环境昆虫学报 2022，44（5）：1228－1239
Journal of Environmental Entomology
http：//hjkcxb. alljournals. net
doi：10. 3969/j. issn. 1674－0858. 2022. 05. 17

方宇，王柄权，王启宇，胡骞予，吴治兴，杨敏，余磊，刘佳妮．不同寄主植物西花蓟马内生细菌多样性分析［J］．环境昆虫学报，2022，44（5）：1228－1239.

不同寄主植物西花蓟马内生细菌多样性分析

方　宇，王柄权，王启宇，胡骞予，吴治兴，杨　敏，余　磊，刘佳妮*
（昆明学院农学与生命科学学院/云南省都市特色农业工程技术研究中心，昆明 650214）

摘要：为探讨不同寄主植物对西花蓟马 *Frankliniella occidentalis* 内生细菌分布的影响，应用 Illumina MiSeq 第二代测序技术对取食不同寄主植物的西花蓟马内生细菌的 16S rDNA V5～V7 区域进行测定。结果显示，Alpha 多样性分析发现，西花蓟马内生细菌在取食不同寄主植物后多样性表现为西葫芦 *Cucurbita pepo* L. ＞菊花 *Dendranthema morifolium*（Ramat.）Tzvelev ＞曼陀罗 *Datura stramonium* L. ＞玫瑰 *Rosa rugosa* Thunb. ＞牵牛花 *Pharibitis purpurea*（L.）Voigt ＞辣椒 *Capsicum annuum* L.；在门水平的菌群组成上，变形菌门在各样品中所占比例最高，是西花蓟马内生菌中的优势菌门，厚壁菌门为次优势菌菌门。在属水平上内生细菌也表现出较大的差异，其中假单胞菌属 *Pseudomonas* 和欧文氏菌属 *Erwinia* 在西花蓟马取食各寄主植物时均有分布，取食辣椒、玫瑰、曼陀罗时，优势菌属均为欧文氏菌属 *Erwinia*，取食菊花和牵牛花时，优势菌属为立克次体 *Rickettsia*，而取食西葫芦时，则为短波毛单胞菌属 *Brevundimonas*；利用 KEGG 数据库，对内生细菌进行基因功能预测分析发现，内生细菌群富集了高丰度的代谢功能基因，且主要集中于碳水化合物代谢、氨基酸代谢以及能量代谢。综上所述取食不同寄主植物时西花蓟马内生细菌多样性与群落结构具有一定的差异，寄主植物可对西花蓟马内生细菌群落组成产生重要的影响；且各寄主植物上西花蓟马内生细菌基因功能主要集中在碳水化合物代谢、氨基酸代谢和能量代谢。

关键词：西花蓟马；内生细菌；寄主植物；多样性；高通量测序
中图分类号：Q966；S433　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：1674－0858（2022）05－1228－12

Diversity analysis of endophytic bacteria in different host plants of western flower thrips

FANG Yu，WANG Bing-Quan，WANG Qi-Yu，HU Qian-Yu，WU Zhi-Xin，YANG Min，YU Lei，LIU Jia-Ni*（Yunnan Urban Agricultural Engineering & Technological Research Center，College of Agriculture and Life Sciences，Kunming University，Kunming 650214，China）

Abstract：In order to investigate the effect of different host plants on the distribution of endophytic bacteria in *Frankliniella occidentalis*，the 16S rDNA V5～V7 region of endophytic bacteria in *F. occidentalis* fed on different host plants was determined by Illumina miseq second generation sequencing technology. Alpha diversity analysis showed that the diversity of endophytic bacteria of *F. occidentalis* on different host plants was as follows：*Cucurbita pepo* L. ＞*Dendranthema morifolium*（Ramat.）Tzvelev ＞*Datura stramonium* L. ＞ *Rosa rugosa* Thunb. ＞*Pharibitis purpurea*（L.）Voigt ＞*Capsicum annuum* L.；At phylum level，proteus accounted for the highest proportion in each sample，and was the dominant phylum in the endophytic bacteria of *F. occidentalis*，while Firmicutes was the secondary dominant

基金项目：云南省教育厅科学研究基金研究生项目（2020Y0481）
作者简介：方宇，男，安徽安庆人，硕士，主要从事昆虫生态与害虫防治相关研究工作，E－mail：1570525197@qq.com
*通讯作者 Author for correspondence：刘佳妮，女，博士，副教授，主要从事昆虫生态与害虫防治相关研究工作，E－mail：47067521@qq.com
收稿日期 Received：2021－05－29；接受日期 Accepted：2021－07－12

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

phylum. Endophytic bacteria also showed great differences at the genus level, among which *Pseudomonas* and *Erwinia* were distributed when *F. occidentalis* fed on various host plants. *Erwinia* was the dominant genus for *Capsicum annuum* L., *Rosa rugosa* Thunb. and *Datura stramonium* L., *Rickettsia* was the dominant species for *Dendranthema morifolium* (Ramat.) Tzvelev and *Pharibitis purpurea* (L.) Voigt, while *Brevundimonas* was the dominant species for *Cucurbita pepo* L.; Based on KEGG database, gene function of endophytic bacteria was predicted and analyzed. It was found that endophytic bacteria were rich in metabolic genes, and mainly concentrated in carbohydrate metabolism, amino acid metabolism and energy metabolism. In conclusion, the diversity and community structure of endophytic bacteria of *F. occidentalis* were different when feeding on different host plants. Host plants could have an important impact on the composition of endophytic bacterial community of *F. occidentalis*, and the gene functions of endophytic bacteria of *F. occidentalis* mainly focused on carbohydrate metabolism, amino acid metabolism and energy metabolism.

Key words: *Frankliniella occidentalis*; endophytic bacteria; host plant; diversity; high-throughput sequencing

西花蓟马 *Frankliniella occidentalis* 是一种重要的外来入侵昆虫，通过锉吸式口器取食 500 多种植物，造成了严重危害；同时还能传播番茄斑萎病毒（TSWV）等多种病毒对植物造成危害，是重要的世界性害虫。该害虫早期只分布于美国的西部，随后经过几十年的蔓延发展，目前已对全球多个国家和地区造成危害（Kirk and Terry, 2015）。我国最早于 2000 年在台湾发现，2003 年 7 月以入侵害虫进行正式报道（Zhang *et al.*, 2003）。高振江等研究发现目前西花蓟马已经广泛分布于安徽、云南、山东、西藏、新疆等多个省份（Gao *et al.*, 2017）。

昆虫内生菌广泛分布于昆虫各组织部位，其中肠道和体液是其主要的存在场所（Guo *et al.*, 2015）。昆虫种类、食性、寄主植物、生殖方式等对昆虫内生菌的多样性、丰富度和分布产生一定的影响（Tang *et al.*, 2005; Ya *et al.*, 2021）。其中，昆虫的消化系统中含有丰富的内生细菌，是昆虫生理活动的重要参与者，主要参与寄主昆虫肠道对营养物质的吸收，维持寄主的消化代谢，增强昆虫的抗逆性，影响昆虫的生长发育和演化（Zhu, 2015; Provorov and Onishchuk, 2018）。昆虫内生细菌是其微生物群落的重要成员，对其生长发育、繁殖、取食等生理活动具有重要的作用。有研究表明，在实蝇肠道内的肠杆菌科内生细菌能够在一定程度上提高宿主昆虫对缺乏营养食物的摄取，并帮助宿主消化，提高宿主昆虫体质，同时还能调节实蝇的生殖活动（Yao *et al.*, 2017）；拟步甲 *Lagria villosa* 中存在的唐菖蒲伯克霍德菌 *Burkholderia gladiolibacteria* 能够通过合成抗菌化合物对宿主昆虫的卵进行保护，同时在一定程度上有利于保持拟步甲危害植物的能力（Flórez *et al.*, 2017）；此外海灰翅夜蛾 *Spodoptera littoralis* 肠道内的蒙特氏肠球菌 *Enterococcus mundtii* 以合成、分泌抗菌肽的形式形成化学屏障依次抑制宿主肠道内的病原菌，从而促进有益菌群的生长，减少病原菌的侵染（Shao *et al.*, 2017）。

