

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2019.08.002

# 重庆地区取食高粱的草地贪夜蛾与玉米粘虫肠道细菌比较<sup>①</sup>

顾偌铤<sup>1,2,3</sup>, 唐运林<sup>1,2,3</sup>, 吴燕燕<sup>1,2,3,4</sup>, 牛小慧<sup>5</sup>,  
李青晏<sup>1,4</sup>, 郭志斌<sup>1,4</sup>, 向丽<sup>1,4</sup>, 蒋睿轩<sup>1,4</sup>, 雷云飞<sup>6</sup>,  
刘秀<sup>7</sup>, 胡源<sup>7</sup>, 包佳玲<sup>1,2,3</sup>, 李田<sup>1,2,3</sup>, 韦俊宏<sup>1,2,3</sup>,  
潘国庆<sup>1,2,3</sup>, 周泽扬<sup>1,2,3,8</sup>

1. 西南大学家蚕基因组生物学国家重点实验室, 重庆 400715;
2. 西南大学农业部蚕桑生物学与遗传育种重点实验室, 重庆 400715;
3. 西南大学微孢子虫感染与防控重庆市重点实验室, 重庆 400715;
4. 西南大学生物技术学院, 重庆 400715; 5. 重庆市种子管理站, 重庆 401121;
6. 江津区农业技术推广中心, 重庆江津 402260; 7. 重庆江记农业科技有限公司, 重庆江津 402289;
8. 重庆师范大学生命科学学院, 重庆 401331

**摘要:** 草地贪夜蛾(*Spodoptera frugiperda*)于2019年5月被发现已经入侵至重庆地区,6月底在江津地区的高粱地中也发现了少量的草地贪夜蛾,同时还发现了大量玉米粘虫(*Mythimna separata*).通过分离培养同一生境内的草地贪夜蛾和玉米粘虫的肠道细菌,结合16S rDNA测序完成了这两种害虫肠道优势菌属水平的鉴定,共分离得到了19个细菌分离株,其中分离自草地贪夜蛾肠道细菌归为5个属,分别为欧文氏菌属(*Erwinia*),不动杆菌属(*Acinetobacter*),肠杆菌属(*Enterobacter*),肠球菌属(*Enterococcus*),假单胞菌属(*Pseudomonas*).分离自玉米粘虫肠道细菌归为6个属,分别为克雷伯氏菌属(*Klebsiella*),不动杆菌属(*Acinetobacter*),寡养单胞菌属(*Stenotrophomonas*),肠球菌属(*Enterococcus*),金黄杆菌属(*Chryseobacterium*),芽孢杆菌属(*Bacillus*).同时我们也对采自玉米地和高粱地的草地贪夜蛾肠道微生物优势菌进行了比较分析,在江津高粱地中的草地贪夜蛾中没有发现克雷伯氏菌,但该菌在巫山、巫溪玉米地的草地贪夜蛾中大量存在.结论为进一步研究草地贪夜蛾幼虫肠道核心微生物群奠定了基础.

**关键词:** 重庆地区;高粱;草地贪夜蛾;玉米粘虫;肠道细菌

**中图分类号:** Q93-331

**文献标志码:** A

**文章编号:** 1673-9868(2019)08-0006-08

昆虫的肠道微生物种类和丰度会因食物、地域和生长发育等不同而出现差异,相同地域、相同食物的不同昆虫之间肠道微生物也会存在较大差异. Vanessa 等人通过高通量测序研究表明,不同地区、不同环境下的果蝇肠道微生物的组成以及丰度存在差异,但主要优势菌属为乳酸杆菌属以及醋酸杆菌属<sup>[1]</sup>. 向芸庆等人通过传统培养的方法鉴定发现,从柘叶饲养家蚕肠道中分离出的优势菌群与桑叶饲养的家蚕相比,出现了较大差异且不如桑叶饲养家蚕的菌群丰富,并推测这种改变可能与柘叶饲养家蚕生长发育不良、容易患病具有相关性<sup>[2]</sup>. 此外邵勇奇课题组研究发现,家蚕、桑剑纹夜蛾以及桑螟3种以桑叶喂食的昆虫的

① 收稿日期: 2019-07-13

基金项目: 中央高校基本科研业务费团队项目(XDJK2018AA001); 家蚕基因组生物学国家重点实验室自设课题(2019-03).

作者简介: 顾偌铤(1996-),男,硕士研究生,主要从事昆虫肠道微生物的研究;唐运林(共同贡献者)(1993-),男,硕士研究生,主要从事昆虫肠道微生物的研究.

通信作者: 韦俊宏,博士,讲师;潘国庆,博士,研究员,博士研究生导师.

