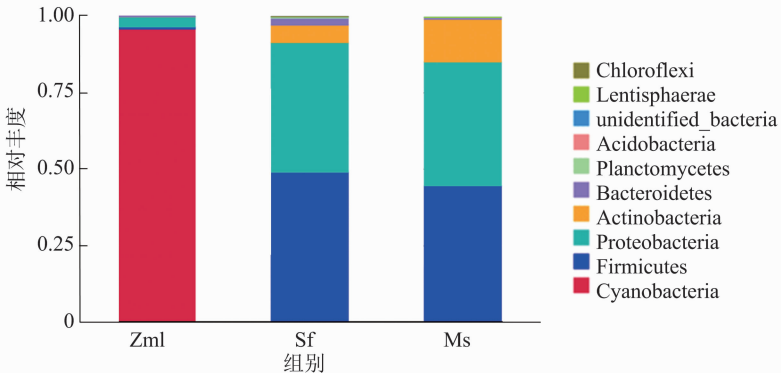
由图 1 可知,草地夜贪蛾(Sf)共获得 56 276 条有效的细菌序列和 185 个 OTU,通过物种注释后获得 16 门和 118 属;黏虫(Ms)共获得 44 591 条有效的细菌序列和 232 个 OTU,通过物种注释后获得 11 门和 93 属;玉米叶(Zml)共获得 51 927 条有效的细菌序列和 43 个 OTU,通过物种注释后获得 5 门和 19 属。草地贪夜蛾、黏虫和玉米叶片共注释到 19 个门和 158 个属。



图1 草地贪夜蛾、黏虫的肠道菌群和玉米叶的内生菌群维恩图

由图 2 可知,在门分类水平,变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)和酸杆菌门(Acidobacteria)是 Sf 组和 Ms 组细菌菌群的主要门。厚壁菌门是 Sf 组和 Ms 组中相对丰度最高的门,其在 Ms4 组中的相对丰度显著高于其余各组。变形菌门是 Sf 组和 Ms 组中的第

二大门,其在 Ms2 组的相对丰度显著高于其余各组。另外,酸杆菌门在 Ms1 组的相对丰度显著高于其余各组,拟杆菌门在 Sf2 组的相对丰度显著高于其余各组。玉米叶内共生菌主要是蓝细菌门(Cyanobacteria)(91.07%),其次是厚壁菌门(6.48%)和变形菌门(2.36%),其余门的相对丰度均低于 0.1%。

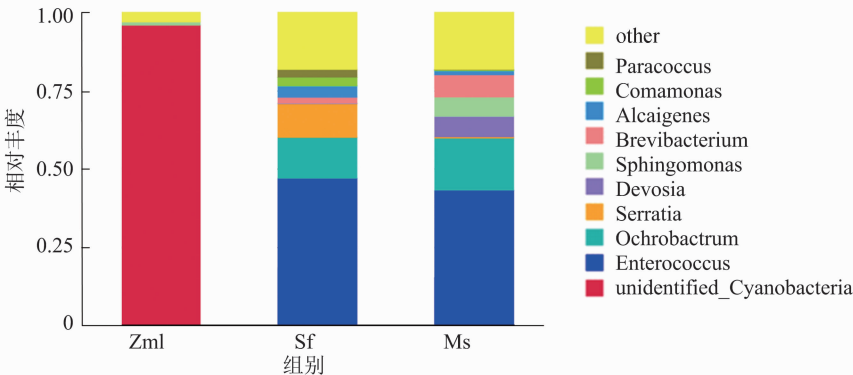


Cyanobacteria—蓝细菌门; Firmicutes—厚壁菌门; Proteobacteria—变形菌门; Actinobacteria—放线菌门; Bacteroidetes—拟杆菌门; Planctomycetes—浮霉菌门; Acidobacteria—酸杆菌门; Lentisphaerae—黏胶球形菌门; Chloroflexi—硫细菌门; unidentified-bacteria—未命名细菌