目前有关不同寄主植物对西花蓟马影响的研究主要集中在生长发育、发育历期、适应性、生理酶活性等方面。蒋兴川等研究了不同寄主植物对西花蓟马生长发育、存活率及繁殖力进行了研究（Jiang *et al.*, 2011）；张玉秀等对西花蓟马在 4 种寄主植物上的取食行为进行了研究（Zhang *et al.*, 2014）；陈泓渝等研究了西花蓟马对不同寄主植物的选择以及嗅觉行为反应（Chen *et al.*, 2021）。也有研究表明昆虫的食性是影响内生细菌多样性的关键因素（Xiang *et al.*, 2007）。但关于取食不同寄主植物对西花蓟马内生细菌的影响尚无报道，因此研究取食不同寄主植物西花蓟马的内生细菌，可为今后开发和利用这些资源以及害虫防治提供理论基础。本研究采用高通量测序技术对取食不同寄主植物西花蓟马的内生细菌群落结构、生物多样性进行分析，并对其生物学功能进行预测，为了解西花蓟马内生细菌与取食植物之间的相互关系提供信息，同时也为西花蓟马的生物防治提供了一个新的视觉与方向。

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

1 材料与方法

1.1 样品准备

2020 年 8 – 9 月对昆明学院校园内有西花蓟马危害的西葫芦花、菊花、辣椒花、玫瑰花、曼陀罗花、牵牛花进行采集，带回实验室进行虫体分离，每个样品取 1 g 西花蓟马成虫样品，经液氮速冻后立即置于 –80℃冰箱中保存，待用。

1.2 DNA 提取与 PCR 扩增

用 75% 酒精将虫体清洗 3 次，每次 3 min，再用无菌水清洗 3 次，每次 3 min，以除去样品表面的杂质和杂菌。采用 CTAB 方法提取西花蓟马总 DNA，并利用 0.8% 琼脂糖凝胶电泳对 DNA 的纯度和浓度进行检测，并用无菌水将样本 DNA 浓度稀释至 1 ng/μL。

以上述 DNA 作为模板，选用带有 Barcode 的特异引物 799F（5′-AACMGGATTAGATACCCKG-3′）和 1193R（5′-ACGTCATCCCCACCTTCC-3′），对细菌 16S V5 ~ V7 区域进行扩增，并利用 New England Biolabs 公司的 Phusion© High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer 和高效高保真酶进行 PCR，以确保其扩增效率和准确性。

1.3 PCR 产物的混样和纯化

利用 2% 琼脂糖凝胶检测 PCR 产物；并根据其浓度进行等量混样，充分混匀后使用 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测，使用胶回收试剂盒（Qiagen 公司）进行目的条带的产物回收。

1.4 文库的构建和上机测序

使用 TruSeq© DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 建库试剂盒进行文库构建，并经过 Qubit 和 Q-PCR 定量和文库检测，合格后使用 NovaSeq 6000 进行上机测序。本研究测序工作委托北京诺禾致源生物信息科技有限公司完成。

1.5 测序数据的生物信息学分析

对原始序列进行质控、过滤和拼接，获得有效序列后进行 OTU 聚类、物种注释、样品多样性分析以及测序深度检测，而后对各分类水平上的群落结构进行统计分析。最后通过 Beta 多样性以及 Tax4Fun 分析不同样品间的生物群落和功能结构的差异。

2 结果与分析

2.1 OTUs 数目统计及物种注释情况

采用 Illumina MiSeq 第二代测序技术对取食不同寄主植物的西花蓟马内生细菌进行分析，经过拼接、过滤、去嵌合体等质控后取食辣椒（LJ）、西葫芦花（XH）、菊花（JH）、玫瑰花（MG）、曼陀罗花（MT）、牵牛花（QN）6 种寄主植物的西花蓟马有效序列分布在 36 349 ~ 66 551 条 tags，序列长度分布在 377 ~ 379 之间与 16S rDNA V5 ~ V7 区域序列长度大致吻合；且 Goods coverage 接近 1，则测序结果足以覆盖肠道中的大多数肠道细菌，能够较为全面的反映各处理西花蓟马内生细菌的真实分布情况；并在 97% 的一致性下对有效序列进行同源性比对，共聚类成 821 个 OTUs，每个样品平均 136 个 OTUs（表 1）。

表 1 不同寄主植物西花蓟马内生细菌 OTU 数目统计

Table 1 Statistics on the number of endophytic bacteria OTU in different host plants of *Frankliniella occidentalis*

样品名 Sample name	拼接序列数 Raw tags	有效序列 Effective tags	平均长度(nt) AvgLen	OTU 数量 Number of OTUs	覆盖度 Goods coverage
辣椒 *Capsicum annuum* L.	83 739	66 551	377	137	0.999
西葫芦 *Cucurbita pepo* L.	72 350	45 993	377	165	0.999
菊花 *Dendranthema morifolium* (Ramat.) Tzvelev	53 880	36 349	378	181	1.000
玫瑰 *Rosa rugosa* Thunb.	63 020	41 620	377	72	1.000
曼陀罗 *Datura stramonium* L.	80 998	49 892	377	116	0.999
牵牛花 *Pharibitis purpurea* (L.) Voigt	82 121	49 039	379	150	0.999

2.2 样品复杂度分析

随着序列数量的增加，稀释曲线逐渐趋于平坦，斜率逐渐降低（图 1）；结果表明序列数的继续增加不会产生较多新的 OTUs 数，此次检测到的

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

微生物接近各样品中的真实分布情况，能够反映取食不同寄主植物的西花蓟马体内微生物群落组成。Alpha 多样性分析中 ACE、Chao1 和 Shannon、Simpson 分别用于衡量样品中微生物的丰富度与多样性，结果显示各处理中 Shannon、Simpson 指数均表现为西葫芦 > 菊花 > 曼陀罗 > 玫瑰 > 牵牛花 > 辣椒，表明西花蓟马在取食西葫芦后，其内生细菌多样性较高，而取食辣椒时，其内生细菌多样性较低；反映微生物丰富度的 Chao1、ACE 指数则表现为菊花 > 西葫芦 > 牵牛花 > 曼陀罗 > 辣椒 > 玫瑰，表明西花蓟马取食菊花时其内生细菌丰富度较高，而在取食玫瑰时其丰度较低（表 2）。取食不同寄主植物的西花蓟马体内细菌的丰富度与多样性存在一定差异，一定程度上说明取食不同寄主植物对西花蓟马内生细菌的分布产生一定的影响。

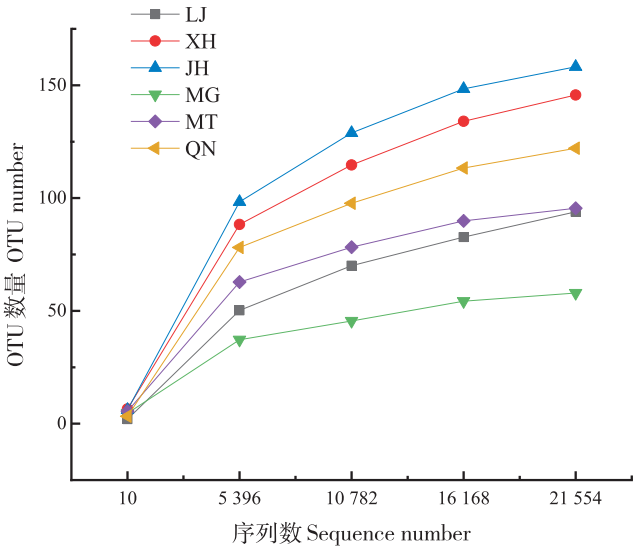

图 1　样品稀释曲线

Fig. 1　Rarefaction curve of all samples

注：LJ，辣椒；XH，西葫芦花；JH，菊花；MG，玫瑰花；MT，曼陀罗；QN，牵牛花。下同。Note：LJ，*Capsicum annuum* L.；XH，*Cucurbita pepo* L.；JH，*Dendranthema morifolium*（Ramat.）Tzvelev；MG，*Rosa rugosa* Thunb.；MT，*Datura stramonium* L.；QN，*Pharibitis purpurea*（L.）Voigt. Same below.