肠道微生物的组成以及丰度都存在差异<sup>[3]</sup>。

草地贪夜蛾(*Spodoptera frugiperda*), 又名秋粘虫、行军虫, 起源于美洲, 被联合国粮农组织称为“全球重大跨国迁飞性农业害虫”, 其食谱广泛, 主要包括禾本科、菊科和豆科植物, 于 2019 年初入侵中国并对中国的农业生产造成了巨大威胁<sup>[4-7]</sup>。美国和巴西已经开展了草地贪夜蛾肠道优势细菌分离鉴定工作<sup>[8-9]</sup>, 但主要是对玉米地中的草地贪夜蛾肠道微生物进行的研究。本课题组前期研究对在重庆的巫山、巫溪、潼南等地区的玉米地捕捉的草地贪夜蛾进行了生物型以及肠道细菌鉴定分析, 在巫山、巫溪地区分离得到了 5 个属的分离株, 分别为克雷伯氏菌属(*Klebsiella*), 不动杆菌属(*Acinetobacter*), 假单胞菌属(*Pseudomonas*), 肠杆菌属(*Enterobacter*)以及气单胞菌属(*Aeromonas*)<sup>[10-11]</sup>。最近在重庆江津地区高粱地同时发现有少量草地贪夜蛾和大量玉米粘虫(*Mythimna seperata*)的存在, 为我们研究取食同一食材的入侵昆虫与当地固有昆虫的肠道微生物提供了很好的素材。

本研究采集了重庆江津地区同一片高粱地中的草地贪夜蛾和玉米粘虫样本, 通过传统培养法以及 16S rDNA 测序对草地贪夜蛾和玉米粘虫的肠道优势菌进行了初步分离鉴定, 并对相同生境中两种昆虫肠道优势细菌类型进行了比较。同时我们也对不同食性的草地贪夜蛾肠道微生物优势菌进行了比较分析, 以为后续深入研究草地贪夜蛾核心肠道微生物群奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

草地贪夜蛾幼虫(5 只)和玉米粘虫幼虫(24 只)采自于重庆江津地区高粱地。

### 1.2 草地贪夜蛾的生物型鉴定

分别用 *COI* 和 *Tpi* 基因的引物对所提取的草地贪夜蛾基因组进行 PCR 扩增, 扩增产物送华大基因科技股份有限公司测序, 测序结果使用 MEGA 6.0 进行多重序列比对, 剔除冗余的低质量序列后, 进行进化树分析。根据 *COI* 和 *Tpi* 基因具有“水稻型”和“玉米型”的亚型, 用 ClustalX(1.83)软件分析所得序列的差异位点<sup>[7]</sup>。

### 1.3 草地贪夜蛾幼虫和玉米粘虫幼虫粪便及中肠内容物的收集

将采样得到的草地贪夜蛾幼虫和玉米粘虫幼虫分组, 并喂食高粱叶饲养, 收集粪便, 加入 1 mL 灭菌的磷酸缓冲液(PBS)后震荡制取粪便原液, 在超净工作台上解剖经酒精表面消毒的幼虫, 取其中肠置于 1.5 mL 离心管中, 加入 1 mL 灭菌的 PBS, 充分震荡制取肠道内容物悬液。

### 1.4 肠道细菌的分离

各取 100  $\mu\text{L}$  粪便原液与肠道原液分别加入 900  $\mu\text{L}$  PBS, 梯度稀释, 获得  $10^{-3}$ — $10^{-9}$  稀释度的粪便液和肠液样本。取  $10^{-3}$ — $10^{-9}$  稀释度的液体样本 100  $\mu\text{L}$  涂布于 LB 平板上, 30  $^{\circ}\text{C}$  培养箱培养 24 h, 36 h, 48 h 后, 挑取不同形态的单菌落划线培养。

### 1.5 肠道细菌的分子鉴定

1) 吸取 50  $\mu\text{L}$  裂解缓冲液于 PCR 管中, 挑取单菌落置于 PCR 管中。

2) 置于 80  $^{\circ}\text{C}$  水浴 5 min 充分裂解, 吸取 4  $\mu\text{L}$  裂解液作为模板。

3) 用细菌通用引物 27F 和 1492R 进行 PCR 扩增, 扩增反应体系如下: 模板 4  $\mu\text{L}$ , 引物 27F/1492R 各 2  $\mu\text{L}$ , 1  $\times$  TaqMasterMix(purple)42  $\mu\text{L}$ 。PCR 反应程序为 96  $^{\circ}\text{C}$ , 10 min; 96  $^{\circ}\text{C}$ , 30 s; 55  $^{\circ}\text{C}$ , 30 s; 72  $^{\circ}\text{C}$ , 1 min 30 s, 30 个循环; 72  $^{\circ}\text{C}$ , 10 min。PCR 产物送至华大基因科技股份有限公司测序。