图2 在门水平上相对丰富度前 10 的物种组成

在属分类水平中,肠球菌属(Enterococcus)、苍白杆菌属(Ochrobactrum)和沙雷氏菌属(Serratia)是 Sf 组和 Ms 组细菌菌群的主要属。由图 3 可知, Sf 组肠道中肠球菌属的相对丰度(35.23%)明显高于 Zml 和 Ms 组肠道中的相对丰度(分别为 0.01%

和 30.02%);在 Ms 组肠道中沙雷氏菌属的相对丰度(16.57%)明显高于 Zml 和 Sf 组肠道中的相对丰度(分别为 0.01% 和 7.21%);而 unidentified\_Cyanobacteria 在 Zml 和 Sf 组中均检测出一定的相对丰度,而在 Ms 组中未被检测出。



unidentified\_Cyanobacteria—未命名蓝细菌; Enterococcus—肠球菌属; Ochrobactrum—苍白杆菌属; Serratia—沙雷氏菌属; Devosia—呕吐毒素脱毒菌属; Sphingomonas—鞘脂单胞菌属; Brevibacterium—短杆菌属; Alcaligenes—产碱杆菌属; Comamonas—丛毛单胞菌属; Paracoccus—副球菌属; others—其他

图3 在属水平上相对丰富度前 10 的物种组成

## 2.2 草地贪夜蛾与黏虫肠道微生物丰富度与多样性分析

对不同样品在 97% 一致性阈值下的  $\alpha$  多样性指数进行统计。由表 1 可知,草地贪夜蛾肠道菌群的 Chao1 指数(79.94)和 ACE 指数(81.04)稍低于黏虫的 Chao1 指数(85.56)和 ACE 指数(87.91),

但不显著( $P > 0.05$ );草地贪夜蛾与黏虫的香农(Shannon)指数和辛普森(Simpson)指数分别为 2.76、2.90 和 0.73、0.70,各组之间存在差异但不显著( $P > 0.05$ ),说明菌群中优势种的集中程度相近。采用 Shannon 指数和 Chao1 指数来评估草地贪夜蛾与黏虫肠道细菌菌群的丰富度和多样性(表 1), Sf

表 1 α 多样性指数

组别	物种丰富度	香农指数	辛普森指数	Chao1 指数	ACE 指数	覆盖度(%)	谱系多样性指数
Sf	65.50 ± 33.85a	2.76 ± 0.70a	0.73 ± 0.10a	79.94 ± 33.95a	81.04 ± 38.85a	1.00 ± 0.00a	8.14 ± 3.73a
Ms	84.25 ± 54.85a	2.90 ± 1.61a	0.70 ± 0.25a	86.26 ± 46.42a	88.78 ± 49.59a	1.00 ± 0.00a	8.25 ± 4.26a

注:同列数据后不同小写字母表示差异不显著( $P>0.05$ )。下表同。

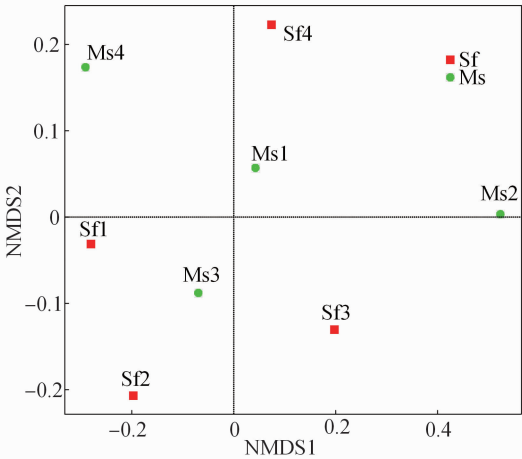
组和 Ms 组细菌菌群的丰富度存在差异但不显著( $P>0.05$ )。两者的谱系多样性指数差异不显著,表明两者肠道菌群间亲缘关系复杂度差异不显著。