2.3　物种注释分析

结果显示，西花蓟马在取食辣椒、西葫芦、菊花、玫瑰、曼陀罗、牵牛花后其特有的 OTUs 分别有 23、49、52、9、17、33 个，共有 25 个 OTUs（图 2）；从各科、属水平上的序列注释情况来看（表 3），取食辣椒的西花蓟马中有 1 750 个序列注释到科，1 350 个序列注释到属；取食西葫芦的西花蓟马中有 26 874 个序列注释到科，20 547 个序列注释到属；取食菊花的西花蓟马中有 14 047 个序列注释到科，11 244 个序列注释到属；取食玫瑰的西花蓟马中有 17 846 个序列注释到科，13 040 个序列注释到属；取食曼陀罗的西花蓟马中有 18 550 个序列注释到科，12 198 个序列注释到属；取食牵牛花的西花蓟马中有 43 909 个序列注释到科，41 026 个序列注释到属。其中取食牵牛花的西花蓟马其内生细菌注释的序列数最多，而在取食辣椒的西花蓟马中注释的序列数最少；且 6 种不同寄主植物共注释到 12 个门，22 个纲，59 个目，88 个科，118 个属，59 个种。

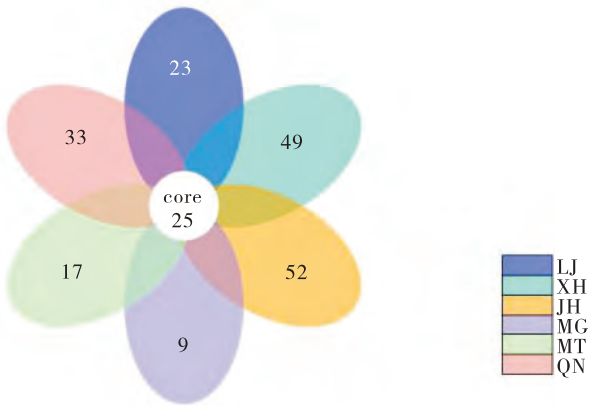

图 2　样品间的 OTUs 韦恩图

Fig. 2　Venn diagram of OTUs between samples

2.4　门水平物种相对丰度

研究西花蓟马在取食各种寄主植物后其内生细菌在门分类水平上的组成，丰度图结果显示，取食 6 种不同寄主植物的西花蓟马其体内细菌在门分类水平上呈现出一定的差异，主要集中分布在变形菌门 Proteobacteria、厚壁菌门 Firmicutes、放线菌门 Actinobacteriota、拟杆菌门 Bacteroidota、蓝藻菌门 Cyanobacteria、绿弯菌门 Chloroflexi、酸杆菌门 Acidobacteriota、Myxococcota 门、疣微菌门 Verrucomicrobiota。变形菌门在各样品中所占比例最高，是西花蓟马内生菌中的优势菌门，其中取食辣椒（99.51%）、西葫芦（86.84%）、菊花（96.85%）、玫瑰（99.74%）、曼陀罗（98.42%）、牵牛花（98.17%）；而厚壁菌门为次优势菌门，在取食各寄主植物中辣椒（0.09%）、西葫芦（12.17%）、菊花（1.40%）、玫瑰(0.05%)、曼陀罗（1.24%）、牵牛花（0.67%）（图 3）。

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

表 2 样品多样性指数表

Table 2 Sample diversity index table

样品 Sample name	多样指数 Diversity index		丰富度指数 Richness index	
	Shannon	Simpson	Chao1	ACE
辣椒 *Capsicum annuum* L.	0. 769	0. 216	128. 143	134. 345
西葫芦 *Cucurbita pepo* L.	3. 644	0. 869	172. 037	175. 258
菊花 *Dendranthema morifolium* (Ramat.) Tzvelev	3. 421	0. 835	172. 019	177. 724
玫瑰 *Rosa rugosa* Thunb.	2. 405	0. 770	73. 077	78. 029
曼陀罗 *Datura stramonium* L.	3. 153	0. 819	113. 125	120. 472
牵牛花 *Pharibitis purpurea* (L.) Voigt	2. 114	0. 503	149. 000	154. 981

表 3 各分类水平上的序列数目

Table 3 Sequences number at various classification levels

样品名称 Sample name	界 Kingdom	门 Phylum	纲 Class	目 Order	科 Family	属 Genus
辣椒 *Capsicum annuum* L.	66 099	66 064	66 063	66 062	1 750	1 350
西葫芦 *Cucurbita pepo* L.	42 974	42 937	42 866	42 808	26 874	20 547
菊花 *Dendranthema morifolium* (Ramat.) Tzvelev	32 302	32 237	32 206	32 193	14 047	11 244
玫瑰 *Rosa rugosa* Thunb.	40 734	40 725	40 724	40 722	17 846	13 040
曼陀罗 *Datura stramonium* L.	40 023	40 013	40 009	40 000	18 550	12 198
牵牛花 *Pharibitis purpurea* (L.) Voigt	46 860	46 847	46 798	46 762	43 909	41 026

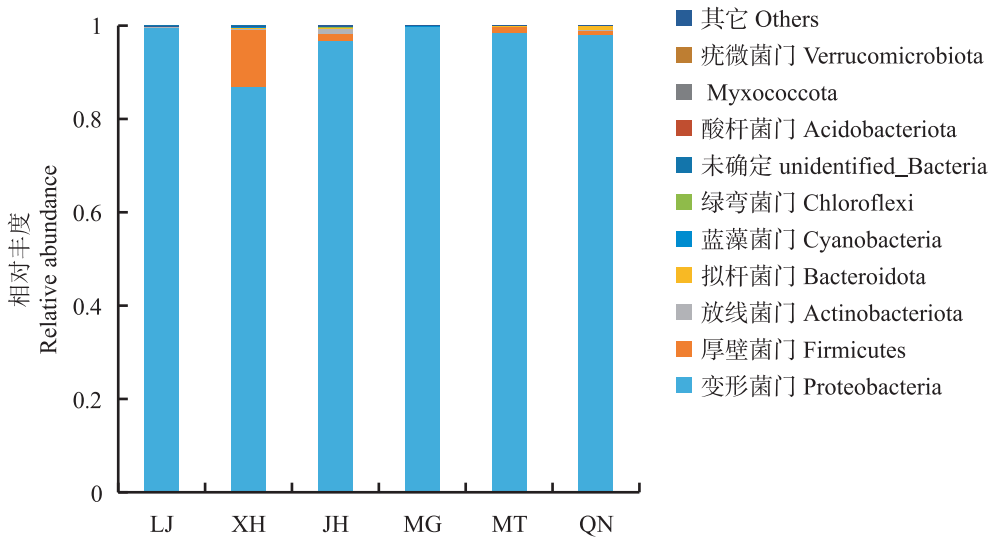

图 3 门水平物种相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of endophytic bacteria at Phylum level

2. 5 纲水平物种相对丰度

由纲水平物种相对丰度图显示，取食不同寄主植物西花蓟马内生细菌物种丰度排名前 10 的纲依次为 γ-变形菌纲 Gammaproteobacteria、α-变形菌纲 Alphaproteobacteria、芽孢杆菌纲 Bacilli、放线菌纲 Actinobacteria、拟杆菌纲 Bacteroidia、蓝细菌纲

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

Cyanobacteriia、纤线杆菌纲 Ktedonobacteria、酸杆菌纲 Acidobacteriae、嗜热油菌纲 Thermoleophilia、梭菌纲 Clostridia，除取食牵牛花外，γ-变形菌纲在取食其它寄主植物中占比最高，α-变形菌纲次之，分别为西花蓟马内生细菌的优势菌纲和次优势菌纲，其中 γ-变形菌纲在各寄主植物上表现为辣椒（99.01%）、西葫芦（59.15%）、菊花（80.69%）、玫瑰花（99.58%）、曼陀罗花（98.10%），α-变形菌纲具体表现为辣椒（0.50%）、西葫芦（27.53%）、菊花（16.07%）、玫瑰（0.16%）、曼陀罗（0.31%）；而取食牵牛花的西花蓟马中 α-变形菌纲（70.47%）为其优势菌纲，而 γ-变形菌纲（27.59%）为其次优势菌纲（图 4）。