### 1.6 数据分析

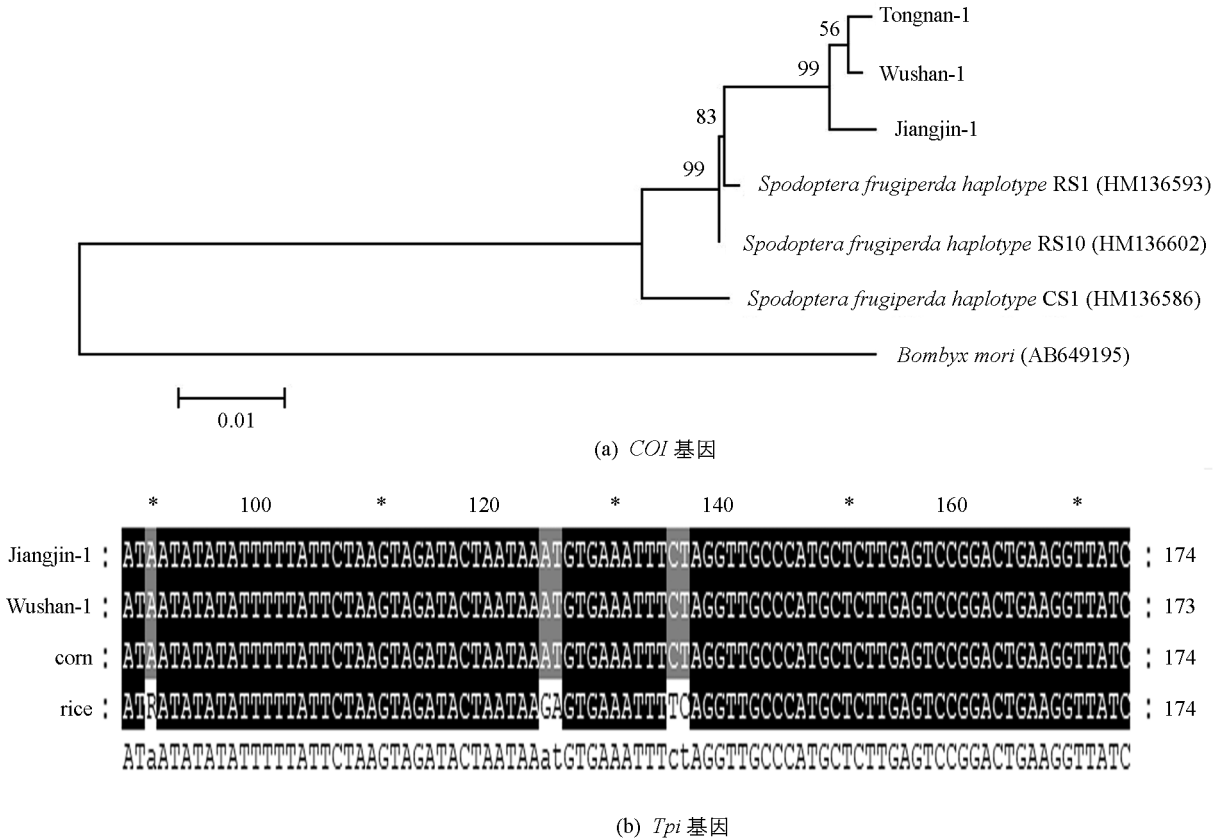
将得到的测序结果在 NCBI(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)中进行序列比对, 下载同源性较高的序列, 使用 MEGA 6.0 进行多重序列比对, 并进行进化树分析。同时将获得的 16S rDNA 基因序列在 RDP 数据的 Classifier 程序(<https://rdp.cme.msu.edu/classifier/classifier.jsp>)中进行比对, 获得同源性较高序列的相关信息。

## 2 结果与分析

### 2.1 江津地区草地贪夜蛾生物型鉴定

为了确定收集到的江津地区草地贪夜蛾的生物型, 分别扩增草地贪夜蛾线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基

I 基因 (cytochrome c oxidase subunit I, *COI*) 和磷酸甘油醛异构酶基因 (triose phosphate isomerase, *Tpi*). 分析测序结果发现, 江津地区草地贪夜蛾 *COI* 基因为“水稻型”, *Tpi* 基因为“玉米型”(图 1).



Tongnan: 潼南; Wushan: 巫山; Jiangjin: 江津.