对草地贪夜蛾与黏虫肠道菌群的相异系数进行检测,结果(图 4)表明,它们之间的加权 Unifrac 距离和未加权 Unifrac 距离分别为 0.31 和 0.65,表明草地贪夜蛾与黏虫肠道菌群的差异较小。无度量多维标定法(NMDS, non - metric multi - dimensional scaling)分析结果表明各样本间有些差异,但草地贪夜蛾与黏虫二者之间的肠道群落结构没有表现出明显的分组,相似性较高。

采用 Shannon 指数和 Chao1 指数评估草地贪夜蛾与黏虫肠道细菌菌群的丰富度和多样性,由表 1 可知,Sf 组和 Ms 组细菌菌群的丰富度存在差异,但不显著( $P>0.05$ )。

2.3 草地贪夜蛾与黏虫肠道微生物组成差异分析

为找到草地贪夜蛾和黏虫肠道微生物各分类水平下具有统计差异的生物标志物,本研究做组间  $t$  检测,但各水平均无显著差异的物种( $P>0.05$ )。故



压力值=0.027<0.2,表明 NMDS 可准确反映样品间的差异程度;Sf1~Sf4、Ms1~Ms4—Sf 组、Ms 组的 4 个重复

图4 NMDS 分析

又采用 LEfse 分析,在组间寻找具有统计学差异的 Biomarker。由图 5 可知,黏虫具有显著差异的为变性菌纲;草地贪夜蛾肠道细菌具有显著差异的为苍白杆菌。

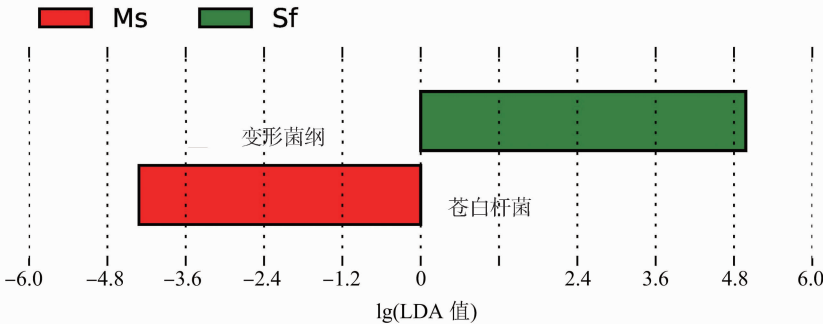


图5 LDA 值分布柱状图

2.4 菌群基因功能预测

采用 KEGG 数据库对草地贪夜蛾、黏虫的肠道菌群测序数据进行差异显著分析,共注释到 6 种 KEGG 一级功能通路。由表 2 可知,草地贪夜蛾和黏虫肠道菌群间的各通路无显著性差异( $P>0.05$ )。其中,代谢功能通路的丰度占一级功能通路的 1/2,说明草地贪夜蛾和黏虫肠道菌群主要参与代谢反应。对二者肠道菌代谢通路的二级通路

进行注释,共注释到 12 种代谢功能通路(表 3)。这些二级通路对应的功能中,糖类代谢在二者肠道中的占比为:草地贪夜蛾 23.37%、黏虫 22.05%,氨基酸代谢在二者肠道中的占比为:草地贪夜蛾 18.45%、黏虫 19.79%。由此可知,草地贪夜蛾和黏虫均以糖类代谢和氨基酸代谢为最主要的代谢通路,虽然存在数量上的差异,但趋势上基本相同。

表 2 KEGG 通路丰度差异 (LEVEL1)

组别	各通路的丰度							
	代谢	环境信息处理	遗传信息处理	未分类	细胞过程	人类疾病	组织系统	无
Sf	3 183 324 ± 2 369 710a	1 449 862 ± 1 338 752a	954 551 ± 692 149a	1 018 137 ± 972 771a	150 654 ± 45 319a	65 824 ± 43 453a	33 846 ± 16 827a	9 189 ± 6 257a
Ms	2 085 736 ± 935 145a	895 661 ± 447 356a	654 526 ± 214 813a	520 828 ± 193 662a	174 364 ± 91 623a	49 299 ± 29 127a	24 383 ± 11 490a	6 026 ± 3 551a