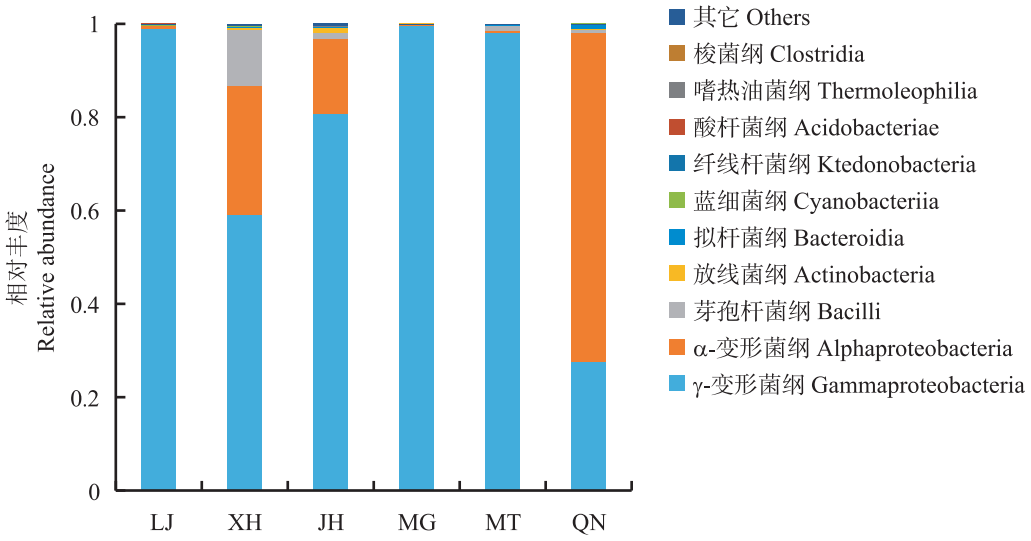

图 4　纲水平物种相对丰度

Fig. 4　Relative abundance of endophytic bacteria at class level

2.6　属水平物种的相对丰度

在属水平上依据相对丰度排名前 30 的物种绘制物种相对丰度柱形图，直观反映各样品中物种相对丰度及其所占比例，明确各样品中的优势物种（图 5），并根据测序结果，统计了取食不同寄主植物西花蓟马内生细菌相对丰度排名前 5 的优势菌属（表 4）。其中，欧文氏菌属 *Erwinia* 和假单胞菌属 *Pseudomonas* 在取食各寄主植物的西花蓟马上均有所分布，为西花蓟马内生细菌重要组成部分；其次，西花蓟马在取食西葫芦、玫瑰、曼陀罗、牵牛花时，不动杆菌 *Acinetobacte* 相对丰度分别为 1.94%、0.21%、1.71%、6.17%，其中以取食牵牛花的西花蓟马丰度最高，取食玫瑰的最低；沙雷氏菌属 *Serratia* 在取食菊花、玫瑰、曼陀罗的西花蓟马中相对丰度分别为 2.58%、8.36%、10.94%，而在取食其它植物的西花蓟马体内未检出。同时，在排名前 5 的优势菌属中杀雄菌属 *Arsenophonus* 为取食辣椒西花蓟马的特有菌属，短波毛单胞菌属 *Brevundimonas* 和微小杆菌属 *Exiguobacterium* 为取食西葫芦西花蓟马的特有菌属，泛菌属 *Pantoea* 为取食玫瑰西花蓟马的特有菌属，乳杆菌属 *Lactobacillus* 为取食曼陀罗西花蓟马的特有菌属。此外，还有部分主要优势物种未鉴定到属分类水平，如黄色单胞菌科 Xanthomonadaceae、梭肠杆菌目 Enterobacterales、酸杆菌门 Acidobacteriae 等故而未列入上述不同样品组中优势物种排名。综合各样品组数据发现，欧文氏菌属、假单胞菌属在所有样品组中均为优势物种且相对丰度较高。

2.7　β 多样性指数

研究样品间的 β 多样性，计算取食不同寄主植物的西花蓟马内生细菌的菌群的 Unweighted Unifrac 距离。结果表明，各分组之间相异系数值较低，取值范围主要分布在 0 ~ 1 之间，其中以取食辣椒与西葫芦两种寄主植物的西花蓟马内生细菌的相异系数（0.345153）较低，说明西花蓟马在取食辣椒与西葫芦时其内生细菌差异不明显，而其它样品之间相异系数均在 0.5 以上，结果显示，各样品之间的物种多样性差异相对较大，表明取食不同寄主植物西花蓟马内生细菌存在一定差异（表 5）。

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

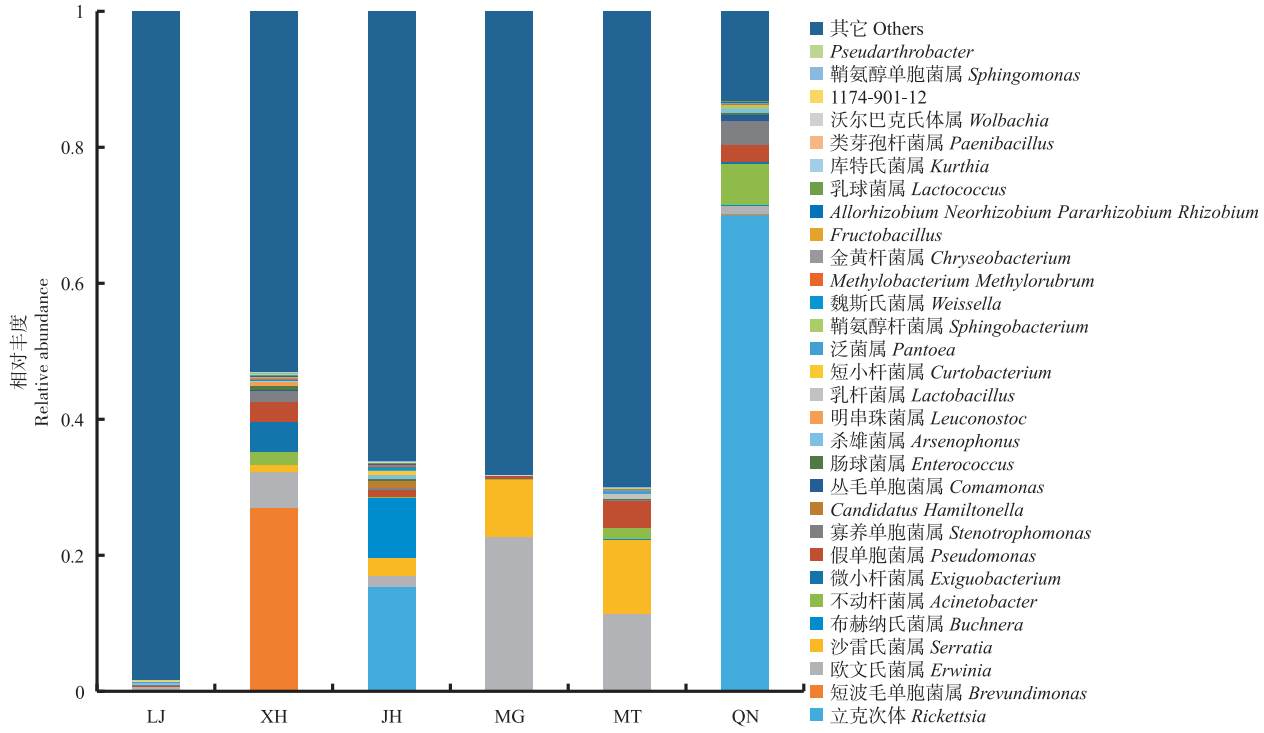

图 5 属水平物种相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of endophytic bacteria at genus level

表 4 属分类水平下不同寄主植物西花蓟马相对丰度百分比 top 5 的内生细菌

Table 4 Endophytic bacteria with relative abundance percentage of top 5 in *Frankliniella occidentalis* feeding different host plants at the genus level