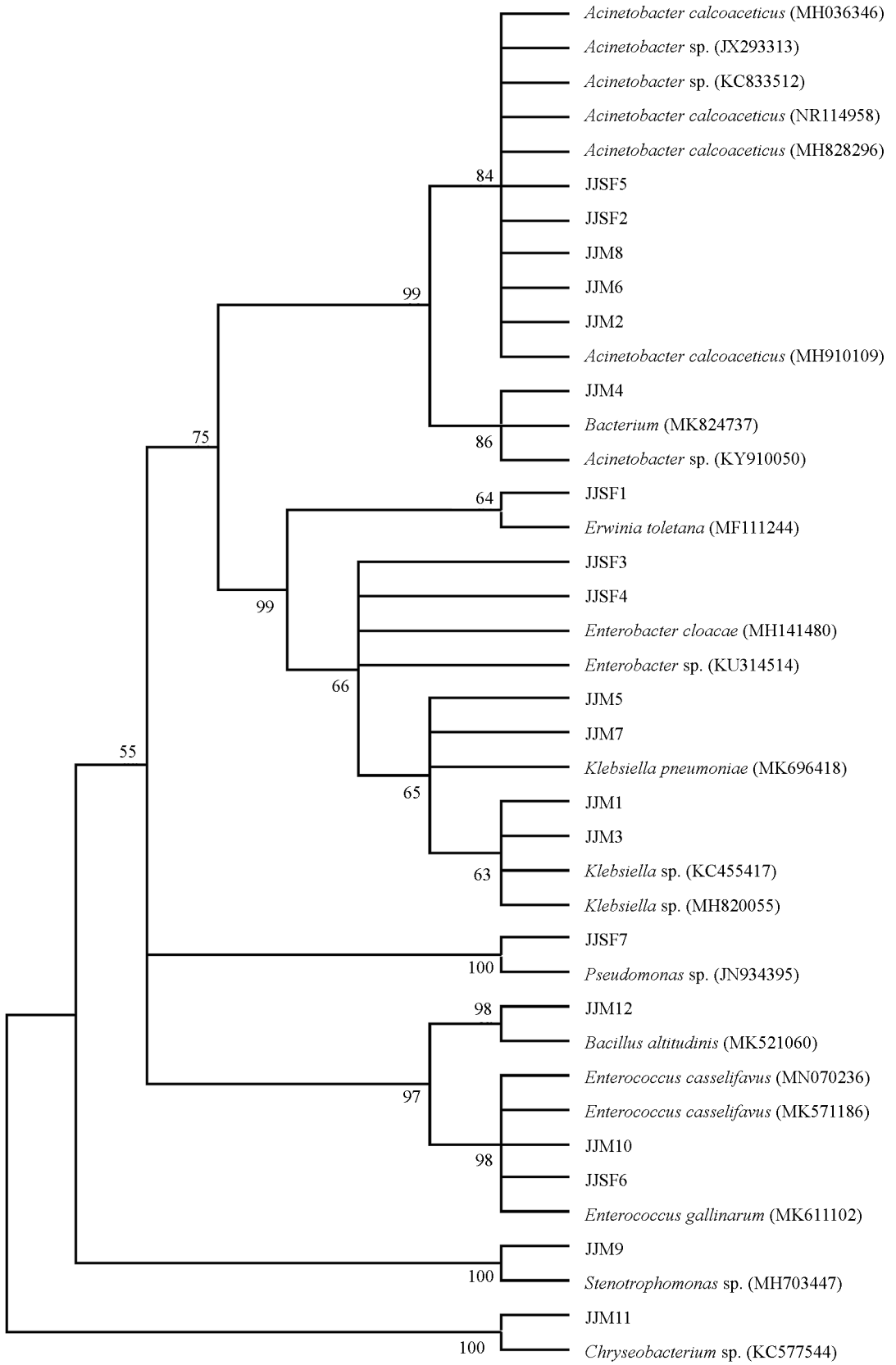
图 1 江津地区草地贪夜蛾 *COI* 基因与 *Tpi* 基因的鉴定

## 2.2 高粱地草地贪夜蛾与玉米粘虫肠道细菌分子鉴定

草地贪夜蛾与玉米粘虫肠道样品最佳稀释倍数为  $10^{-3}$ , 粪便样品的最佳稀释倍数为  $10^{-6}$ . 分别挑取不同大小、形态的单菌落划线培养, 共分离得到 19 个菌株. 将测序得到 16S rDNA 序列导入 Blastclust 做同源聚类分析, 同源性大于 97% 为一个聚类单元, 共得到了 12 个分类单元(表 1).

所得的测序结果导入 NCBI 及 RDP 数据库中进行比对分析, 这 19 个细菌分离株的系统发育树归到了 9 个属, 其中草地贪夜蛾分离株中, JJSF1 分离株属于欧文氏菌属 (*Erwinia*); JJSF2, JJSF5 分离株属于不动杆菌属 (*Acinetobacter*); JJSF3, JJSF4 分离株属于肠杆菌属 (*Enterobacter*); JJSF6 分离株属于肠球菌属 (*Enterococcus*); JJSF7 分离株属于假单胞菌属 (*Pseudomonas*). 玉米粘虫分离株中, JJM1, JJM3, JJM5, JJM7 分离株属于克雷伯氏菌属 (*Klebsiella*); JJM2, JJM4, JJM6, JJM8 分离株属于不动杆菌属 (*Acinetobacter*); JJM9 分离株属于寡养单胞菌属 (*Stenotrophomonas*); JJM10 分离株属于肠球菌属 (*Enterococcus*); JJM11 分离株属于金黄杆菌属 (*Chryseobacterium*); JJM12 分离株属于芽孢杆菌属 (*Bacillus*). 其中不动杆菌属分离株在聚类分析中分为了 2 个分类单元, 肠杆菌属分为了 2 个分类单元, 肠球菌属分为了 2 个分类单元. 在所有草地贪夜蛾的分离株中, 各个分类单元比例较为均衡. 而在玉米粘虫的分离株中, 克雷伯氏菌属和不动杆菌属占最大比例(33.3%).

