应用昆虫学报 *Chinese Journal of Applied Entomology* 2025, 62(3): 721–730. DOI: 10.7679/j.issn.2095–1353.2025.068

基于肠道内含物评价食物网中天敌控害的方法*

王小洲[1,2**] 李艳红[1,2] 李 卓[1] 王宁新[2] 张兴瑞[1] 刘 洋[1***]

（1. 山东省农业科学院植物保护研究所，山东省农业有害生物绿色防控重点实验室，济南 250100；
2. 山东农业大学植物保护学院，泰安 271018）

摘 要 化学农药的滥用与单一品种的大规模种植使得农田生态系统中的生物多样性显著降低。通过加强对非作物生境的管理可有效提升天敌昆虫的种类和数量，并提高食物网的稳定性，从而充分发挥食物网中天敌的持续控害功能。因此，明确食物网中捕食性天敌对害虫的捕食关系及其控制能力，是充分发挥天敌控制作用的前提。本文系统综述了以 DNA 分子检测技术为核心、基于肠道内含物评价食物网中天敌控害功能的研究进展，重点比较了传统捕食评估方法与分子检测技术（如 PCR 技术和 DNA 条形码技术）在灵敏度、精确性和操作性等方面的差异。进一步结合高通量测序技术，探讨了基于线粒体 DNA 中细胞色素 c 氧化酶 I 基因构建食物网关系的潜力，同时指出现有技术在适用性上的局限性。未来研究将整合捕食作用定量评估与食物网解析，深入揭示 DNA 分子检测技术在天敌控害中的应用潜力及其对害虫生态调控机制，促进基因组学与生态学的深度融合，为评价天敌控害功能和推动害虫可持续管理提供科学依据。

关键词 天敌昆虫；DNA 分子检测技术；控害功能；肠道内含物；食物网

Evaluation of biological control in food webs based on gut inclusions

WANG Xiao-Zhou[1,2**] LI Yan-Hong[1,2] LI Zhuo[1] WANG Ning-Xin[2]
ZHANG Xing-Rui[1] LIU Yang[1***]

(1. Shandong Key Laboratory for Green Prevention and Control of Agricultural Pests, Institute of Plant Protection, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China; 2. College of Plant Protection, Shandong Agricultural University, Tai’an 271018, China)

Abstract The misuse of chemical pesticides and large-scale planting of monocultures have significantly reduced biodiversity in agricultural ecosystems. Strengthening the management of non-crop habitats can effectively increase the number and variety of natural enemies of insect pests, promote the establishment and stability of food webs, and thereby fully utilize the pest control functions of natural enemies within the food web. Therefore, understanding the predatory relationships and control capabilities of predatory natural enemies in the food web is a prerequisite for fully utilizing their pest control function. This paper systematically reviews progress in research methods based on DNA molecular detection technology, with a focus on evaluating the pest control capabilities of natural enemies in the food web through the analysis of their gut contents. It highlights the similarities and differences between traditional methods of detecting gut contents, and molecular detection technologies (such as PCR and DNA barcoding) in terms of sensitivity, accuracy, and operability. Furthermore, in combination with high-throughput sequencing technology, the potential of constructing food web relationships based on the cytochrome c oxidase I gene in mitochondrial DNA is discussed, noting existing limitations in terms of applicability. In the future, combining quantitative predation assessments with food web construction will further reveal the potential application of DNA molecular detection technologies in biological pest control, and their innovative significance in pest ecological regulation. This will promote the deep integration of genomics and ecology, provide important scientific evidence for optimizing the pest control functions of predatory species and promote sustainable pest management in agricultural ecosystems.