辣椒（LJ）*Capsicum annuum* L.		西葫芦（XH）*Cucurbita pepo* L.		菊花（JH）*Dendranthema morifolium*（Ramat.）Tzvelev		玫瑰（MG）*Rosa rugosa* Thunb.		曼陀罗（MT）*Datura stramonium* L.		牵牛花（QN）*Pharibitis purpurea*（L.）Voigt.	
优势菌属 Dominant genus	PRA（%）	优势菌属 Dominant genus	PRA（%）	优势菌属 Dominant genus	PRA（%）	优势菌属 Dominant genus	PRA（%）	优势菌属 Dominant genus	PRA（%）	优势菌属 Dominant genus	PRA（%）
欧文氏菌属 *Erwinia*	0.56	短波毛单胞菌属 *Brevundimonas*	26.92	立克次体 *Rickettsia*	15.37	欧文氏菌属 *Erwinia*	22.70	欧文氏菌属 *Erwinia*	11.31	立克次体 *Rickettsia*	70.03
杀雄菌属 *Arsenophonus*	0.31	欧文氏菌属 *Erwinia*	5.35	布赫纳氏菌属 *Buchnera*	8.87	沙雷氏菌属 *Serratia*	8.36	沙雷氏菌属 *Serratia*	10.94	不动杆菌属 *Acinetobacter*	6.17
假单胞菌属 *Pseudomonas*	0.12	微小杆菌属 *Exiguobacterium*	4.35	沙雷氏菌属 *Serratia*	2.58	假单胞菌属 *Pseudomonas*	0.32	假单胞菌属 *Pseudomonas*	3.97	寡养单胞菌属 *Stenotrophomonas*	3.52
寡养单胞菌属 *Stenotrophomonas*	0.12	假单胞菌属 *Pseudomonas*	3.03	欧文氏菌属 *Erwinia*	1.63	不动杆菌属 *Acinetobacter*	0.21	不动杆菌属 *Acinetobacter*	1.71	假单胞菌属 *Pseudomonas*	2.52
布赫纳氏菌属 *Buchnera*	0.07	不动杆菌属 *Acinetobacter*	1.94	假单胞菌属 *Pseudomonas*	1.10	泛菌属 *Pantoea*	0.06	乳杆菌属 *Lactobacillus*	0.65	欧文氏菌属 *Erwinia*	1.17

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

表 5　不同寄主植物西花蓟马内生细菌 Unweighted Unifrac 距离 β 多样性指数

Table 5　Unweighted Unifrac distance β diversity index of endophytic bacteria in *Frankliniella occidentalis* feeding different host plants

样品名称 Sample name	辣椒（LJ）*Capsicum annuum* L.	西葫芦（XH）*Cucurbita pepo* L.	菊花（JH）*Dendranthema morifolium*（Ramat.）Tzvelev	玫瑰（MG）*Rosa rugosa* Thunb.	曼陀罗（MT）*Datura stramonium* L.	牵牛花（QN）*Pharibitis purpurea*（L.）Voigt.
辣椒（LJ）*Capsicum annuum* L.	0	0.3451	0.5815	0.5846	0.5675	0.5325
西葫芦（XH）*Cucurbita pepo* L.	0.3452	0	0.5736	0.5888	0.5946	0.5455
菊花（JH）*Dendranthema morifolium*（Ramat.）Tzvelev	0.5812	0.5736	0	0.5766	0.5625	0.5395
玫瑰（MG）*Rosa rugosa* Thunb.	0.5846	0.5888	0.5766	0	0.6235	0.6333
曼陀罗（MT）*Datura stramonium* L.	0.5675	0.5945	0.5625	0.6235	0	0.6088
牵牛花（QN）*Pharibitis purpurea*（L.）Voigt.	0.5325	0.5455	0.5395	0.6333	0.6088	0

2.8　NMDS 分析

通过 NMDS 进一步分析西花蓟马内生细菌在取食不同寄主植物中的差异，图中各点代表着不同寄主植物西花蓟马样品，图中各点的远近反映了不同样本之间的样本距离的差异，两点距离越近，说明两样本的内生细菌群落结构差异性越小，反之则越大（图 6）。结果显示，各样本在 4 个象限中均有分布，在取食牵牛花与菊花的两样本较其它样品组距离较短，说明西花蓟马取食牵牛花和菊花后其内生细菌群落结构差异相对较小，而其它样本之间较远，说明取食其它寄主植物西花蓟马内生细菌群落结构差异较大。

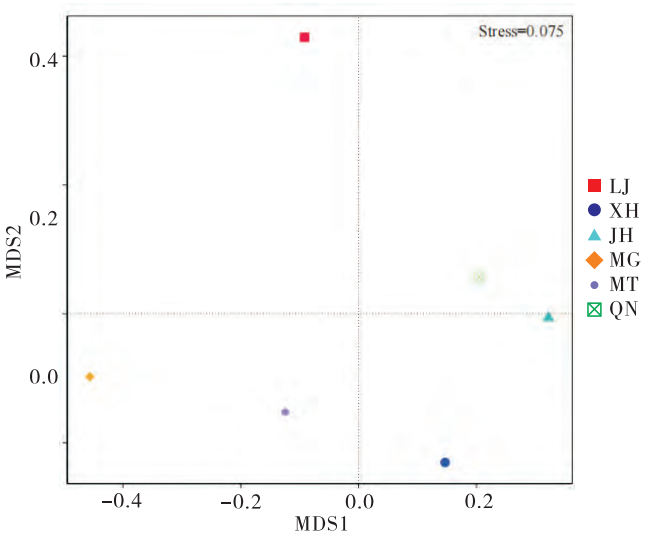

图 6　基于 OTU 水平的 NMDS 分析

Fig. 6　NMDS analysis based on OTU level

2.9　UPGMA 聚类树分析

基于 NMDS 分析，为了解不同样本之间的差异性与相似性，对各样本进行门水平 UPGMA 聚类分析（如图 7）。结果显示，不同寄主植物样品中，

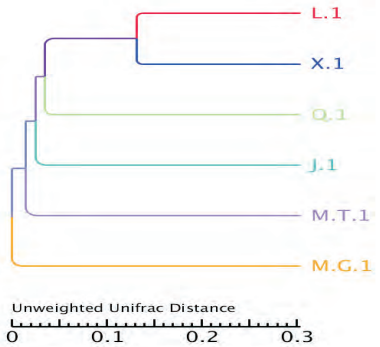

图 7　基于 Unweighted Unifrac 距离的 UPGMA 聚类树

Fig. 7　UPGMA clustering tree based on Unweighted Unifrac distance

注：L. 1，辣椒；X. 1，西葫芦花；J. 1，菊花；M. G. 1，玫瑰花；M. T. 1，曼陀罗；Q. 1，牵牛花。Note：L. 1，*Capsicum annuum* L.；X. 1，*Cucurbita pepo* L.；J. 1，*Dendranthema morifolium*（Ramat.）Tzvelev；M. G. 1，*Rosa rugosa* Thunb.；M. T. 1，*Datura stramonium* L.；Q. 1，*Pharibitis purpurea*（L.）Voigt.

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

辣椒与西葫芦两组聚为一支，分支距离较短，表明西花蓟马在辣椒与西葫芦两种寄主中的内生细菌相似度较大，再先后与牵牛花、菊花、曼陀罗、玫瑰依次聚为一支，分支距离依次增加，说明除辣椒与西葫芦外，其余各寄主植物西花蓟马内生细菌菌群多样性存在较大差异。其中，以取食玫瑰花的西花蓟马内生细菌差异最大，取食牵牛花的西花蓟马内生细菌差异最小。

2.10 基因功能预测

利用 KEGG 数据库，对不同寄主植物上西花蓟马内生细菌基因功能进行预测（图 8），分析发现西花蓟马内生菌群富集了高丰度的代谢功能基因，其次在遗传信息处理和环境信息处理中丰度也较高，并对代谢功能基因进行进一步分析发现，在碳水化合物代谢、氨基酸代谢以及能量代谢中各种寄主植物西花蓟马均表现出较高的丰度，且取食西葫芦的西花蓟马内生细菌中碳水化合物代谢的基因的丰度要明显高于其它寄主植物；在氨基酸代谢过程中，取食牵牛花的相关基因丰度要高于其他寄主植物，其次为取食西葫芦的西花蓟马样品；各寄主关于能量代谢相关基因的丰度在取食牵牛花中较高，其它寄主无明显差异。与此同时，在这 3 种代谢过程中，在取食玫瑰的西花蓟马中相关基因的丰度均较低（图 9）。