为了进一步分析草地贪夜蛾与玉米粘虫肠道优势菌群的联系, 对分离到的 19 株菌株进行系统发育树分析. 结果显示, 江津地区草地贪夜蛾与玉米粘虫肠道细菌组成差异较大. 其中, 欧文氏菌属和假单胞菌属仅在草地贪夜蛾中分离到, 克雷伯氏菌属、金黄杆菌属和芽孢杆菌属仅分离自玉米粘虫(图 2). 值得注意的是, 尽管 JJSF2 和 JJSF5, JJSF6 和 JJM10 被分为了 2 个 OTU, 但它们在进化树上聚到了一枝, 说明其在进化上差异不大.



JJSF: 江津草地贪夜蛾; JJM: 江津玉米粘虫.

图 2 江津地区草地贪夜蛾和玉米粘虫肠道细菌系统发育分析

表 1 江津草地贪夜蛾与玉米粘虫肠道细菌分离株种属统计

OTU ID	样 品 来 源		NCBI ID	RDP ID
	草地贪夜蛾	玉米粘虫		
OTU1	未分离到	JJM1	<i>Klebsiella</i>	<i>Klebsiella</i>
		JJM3		
		JJM5		
		JJM7		
OTU2	JJSF2	JJM2	<i>Acinetobacter</i>	<i>Acinetobacter</i>
		JJM4		
		JJM6		
		JJM8		
OTU3	JJSF7	未分离到	<i>Pseudomonas</i>	<i>Pseudomonas</i>
OTU4	JJSF4	未分离到	<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter</i>
OTU5	未分离到	JJM11	<i>Chryseobacterium</i>	<i>Chryseobacterium</i>
OTU6	JJSF3	未分离到	<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter</i>
OTU7	未分离到	JJM12	<i>Bacillus</i>	<i>Bacillus</i>
OTU8	JJSF5	未分离到	<i>Acinetobacter</i>	<i>Acinetobacter</i>
OTU9	JJSF6	未分离到	<i>Enterococcus</i>	<i>Enterococcus</i>
OTU10	未分离到	JJM10	<i>Enterococcus</i>	<i>Enterococcus</i>
OTU11	JJSF1	未分离到	<i>Erwinia</i>	<i>Erwinia</i>
OTU12	未分离到	JJM9	<i>Stenotrophomonas</i>	<i>Stenotrophomonas</i>