表 3 肠道菌群基因与代谢相关 KEGG 通路注释 (LEVEL2)

组别	各通路的丰度						
	糖类代谢	氨基酸代谢	能量代谢	辅助因子和 维生素代谢	核苷酸代谢	脂质代谢	未分类代谢
Sf	741 142 ± 309 645a	585 229 ± 202 735a	313 796 ± 113 069a	234 240 ± 96 116a	187 599 ± 64 126a	201 271 ± 66 308a	198 412 ± 93 068a
Ms	472 589 ± 78 273a	423 990 ± 108 533a	218 642 ± 48 903a	155 598 ± 43 389a	134 271 ± 22 446a	145 180 ± 36 922a	105 985 ± 13 570a

组别	各通路的丰度					
	外源化学物质 生物降解代谢	酶家族	卅类和聚酮类 化合物代谢	聚糖生物 合成与代谢	其他氨基酸 代谢	其他次生代谢 产物生物合成
Sf	192 566 ± 57 741a	120 302 ± 51 924a	109 488 ± 32 076a	118 128 ± 54 651a	117 140 ± 43 109a	52 238 ± 19 347a
Ms	151 477 ± 46 810a	72 548 ± 13 006a	81 776 ± 17 759a	63 442 ± 11 031a	81 071 ± 19 427a	36 418 ± 7 567a

3 讨论

肠道微生物的主要功能是帮助宿主消化食物、帮助宿主降解有毒有害物质、增强宿主免疫、提高宿主环境适应性、调节宿主行为等<sup>[19-23]</sup>,大量微生物与昆虫共生,与宿主协同进化,直接或间接地在宿主生长发育中发挥重要作用。昆虫肠道微生物结构受遗传、食物、生存环境和物种差异等因素影响<sup>[24]</sup>。在对取食不同寄主植物的 3 种植食性叶蜂的肠道菌群研究中发现,3 种叶蜂的肠菌群组成与其各自的寄主植物密切相关<sup>[25]</sup>,同样取食椰子树的椰心叶甲与椰子织蛾,两者肠道菌群、代谢通路方面存在一定差异<sup>[26]</sup>。

本研究采用 16S rDNA 扩增子测序法对草地贪夜蛾、黏虫的肠道菌微生物多样性进行系统分析,共注释到 19 门 23 纲 43 目 77 科 158 属。草地贪夜蛾和黏虫的肠道细菌均以厚壁菌门和变形菌门为优势菌门,之前有人也发现鳞翅目昆虫肠道微生物主要以变形菌门、放线菌门和厚壁菌门为主<sup>[19,27-28]</sup>。玉米叶内共生菌主要是蓝细菌门(91.07%),但玉米叶内生菌中的厚壁菌门、变形菌门、拟杆菌门及放线菌门是在草地贪夜蛾和黏虫肠道中检测到的共有细菌,表明这些微生物可能源于植物内生菌。其中,梭杆菌门、软壁菌门、浮霉菌门仅在草地贪夜蛾和黏虫肠道中存在,说明这些微生物不是源于植物内生菌,可能是从环境中获得的。