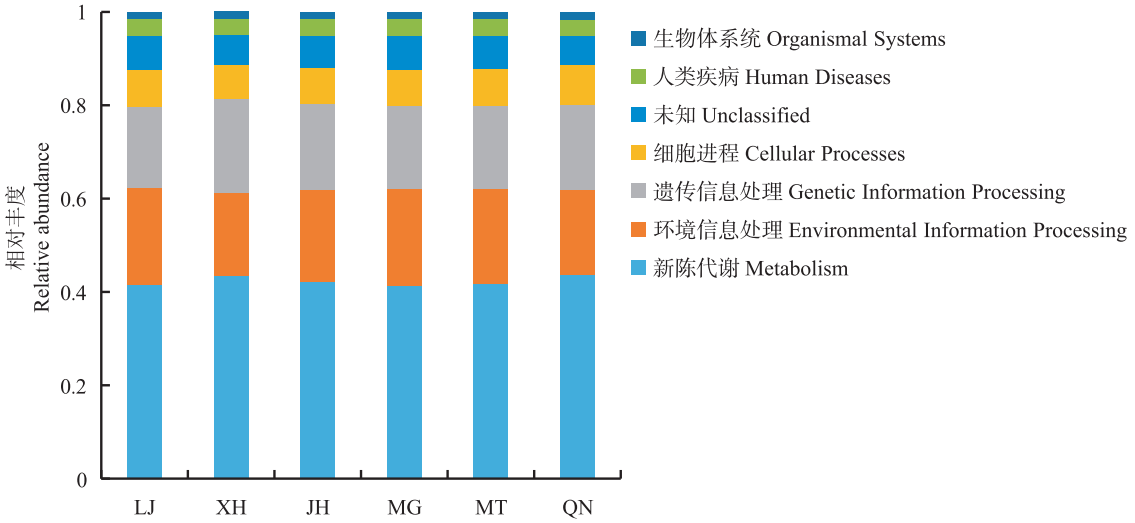

图 8 不同寄主植物西花蓟马内生细菌宏基因组 KEGG 同源族分析

Fig. 8 Analysis of the metagenomic KEGG homologous family of the endophytic bacteria in *Frankliniella occidentalis* feeding different host plants

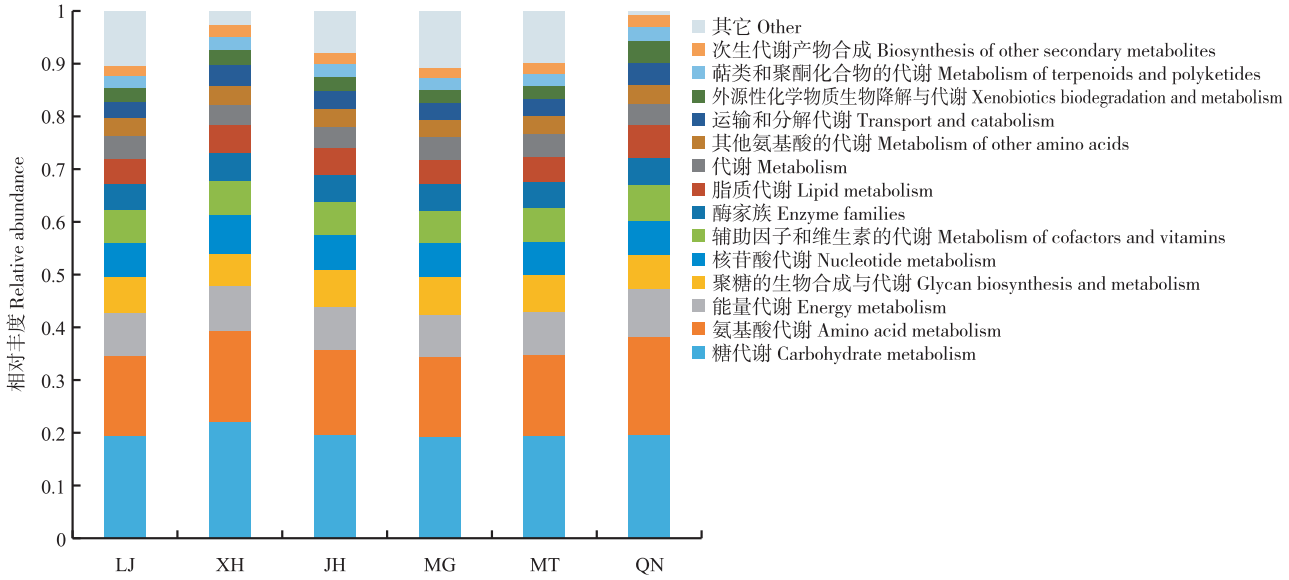

图 9 不同寄主植物西花蓟马内生细菌宏基因组在 KEGG 代谢功能上的分析

Fig. 9 Metabolic function analysis of the endophytic bacteria metagenomics of *Frankliniella occidentalis* feeding different host plants

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

3　结论与讨论

昆虫体内存在着大量丰富的微生物，其种类多样，群落结构复杂，且与宿主昆虫相互影响、相互依赖、共同进化，对宿主昆虫的营养能量代谢、种内通讯、免疫反应、生殖代谢、环境适应、抗药性等产生重要的影响。有研究表明，在褐飞虱 *Nilaparvata lugens* 肠道内检测到的乳杆菌属细菌能够合成果胶降解酶、多糖水解酶等多种碳水化合物降解酶，进而参与褐飞虱的营养代谢过程（Zhang and Meng, 2017）；相关研究表明，在克里角梢小蠹 *Trypophloeus klimeschi* Eggers 等一些缺少氮营养的植食性昆虫中，其体内的假单胞菌属能够通过固氮作用为虫体提供生长发育所需的氮营养（Gao *et al.*, 2019）。

通过 Illumina Miseq 高通量测序技术对取食不同寄主植物（辣椒、菊花、西葫芦、玫瑰、曼陀罗、牵牛花）西花蓟马的内生细菌多样性和丰富度进行研究发现，各寄主植物上的西花蓟马内生细菌存在一定的差异，各样品物种丰富度具体表现为菊花 > 西葫芦 > 牵牛花 > 曼陀罗 > 辣椒 > 玫瑰；物种多样性则表现为：西葫芦 > 菊花 > 曼陀罗 > 玫瑰 > 牵牛花 > 辣椒。前人研究表明，以不同寄主植物为食的西花蓟马其生长发育、繁殖等都表现为一定的差异（Jiang *et al.*, 2011；Sheng *et al.*, 2012），同时不同寄主植物的膳食基质的组分与含量存在一定的差异，寄主植物在转换的过程中会导致西花蓟马胰蛋白酶基因产生一定的响应（Wu *et al.*, 2019；Xie *et al.*, 2020）；此外，植食性昆虫在取食不同寄主植物过程中会通过协同内生菌改变体内相关解毒酶的活性来突破寄主植物的防御，这就会导致西花蓟马相关酶活性会根据不同寄主植物的特性而做出相应的响应，进而引起取食不同寄主植物西花蓟马的内生菌群表现出一定差异，尤其在肠道内生菌中则表现的更为明显（Zhang, 2019）。同时大量研究表明，从玫瑰、菊花等多种健康植物中分离出大量的植物内生菌（Chen *et al.*, 2017；Wang, 2018），而西花蓟马主要是通过锉吸式口器刺吸寄主植物幼嫩组织的汁液进行危害，在这过程中可能会对植食性昆虫的内生菌的组成产生一定的影响，研究表明在烟粉虱 *Bemisia tabaci*（Gennadius）体内检测到假单胞菌属和芽孢杆菌属可能是来自于寄主植物中（Su *et al.*, 2016；Priya *et al.*, 2018）。因此，不同寄主植物自身内生菌的差异，也是导致取食不同寄主植物的西花蓟马内生菌产生差异的重要原因。