注: JJSF1-JJSF6, JJM1-JJM9 分离自粪便; JJSF7, JJM10-JJM12 分离自中肠。

### 2.3 以高粱为食的草地贪夜蛾肠道细菌与以玉米为食的草地贪夜蛾肠道细菌比较

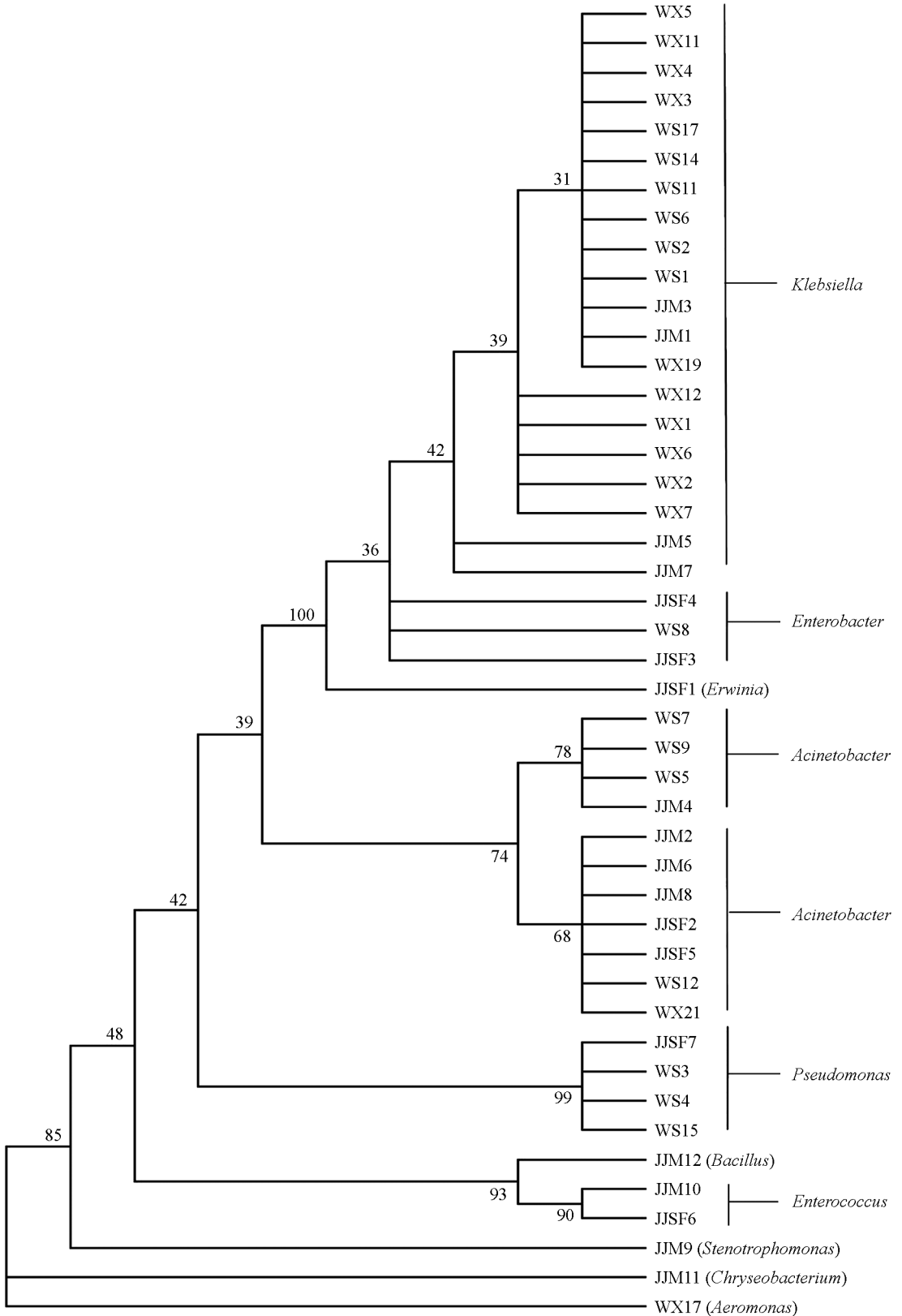
为了探究食物的差异对草地贪夜蛾肠道细菌组成的影响,初步比较了江津地区以高粱为食的草地贪夜蛾与巫山、巫溪以玉米为食的草地贪夜蛾肠道细菌的组成,并以江津地区玉米粘虫肠道细菌作为参照,构建系统发育进化树。通过系统发育进化树可以发现,江津地区以高粱为食的草地贪夜蛾的肠道细菌组成与巫山、巫溪地区以玉米为食的草地贪夜蛾肠道细菌组成有相似性,但也有一定的差异(图 3)。至本成果投稿为止,我们尚未在江津地区的草地贪夜蛾肠道中分离出克雷伯氏菌属,而克雷伯氏菌属在巫山、巫溪地区的草地贪夜蛾肠道中广泛存在。此外,仅在江津地区的草地贪夜蛾肠道中分离培养得到了欧文氏菌属。尽管存在着一定的差异,但江津地区的草地贪夜蛾与巫山、巫溪地区草地贪夜蛾肠道细菌也有相似之处,如都存在不动杆菌属(JJSF2, JJSF5, WS12 和 WX21)和假单胞菌属(JJSF7, WS3, WS4, WS15),这些结果说明,虽然草地贪夜蛾的肠道细菌组成会受到食物和环境因素的影响,但有一些类型的细菌则在不同地区的草地贪夜蛾内普遍存在。

## 3 讨 论

肠道微生物在宿主的生长发育、生理状态和行为特征上起着重要的作用。在果蝇的肠道微生物研究中发现,果蝇共生菌植物乳杆菌可以通过胰岛素信号通路促进果蝇的生长发育,还可以通过与神经元的相互作用调控果蝇的运动,其肠道菌群的稳定对果蝇的寿命也有一定的影响<sup>[12-14]</sup>。此外,肠道菌群可以促进宿主对食物的吸收利用<sup>[15]</sup>,而饮食差异也会对宿主肠道微生物组成造成一定的影响<sup>[16]</sup>。草地贪夜蛾是一种食性比较广的杂食昆虫,研究取食不同植物的草地贪夜蛾肠道微生物菌群差异,对于分析草地贪夜蛾的核心微生物群,阐明肠道微生物在草地贪夜蛾生长发育中的作用均具有重要的意义。

本文基于细菌培养结合 16S rDNA 测序的方法对重庆江津地区以高粱为食的草地贪夜蛾和玉米粘虫的肠道优势细菌进行了鉴定。在草地贪夜蛾的肠道中,共分离得到了 7 个分离株,属于 5 个属,包括欧文氏菌属、不动杆菌属、假单胞菌属、肠杆菌属和肠球菌属。在玉米粘虫的肠道中,共分离了 12 个分离株,属于 6 个属,包括克雷伯氏菌属、不动杆菌属、寡养单胞菌属、肠球菌属、金黄杆菌属和芽孢杆菌属。在已有的玉米粘虫肠道微生物报道中,肠球菌属、假单胞菌属、肠杆菌属等是玉米粘虫的肠道优势菌群<sup>[17]</sup>,与我们的结果有一定的出入。有报道指出,食叶昆虫从土壤中获取肠道微生物,而不是植物<sup>[18]</sup>。但我们的分离鉴定

结果显示,虽然草地贪夜蛾和玉米粘虫生长在相同环境,取食对象相同,但他们的肠道细菌组成差异较大,仅有不动杆菌属和肠球菌属在二者的肠道中都存在.