有研究表明,鳞翅目昆虫幼虫在相同环境中生长,如果取食相同食物,其肠道微生物的优势属相同,虽然菌株略有不同,但菌群组成相似度却很高,推测与其取食食物相同及均归属于鳞翅目有关<sup>[29]</sup>。本研究的对象草地贪夜蛾和黏虫均属鳞翅目昆虫,其生活环境、取食食物均相同,α 多样性分析表明,两者肠道细菌群多样性、丰富度比较接近,同时,β 多样性分析结果也发现二者肠道菌群结构相似度较高,这与前人研究结果<sup>[29]</sup>相一致。顾偲铨等就重庆地区取食高粱的草地贪夜蛾与黏虫的肠道细菌进行比较,分离鉴定结果显示,虽然草地贪夜蛾和玉米黏虫生长在相同环境、取食相同的食物,但它们的肠道细菌组成差异很大,这与本研究结果不同,可能是因为其研究的是野外种,且采用的培养条件单一,而本研究采用实验室玉米叶片饲养多代草地贪夜蛾和黏虫,也从侧面显示肠道共生菌与宿主有协同进化的关系<sup>[17]</sup>。

两者代谢通路方面虽然存在差异但不显著,其肠道微生物的功能均以代谢为主,其中以糖类代谢和氨基酸代谢所占比例最高。另外,能量代谢也占有较高的比例,表明肠道细菌在协助草地贪夜蛾和黏虫进行代谢,并帮助宿主合成自身不能合成的各种物质,进而在适应环境中发挥着重要作用。但是总体上来看,草地贪夜蛾和黏虫的肠道微生物在代谢通路上具有较高的一致性,可能是由于二者均属于鳞翅目昆虫,遗传特性、食性、习性较一致。这些



微生物在糖类代谢、氨基酸代谢或能量代谢方面可能会与其宿主发生相互作用。

本研究分析了草地贪夜蛾、黏虫肠道细菌及玉米叶内生菌的组成,静态地反映了二者肠道菌群的情况,初步探究了食物对草地贪夜蛾及黏虫肠道菌群的影响,为后续深入研究奠定了基础。今后笔者将结合其他技术手段分析取食不同玉米品种,来自不同生长环境或不同地点的这 2 种害虫肠道微生物组成,及单个菌群在草地贪夜蛾、黏虫等宿主肠道微生态中发挥的作用。