对取食不同寄主植物的西花蓟马内生细菌物种分布情况进行分析发现：门分类水平下，不同寄主植物的西花蓟马的优势菌门均为变形菌纲，次优势菌门为厚壁菌门，其次为放线菌门，但在不同寄主植物中其丰度呈现出一定的差异，其中厚壁菌门在西葫芦花寄主中丰度最高；在纲分类水平上，除牵牛花外各种寄主植物西花蓟马的优势菌纲为 γ-变形菌纲，次优势菌纲为 α-变形菌纲，而牵牛花则表现出相反的结论；叶佳琴研究发现取食月季花 *Rosa chinensis* Jacq.、菜豆豆荚 *Phaseolus vulgaris* Linn. 和菜豆叶片的西花蓟马肠道微生物的优势菌门均为变形菌门和放线菌门，这与本研究得出的结论类似；吴晓露等发现以人工饲料喂养和以自然植物为食的小菜蛾 *Plutella xylostella*（Linnaeus）的肠道优势菌门有所差异，以自然植物为食的肠道优势菌门为变形菌门而饲料喂养的为主要为厚壁菌门（Wu *et al.*, 2019），同时在柑橘大实蝇 *Bactrocera minax*、褐飞虱 *Nilaparvata lugens*、家蝇 *Musca domestica* 等昆虫中也出现类似的结果（Gupta *et al.*, 2001；Wang *et al.*, 2014；Wang *et al.*, 2019）。而在属水平上，各寄主植物上西花蓟马内生细菌的优势菌属存在较大差异，其中假单胞菌属和欧文氏菌属在各个样品总均有分布，西花蓟马内生细菌在取食辣椒、西葫芦、菊花、玫瑰、曼陀罗、牵牛花 6 种寄主植物中丰度最高的菌属依次为欧文氏菌属、短波无单胞菌属、立克次氏体、欧文氏菌属、欧文氏菌属、立克次氏体。前人通过传统培养、API-20E 肠道菌试剂等方法在西花蓟马的后肠中得到大量的欧文氏菌属，这与本研究结果类似，而叶佳琴在对月季花、菜豆豆荚、菜豆叶片上西花蓟马内生细菌进行研究时得出月季花寄主上优势菌属为 *Rosenbergiella*，而菜豆豆荚和菜豆叶片上均为为寡养单胞菌属 *Stenotrophomonas*（Ye, 2020），产生差异的原因可能是由于寄主植物的不同，寄主植物自身的内生细菌存在一定的差异、同时测序区域和引物不同，也会导致一些细菌的丰度产生差异。另外，昆虫内生细菌对昆虫的生长发育、营养代谢、繁殖与免疫等方面发挥着重要的作用，而内生菌主要存在于昆虫肠道中并基于营养的需求，昆虫会根据不同的食物植物对肠道内生菌的群落做出相应的调整，以增强对寄主植物的适应性。刘婧等研究发现假单胞菌属广泛分布于土壤与水

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

中，具有极强的降解蛋白质能力且具有代谢萜类物质的相关酶系基因（Adams *et al.*，2013；Liu *et al.*，2017）。本研究中的6种寄主植物均含有丰富的萜类物质，而萜类物质是植物防御的重要化学物质，由此可推测假单胞菌属可能与西花蓟马获取能量、分解有机质以及突破植物防御屏障有关；也有研究表明，在植物内生菌中广泛分布有假单胞菌，因此也可能是来自于寄主植物（Su *et al.*，2016）。辣椒和牵牛花上的西花蓟马内生细菌中发现寡养单胞菌属，能够降解一些有毒物质，其中，10 d内对DDT的降解能够达到69%，24 h内对甲基对硫磷的降解能够达到99%（Li *et al.*，2008；Xu *et al.*，2009），因此可以推测其对西花蓟马的抗药性具有的一定的影响。

宿主昆虫为内生细菌提供稳定生境的同时，内生细菌也对宿主昆虫的生长发育、繁殖、遗传代谢等产生重要的影响。本研究结果表明，取食不同寄主植物的西花蓟马其内生细菌在新陈代谢过程中发挥着重要的作用，尤其是在碳水化合物代谢、氨基酸代谢以及能量代谢相关基因上丰度较高。相关研究表明，假单胞菌属、乳杆菌属能够合成多种降解碳水化合物的相关酶，将多糖转换为营养物质供宿主昆虫生长发育所需（Xu *et al.*，2007）；另外在蜡象体内存在能够降解植物中残留农药的内生菌（Philipp and Moran，2013），本研究中的寡养单胞菌属也产生相同的功能，并在KEGG代谢功能分析上也发现了耐药性功能的相关基因的表达。

昆虫与其内生细菌经过长期的共同进化，发展建立了复杂的共生关系。昆虫体内广泛分布着丰富的内生菌。其中，有益的共生细菌对昆虫的生长发育、繁殖、遗传代谢产生重要的作用，研究昆虫内生菌能够为害虫的防治提供新的方向。本研究结果表明，取食不同寄主植物对西花蓟马内生细菌群落的多样性产生重要的影响。同时，在代谢功能上西花蓟马也根据不同寄主植物作出了相应的调整，以增强对寄主植物的适应性。本研究探讨了西花蓟马内生细菌在取食不同寄主植物中的分布规律，为今后研究寄主植物与昆虫内生细菌的相互作用机制奠定了一定的基础，也为害虫的防治提供了一个新的视角。

参考文献（References）

Adams AS, A ylward FO, Adams SM, *et al.* Mountain pine beetles colonizing historical and naïve host trees are associated with a bacterial community highly enriched in genes contributing to terpene metabolism [J]. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2013, 79: 3468 – 3475.

Chen HY, Wang YS, Li L, *et al.* Selective and olfactory responses of *Frankliniella occidentalis* to different host plants [J]. *Plant Protection*, 2021, 47 (3): 122 – 126. [陈泓渝, 王映山, 李伦, 等. 西花蓟马对不同寄主植物的选择及嗅觉行为反应 [J]. 植物保护, 2021, 47 (3): 122 – 126]

Chen ZB, Li B, Xu SG, *et al.* Diversity of endophytic bacteria in edible rose using high – throughput sequencing technology [J]. *Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology*, 2017, 17 (9): 227 – 235. [陈泽斌, 李冰, 徐胜光, 等. 高通量测序分析食用玫瑰花瓣内生细菌多样性 [J]. 中国食品学报, 2017, 17 (9): 227 – 235]

Flórez LV, Scherlach K, Gaube P, *et al.* Antibiotic-producing symbionts dynamically transition between plant pathogenicity and insect-defensive mutualism [J]. *Nature Communications*, 2017, 8: 15172.

Gao G, Dai L, Gao J, *et al.* Electroantennogram, behavioural responses, and field trapping of *Trypophloeus klimeschi* (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae) to eight host volatiles [J]. *The Canadian Entomologist*, 2019: 1 – 15.

Gao ZJ, Zhang DM, Gao W, *et al.* The occurrence and distribution of pest *Frankliniella occidentalis* in midwest region of Inner Mongolia [J]. *Journal of Northern Agriculture*, 2017, 45 (2): 82 – 85. [高振江, 张冬梅, 高娃, 等. 害虫西花蓟马在内蒙古中西部地区的发生与分布 [J]. 北方农业学报, 2017, 45 (2): 82 – 85]

Guo J, Wu J, Deng XY, *et al.* Advances in research on insect gut microbiota and their functions [J]. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 2015, 52 (6): 1345 – 1352. [郭军, 吴杰, 邓先余, 等. 昆虫肠道菌群的功能研究进展 [J]. 应用昆虫学报, 2015, 52 (6): 1345 – 1352]

Gupta AK, Dana N, Pankaj V, *et al.* Phylogenetic characterization of bacteria in the gut of house flies (*Musca domestica* L.) [J]. *Fems Microbiology Ecology*, 2001, 3: 581 – 593.

Jiang XC, Gui FR, Li ZY, *et al.* Effect of host plants on the development, livability and reproductive capacity of *Frankliniella occidentalis* [J]. *China Plant Protection*, 2011, 31 (7): 5 – 9. [蒋兴川, 桂富荣, 李正跃, 等. 不同寄主植物对西花蓟马生长发育、存活率及繁殖力的影响研究 [J]. 中国植保导刊, 2011, 31 (7): 5 – 9]

Kirk WDJ, Terry LI. The spread of the western flower thrips *Frankliniella occidentalis* (Pergande) [J]. *Agricultural & Forest Entomology*, 2015, 5 (4): 301 – 310.