WS: 巫山; WX: 巫溪; JJSF: 江津草地贪夜蛾; JJM: 江津玉米粘虫.

图 3 江津地区草地贪夜蛾与巫山、巫溪地区草地贪夜蛾肠道细菌比较

随后, 我们将江津地区的草地贪夜蛾肠道细菌与巫山、巫溪地区草地贪夜蛾肠道细菌进行比较, 发现其肠道微生物组成有着一定的差异, 在此前巫山、巫溪采食玉米的草地贪夜蛾的肠道细菌分离中, 分离到了大量克雷伯氏菌属<sup>[8]</sup>, 而在江津采食高粱的草地贪夜蛾幼虫肠道中却没有分离到, 但在同一生境下, 玉米粘虫的肠道内却又分出了克雷伯氏菌, 有可能与本次获得的取食高粱的草地贪夜蛾样本过少有关. 在江津地区的草地贪夜蛾肠道中, 第一次分离到了欧文氏菌. 美国学者在宾夕法尼亚州的草地贪夜蛾中分离得到了克雷伯氏菌属, 但在巴西对农药抗性的草地贪夜蛾中没有分离得到<sup>[3]</sup>.

我们通过纯培养的方法分离得到了取食高粱的草地贪夜蛾和玉米粘虫的肠道优势细菌, 初步探究了食物对草地贪夜蛾肠道细菌组成的影响, 证明草地贪夜蛾肠道细菌组成会受到环境的影响, 为后续研究奠定了基础. 但细菌的纯培养受到了诸多因素的限制, 如细菌的最适生长条件, 培养基偏好性等因素, 对肠道优势菌的鉴定造成了一定的影响. 因此, 我们将在后面的工作中结合细菌培养和 16S rDNA 测序、宏基因组测序的方法, 以便更好地揭示微生物群落结构和多样性的组成, 确定肠道优势菌群.

### 参考文献:

- [1] CORBY-HARRIS V, PONTAROLI A C, SHIMKETS L J, et al. Geographical Distribution and Diversity of Bacteria Associated with Natural Populations of *Drosophila Melanogaster* [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(11): 3470-3479.
- [2] 向芸庆, 王晓强, 冯伟, 等. 不同饲料饲养家蚕其肠道微生态优势菌群类型的组成及差异性 [J]. *生态学报*, 2010, 30(14): 3875-3882.
- [3] CHEN B S, DU K Q, SUN C, et al. Gut Bacterial and Fungal Communities of the Domesticated Silkworm (*Bombyx mori*) and Wild Mulberry-Feeding Relatives [J]. *The ISME Journal*, 2018, 12(9): 2252-2262.
- [4] 陈冬平, 陈志廷, 徐汉虹, 等. 不同分子标记对入侵广州草地贪夜蛾的寄主型鉴别能力比较 [J/OL]. *华南农业大学学报*: 1-5[2019-07-12]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/44.1110.S.20190617.1027.002.html>.
- [5] 秦誉嘉, 蓝帅, 赵紫华, 等. 迁飞性害虫草地贪夜蛾在我国的潜在地理分布 [J/OL]. *植物保护*: 1-8[2019-07-12]. <https://doi.org/10.16688/j.zwbh.2019269>.
- [6] 张磊, 靳明辉, 张丹丹, 等. 入侵云南草地贪夜蛾的分子鉴定 [J]. *植物保护*, 2019, 45(2): 19-24, 56.
- [7] 齐国君, 马健, 胡高, 等. 首次入侵广东的草地贪夜蛾迁入路径及天气背景分析 [J]. *环境昆虫学报*, 2019, 41(3): 488-496.
- [8] ACEVEDO F E, PEIFFER M, TAN C W, et al. Fall Armyworm-Associated Gut Bacteria Modulate Plant Defense Responses [J]. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 2017, 30(2): 127-137.
- [9] OLIVEIRA P L. The Gut Microbiota of Insecticide-Resistant Insects Houses Insecticide-Degrading Bacteria: A Potential Source for Biotechnological Exploitation [J]. *PLoS One*, 2017, 12(3): e0174754.
- [10] 唐运林, 顾偲铖, 吴燕燕, 等. 入侵重庆地区的草地贪夜蛾种群生物型鉴定 [J]. *西南大学学报(自然科学版)*, 2019, 41(7): 1-7.
- [11] 唐运林, 吴燕燕, 顾偲铖, 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.
- [12] 李玉娟, 苏琬真, 胡坤坤, 等. 植物乳杆菌促进黑腹果蝇生长发育 [J]. *昆虫学报*, 2017, 60(5): 544-552.
- [13] SCHRETTER C E, VIELMETTER J, BARTOS I, et al. A Gut Microbial Factor Modulates Locomotor Behaviour in *Drosophila* [J]. *Nature*, 2018, 563(7731): 402-406.
- [14] IATSENKO I, BOQUETE J P, LEMAITRE B. Microbiota-Derived Lactate Activates Production of Reactive Oxygen Species by the Intestinal NADPH Oxidase Nox and Shortens *Drosophila* Lifespan [J]. *Immunity*, 2018, 49(5): 929-942.
- [15] 宋月, 李娜, 岳莹雪, 等. 膳食中的主要成分对肠道微生物组成及代谢影响的研究进展 [J/OL]. *食品工业科技*: 1-9[2019-07-12]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1759.ts.20190506.1637.035.html>.
- [16] 刘春蕾. 不同糖源饲料对越冬蜜蜂肠道健康及肠道微生物区系的影响 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2017.