#### 参考文献:

- [1] 杨学礼,刘永昌,罗茗钟,等. 云南省江城县首次发现迁入我国西南地区的草地贪夜蛾[J]. 云南农业,2019(1):72.
- [2] 郭奚杰,杨平俊,高会会,等. 草地贪夜蛾生物学特性及绿色防控研究进展[J]. 农业工程技术,2021,41(11):32-33.
- [3] 姜玉英,刘杰,谢茂昌,等. 2019 年我国草地贪夜蛾扩散为害规律观测[J]. 植物保护,2019,45(6):10-19.
- [4] Montezano D G, Specht A, Sosa - Gómez D R, et al. Host plants of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in the americas[J]. African Entomology, 2018, 26(2): 286-300.
- [5] 韦秋凤. 黏虫的生物学特性与防治技术初探[J]. 广西农学报, 2012, 27(6): 26-28.
- [6] 林昌善. 黏虫发生规律的研究 IV. 与黏虫蛾远距离迁飞降落过程有关的气象物理因素的分析[J]. 植物保护学报, 1963, 2(2): 111-122.
- [7] 赵圣菊. 黏虫迁飞与气象条件关系的研究[J]. 科学通报, 1982(11): 692-695.
- [8] 张安国. 黏虫的鉴别及发生规律分析[J]. 农技服务, 2010, 27(8): 1005-1006.
- [9] 赵胜国, 罗倩明, 孙小旭, 等. 草地贪夜蛾与斜纹夜蛾的形态特征和生物学习性比较[J]. 中国植保导刊, 2019, 39(5): 26-35.
- [10] 陈琦, 段云, 侯艳红, 等. 草地贪夜蛾与玉米灌浆期 3 种常见夜蛾科害虫的形态特征比较[J]. 植物保护, 2020, 46(1): 34-41.
- [11] 李国平, 王亚楠, 李辉, 等. 河南省苗期玉米田草地贪夜蛾幼虫与常见其他种类害虫的识别特征[J]. 中国生物防治学报, 2019, 35(5): 747-754.
- [12] 郭井非, 静大鹏, 太红坤, 等. 草地贪夜蛾形态特征及与 3 种玉米田为害特征和形态相近鳞翅目昆虫的比较[J]. 植物保护, 2019, 45(2): 7-12.
- [13] Sharon G, Segal D, Ringo J M, et al. Commensal bacteria play a role in mating preference of *Drosophila melanogaster*[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2010, 107(46): 20051-20056.
- [14] Sharon G, Segal D, Zilber - Rosenberg I, et al. Symbiotic bacteria are responsible for diet - induced mating preference in *Drosophila melanogaster*, providing support for the hologenome concept of evolution[J]. Gut Microbes, 2011, 2(3): 190-192.
- [15] 任雪敏, 徐志文, 赵斌, 等. 草地贪夜蛾的捕食性天敌昆虫研究进展[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(8): 15-22.
- [16] 徐天梅, 符成悦, 苏造堂, 等. 云南草地贪夜蛾扩散区与首发地种群肠道细菌群落组成结构及多样性的比较[J]. 植物保护, 2020, 46(4): 116-125.
- [17] 顾偌铨, 唐运林, 吴燕燕, 等. 重庆地区取食高粱的草地贪夜蛾与玉米黏虫肠道细菌比较[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2019, 41(8): 6-13.
- [18] 唐运林, 吴燕燕, 顾偌铨, 等. 重庆地区草地贪夜蛾肠道细菌的分离鉴定[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2019, 41(7): 8-14.
- [19] 陈勃生, 鲁兴萌, 邵勇奇. 鳞翅目昆虫肠道微生物的多样性及其与宿主的相互作用[J]. 昆虫学报, 2017, 60(6): 710-722.
- [20] Dantur K I, Enrique R, Welin B, et al. Isolation of cellulolytic bacteria from the intestine of *Diatraea saccharalis* larvae and evaluation of their capacity to degrade sugarcane biomass[J]. AMB Express, 2015, 5: 15.
- [21] Anand A A P, Vennison S J, Sankar S G, et al. Isolation and characterization of bacteria from the gut of *Bombyx mori* that degrade cellulose, xylan, pectin and starch and their impact on digestion[J]. Journal of Insect Science, 2010, 10(1): 107.
- [22] Mason C J, Lowe - Power T M, Rubert - Nason K F, et al. Interactions between bacteria and aspen defense chemicals at the phyllosphere - herbivore interface [J]. Journal of Chemical Ecology, 2016, 42(3): 193-201.
- [23] Shao Y Q, Chen B S, Sun C, et al. Symbiont - derived antimicrobials contribute to the control of the lepidopteran gut microbiota[J]. Cell Chemical Biology, 2017, 24(1): 66-75.
- [24] 郭志斌, 蒋睿轩, 唐运林, 等. 重庆地区取食高粱的草地贪夜蛾肠道细菌新分离株的鉴定[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2019, 41(9): 9-16.
- [25] 张帅帅, 南小宁, 王云果, 等. 基于 PCR - DGGE 技术的 3 种植食性叶蜂幼虫肠道细菌群落结构分析[J]. 西北林学院学报, 2017, 32(5): 154-160.
- [26] 李紫成, 吕宝乾, 卢辉, 等. 椰心叶甲、椰子织蛾肠道菌群多样性分析[J]. 生物安全学报, 2020, 29(4): 252-257, 291.
- [27] 郑亚强, 杜广祖, 李亦非, 等. 马铃薯块茎蛾肠道细菌分离鉴定及其对植物源大分子化合物的降解作用[J]. 环境昆虫学报, 2017, 39(3): 525-532.
- [28] 王立秀, 陈伟, 谢桂林, 等. 阿南原等跳肠道细菌的分离鉴定及降解纤维素细菌的筛选[J]. 昆虫学报, 2018, 61(7): 835-842.
- [29] 高珊珊. 三种鳞翅目玉米穗虫幼虫肠道细菌多样性研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2018.