Li HQ, Li HM, Jiang JZ, *et al.* Isolation and characterization of a DDT degradation bacterium strain D – 1 [J]. *Microbiology China*, 2008, 5: 53 – 56. [李红权, 李红梅, 蒋继志, 等. 一株DDT降解菌的筛选、鉴定及降解特性的初步研究 [J]. 微生物学通报, 2008, 5: 53 – 56]

Liu J, Chen D, Zhuang GF, *et al.* Isolation and identification of cultivable symbiotic bacteria from the intestinal tract of *Musca domestica* during development [J]. *Chinese Journal of Parasitology and Parasitic Diseases*, 2017, 35 (2): 120 – 124. [刘婧, 陈丹, 庄桂芬, 等. 家蝇发育过程中肠道可培养共生细菌的分离与鉴定

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2017, 35 (2): 120 – 124]

Philipp E, Moran NA. The gut microbiota of insects-diversity in structure and function [J]. *FEMs Microbiology Reviews*, 2013, 37 (5): 699 – 735.

Priya NG, Ojha A, Kajla MK, *et al.* Host plant induced variation in gut bacteria of *Helicoverpa armigera* [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7 (1): e30768.

Provorov NA, Onishchuk OP. Microbial symbionts of insects: Genetic organization, adaptive role, and evolution [J]. *Microbiology*, 2018, 87 (2): 151 – 163.

Shao YQ, Chen BS, 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.

Sheng DR, Zhang HR, Li ZY, *et al.* Effects of different foods on the growth and development of *Frankliniella occidentalis* [J]. *Plant Protection*, 2012, 38 (1): 55 – 59, 70. [沈登荣, 张宏瑞, 李正跃, 等. 不同食物对西花蓟马生长发育的影响 [J]. 植物保护, 2012, 38 (1): 55 – 59, 70]

Su MM, Guo L, Tao YL, *et al.* Effects of host plant factors on the bacterial communities associated with two whitefly sibling species [J]. *PLoS ONE*, 2016, 11 (3): e0152183.

Tang ZJ, Xiao QM, Xie BY, *et al.* A review on endosymbionts in insects [J]. *Microbiology China*, 2005, 4: 140 – 143. [谭周进, 肖启明, 谢丙炎, 等. 昆虫内共生菌研究概况 [J]. 微生物学通报, 2005, 4: 140 – 143]

Wang A, Yao ZC, Zheng WW, *et al.* Bacterial communities in the gut and reproductive organs of *Bactrocera minax* (Diptera: Tephritidae) based on 454 Pyrosequencing [J]. *PLoS ONE*, 2014, 9 (9): e106988. 9.

Wang DZ, Wang ZL, Zhu HF, *et al.* Analysis of the gut microbial diversity of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Hemiptera: Delphacidae) by high – throughput sequencing [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2019, 62 (3): 323 – 333. [王天召, 王正亮, 朱杭锋, 等. 基于高通量测序的褐飞虱肠道微生物多样性分析 [J]. 昆虫学报, 2019, 62 (3): 323 – 333]

Wang GS. Study on Isolation and Identification of Endophytes from *Chrysanthemum morifoliun* cv. Boju and Their Antibacterial and Growth Promoting Functions [D]. Fuyang: Fuyang Normal University, 2018. [王贵生. 亳菊内生菌的分离鉴定及抑菌促生功能研究 [D]. 阜阳: 阜阳师范学院, 2018]

Wu XL, Xia XF, Chen JH, *et al.* Effects of different diets on the diversity of larval gut bacteria of the diamondback moth, *Plutella xylostella* (Lepidoptera: Plutellidae) [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2019, 62 (10): 1172 – 1185. [吴晓露, 夏晓峰, 陈俊晖, 等. 取食不同食物对小菜蛾幼虫肠道细菌多样性的影响 [J]. 昆虫学报, 2019, 62 (10): 1172 – 1185]

Xiang H, Li MW, Zhao Y, *et al.* Bacterial community in midguts of the silkworm larvae estimated by PCR/DGGE and16S rDNA gene library analysis [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2007, 3: 222 – 233. [相辉, 李木旺, 赵勇, 等. 家蚕幼虫中肠细菌群落多样性的 PCR – DGGE 和 16S rDNA 文库序列分析 [J]. 昆虫学报, 2007, 3: 222 – 233]

Xie W, Zhi JR, Liu L, *et al.* Effects of different preference hosts on expression levels of trypsin gene CL4520. contig1 in *Frankliniella occidentalis* [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2020, 48 (7): 69 – 73. [谢文, 郅军锐, 刘利, 等. 不同嗜食寄主对西花蓟马胰蛋白酶基因 CL4520. Contig1 表达量的影响 [J]. 江苏农业科学, 2020, 48 (7): 69 – 73]

Xu J, Mahowald MA, Lay RE, *et al.* Evolution of symbiotic bacteria in the distal human intestine [J]. *PLoS Biol.*, 2007, 5 (7): 1574 – 1586.

Xu YX, Feng ZZ, Lu P, *et al.* Isolation and characterization of capable of degrading parathion – methyl isolation and characterization of capable of degrading parathion – methyl [J]. *Chinese Journal of Pesticide Science*, 2009, 11 (3): 329 – 334. [许育新, 冯昭中, 陆鹏, 等. 甲基对硫磷降解菌 PF32 的分离鉴定及其降解特性研究 [J]. 农药学学报, 2009, 11 (3): 329 – 334]

Ya YK, Xia M, Li J, *et al.* Diversity analysis of intestinal flora in the third and fourth – instar larvae of *Solenopsis invicta* [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2021, 43 (2): 420 – 429. [押玉柯, 夏敏, 李军, 等. 红火蚁三龄、四龄幼虫肠道菌菌群多样性分析 [J]. 环境昆虫学报, 2021, 43 (2): 420 – 429]

Yao MY, Ji QE, Cheng JH. Advance on the study of symbiotic enterobacteria in fruit flies [J]. *Journal of Biosafety*, 2017, 26 (2): 103 – 110. [姚明燕, 季清娥, 陈家骅. 实蝇肠杆菌科共生菌的研究进展 [J]. 生物安全学报, 2017, 26 (2): 103 – 110]

Ye JQ. The Diversity Analysis of Bacterial in the Gut of *Frankliniella occidentalis* [D]. Guiyang: Guizhou University, 2020. [叶佳琴. 西花蓟马肠道细菌多样性分析 [D]. 贵阳: 贵州大学, 2020]

Zhang Y, Meng XC. Stress responses and impact of carbonhydrate metabolism in lactic acid bacteria [J]. *Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology*, 2017, 17 (6): 145 – 151. [张筠, 孟祥晨. 乳酸菌的胁迫应答及其对碳水化合物代谢的影响 [J]. 中国食品学报, 2017, 17 (6): 145 – 151]

Zhang YH, Li JH, Wang H. Research progress on the relationship between host detoxification metabolism and insect microbial symbionts [J]. *Chinese Journal of Pesticide Science*, 2019, 21 (Z1): 729 – 735. [张云骅, 李建洪, 万虎. 昆虫共生菌与宿主的解毒代谢关系研究进展 [J]. 农药学学报, 2019, 21 (Z1): 729 – 735]

Zhang YJ, Wu QJ, Xu BY, *et al.* Dangerous alien invasive creature – western flower thrips harmed in Beijing [J]. *Plant Protection*, 2003, 4: 58 – 59. [张友军, 吴青君, 徐宝云, 等. 危险性外来入侵生物 – 西花蓟马在北京发生危害 [J]. 植物保护, 2003, 4: 58 – 59]

Zhang YX, Zhang ZJ, Lv YB. Analysis of the feeding behavior of western flower thrips, *Frankliniella occidentalis* (Pergande) (Thysanoptera: Thripidae) on four host plants by electrical penetration graph [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2014, 26 (3): 714 – 721. [张玉秀, 张治军, 吕要斌. 利用 EPG 技术分析西花蓟马在 4 种寄主植物上的取食行为 [J]. 浙江农业学报, 2014, 26 (3): 714 – 721]

Zhu ZL. The Bacterial Composition and Diversity Associated with Lab-raised Colonies of *Camponotus japonicus* Mayr [D]. Xianyang: Northwest A&F University, 2015. [朱卓琳. 日本弓背蚁室内饲养种群消化道细菌组成及其多样性研究 [D]. 咸阳: 西北农林科技大学, 2015]

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net