- [17] HE C, NAN X N, ZHANG Z Q, et al. Composition and Diversity Analysis of the Gut Bacterial Community of the Oriental Armyworm, *Mythimna Separata*, Determined by Culture-Independent and Culture-Dependent Techniques [J]. *Journal of Insect Science*, 2013, 13(165): 1-11.
- [18] HANNULA S E, ZHU F, HEINEN R, et al. Foliar-Feeding Insects Acquire Microbiomes from the Soil rather than the Host Plant [J]. *Nature Communications*, 2019(10): 1254.

## Comparison of Gut Bacteria Between *Spodoptera frugiperda* and *Mythimna seperata* Feeding on Sorghum in Chongqing Area

GU Ruo-cheng<sup>1,2,3</sup>, TANG Yun-lin<sup>1,2,3</sup>, WU Yan-yan<sup>1,2,3,4</sup>,  
NIU Xiao-hui<sup>5</sup>, LI Qing-yan<sup>1,4</sup>, GUO Zhi-bin<sup>1,4</sup>,  
XIANG Li<sup>1,4</sup>, JIANG Rui-xuan<sup>1,4</sup>, LEI Yun-fei<sup>6</sup>,  
LIU Xiu<sup>7</sup>, HU Yuan<sup>7</sup>, BAO Jia-lin<sup>1,2,3</sup>, LI Tian<sup>1,2,3</sup>,  
WEI Jun-hong<sup>1,2,3</sup>, PAN Guo-qing<sup>1,2,3</sup>, ZHOU Ze-yang<sup>1,2,3,8</sup>

1. State Key Laboratory of Silkworm Genome Biology, Southwest University, Chongqing 400715, China;
2. Key Laboratory of Sericultural Biology and Genetic Breeding, Ministry of Agriculture, Chongqing 400715 China;
3. Chongqing Key Laboratory of Microsporidia Infection and Control, Chongqing 400715, China;
4. College of Biotechnology, Southwest University, Chongqing 400715, China;
5. Crop Seed Management Station of Chongqing, Chongqing 401121, China;
6. Jiangjin Agricultural Technology Extension, Jiangjin Chongqing 402260, China;
7. Chongqing Jiangji Agricultural Technology Limited, Jiangjin Chongqing, 402289, China;
8. College of Life Sciences, Chongqing Normal University, Chongqing 401331, China

**Abstract:** In May of 2019, *Spodoptera frugiperda* migrated to Chongqing and spread rapidly. It was found in maize fields in several counties and districts. At the end of June, a little *S. frugiperda* and plenty *Mythimna seperata* were found in sorghum fields in Jiangjin district. In this study we isolated the intestinal dominant bacteria from the larvae of *S. frugiperda* and *M. seperata*, and used 16S rDNA sequencing to identify their dominant genera. In total, we obtained 19 isolates of bacteria, of which *Erwinia*, *Acinetobacter*, *Enterobacter*, *Enterococcus* and *Pseudomonas* were identified from *S. frugiperda*; *Klebsiella*, *Acinetobacter*, *Stenotrophomonas*, *Enterococcus*, *Chryseobacterium* and *Bacillus* were identified from *M. seperata*. The dominant bacteria types in the gut of the two insects in the same habitat were obviously different although two genera were same. At the same time, we also conducted a comparative analysis of the dominant intestinal bacteria of *S. frugiperda* in the maize field and the sorghum field. We did not find *Klebsiella* sp. in *S. frugiperda* feeding on sorghum in Jiangjin district, which was abundant in the *S. frugiperda* feeding on maize in Wushan and Wuxi. This work may lay a foundation for further study on the core intestinal microorganisms of the *S. frugiperda* larvae.

**Key words:** Chongqing area; sorghum; *Spodoptera frugiperda*; *Mythimna seperata*; gut bacteria

责任编辑 周仁惠