*资助项目 Supported projects：山东省顶尖人才“一事一议”项目资助（2023YSYY-006）；国家重点研发计划资助（2023YFD1400800）；国家自然科学基金（32402473）；山东省自然科学基金（ZR2024QC274）

**第一作者 First author，E-mail：wxz_baki@163.com

***通讯作者 Corresponding author，E-mail：1203110893@qq.com

收稿日期 Received：2025-01-19；接受日期 Accepted：2025-02-20

Key words predatory insects; DNA molecular detection techniques; biological control function; intestinal inclusions; food webs

农业集约化显著提高了生产力和土地利用效率，但也依赖于化学农药的过量投入和单一品种的大规模种植（Da Silva and Willows-Munro, 2016）。化学农药的不合理使用会引发害虫抗药性（Resistance）、害虫再增猖獗（Resurgence）以及农药残留（Residue）等一系列问题（Desneux *et al.*, 2007）。害虫生态调控是解决上述难题的其中一项重要技术。它是从农田景观生态系统的作物-害虫-天敌食物网及其周边环境的相互作用出发，结合农田生物多样性相生相克的原理，应用生态景观设计和功能植物种植等技术，为田间自然天敌提供栖息地（戈峰, 2020）。显然，解析农田景观食物网中天敌与害虫的相生相克关系，发挥天敌的控害功能，是生态防控的基础（Da Silva and Willows-Munro, 2016）。而明确天敌捕食害虫的种类、数量及其对害虫的控制能力，则是构建农田景观食物网开展害虫生态防控的关键一步（Zhang *et al.*, 2022）。

评价捕食性天敌的控害作用需要明确天敌的迁移来源、捕食目标害虫的种类及其数量，综合评估其捕食作用的大小（Aebi *et al.*, 2011）。捕食作用的量化通常聚焦于局部尺度（如农田生态系统中的天敌-害虫关系）（Rondoni *et al.*, 2014）。相比之下，食物网分析则能扩展至区域或生态系统层面，揭示天敌“从哪儿来-捕食了什么害虫-捕食了多少害虫”及其对整体生态功能的影响。

生态系统功能在很大程度上依赖于其内部食物网的结构（Maureaud *et al.*, 2020）。因此，解析食物网的结构及其时间动态变化对于理解生态系统功能的内在驱动机制及预测其对外界干扰的响应非常重要（刘冰和陆宴辉, 2022）。食物网结构的量化方式通常分为定性和定量两种。定性食物网主要关注物种间是否存在捕食关系及其互动模式，而不涉及捕食关系的具体数量，只要能证明猎物被取食，就认为捕食关系存在（Marshall, 2005）。相比之下，定量食物网则根据天敌对猎物的实际取食量，来确定物种间相互作用的频率和强度。显然，明确食物网中“天敌捕食了哪种害虫、捕食了多少”以定量构建天敌-害虫食物网是有效开展害虫生态防控的关键一步。天敌通常位于食物网的中上层，通过捕食或寄生害虫种群来有效控制害虫数量（Xiao *et al.*, 2021）。然而，农田景观格局中作物与非作物生境的变化，以及季节和地域的差异，往往会显著影响天敌的捕食行为。此外，不同捕食者之间可能存在竞争和捕食的关系，这种种间互作可能导致天敌内部食物网结构及其控害功能变化，从而直接影响天敌对害虫的控害效果（Stouffer *et al.*, 2012）。因此，为避免过度依赖单一天敌种群，并减少不同天敌种群间的捕食竞争，必须通过检测不同天敌物种肠道内含物来定量评估它们对害虫的捕食作用关系和能力，进而构建一个相对完整的捕食性天敌-害虫食物网（柏昊等, 2024）。

目前，天敌控害作用的研究主要集中于作物-天敌-害虫之间的营养关系及天敌对害虫的调控机制（Athey *et al.*, 2016）。虽然这些研究能够定性分析害虫与天敌种群动态及其相互关系，但从食物网角度在定量分析天敌的捕食关系、控害效果以及转移扩散规律的层面仍存在局限性。近年来，随着分子生物学的快速发展催生了 PCR 技术、mtDNA COⅠ基因序列检测（Yang *et al.*, 2013）以及高通量测序等 DNA 分子检测技术，为定量评估天敌捕食作用及构建食物网提供了重要支撑。基于 DNA 分子检测技术，分析田间天敌样本的肠道内含物，可系统解析天敌与害虫之间的营养互作关系（Wang *et al.*, 2017），进而实现该技术在天敌控害、作物产量提升以及害虫生态调控中的多维应用价值。具体技术路线如图 1 所示。

1 基于肠道内含物的天敌捕食作用评估

捕食性天敌的肠道内含物主要包括食物残

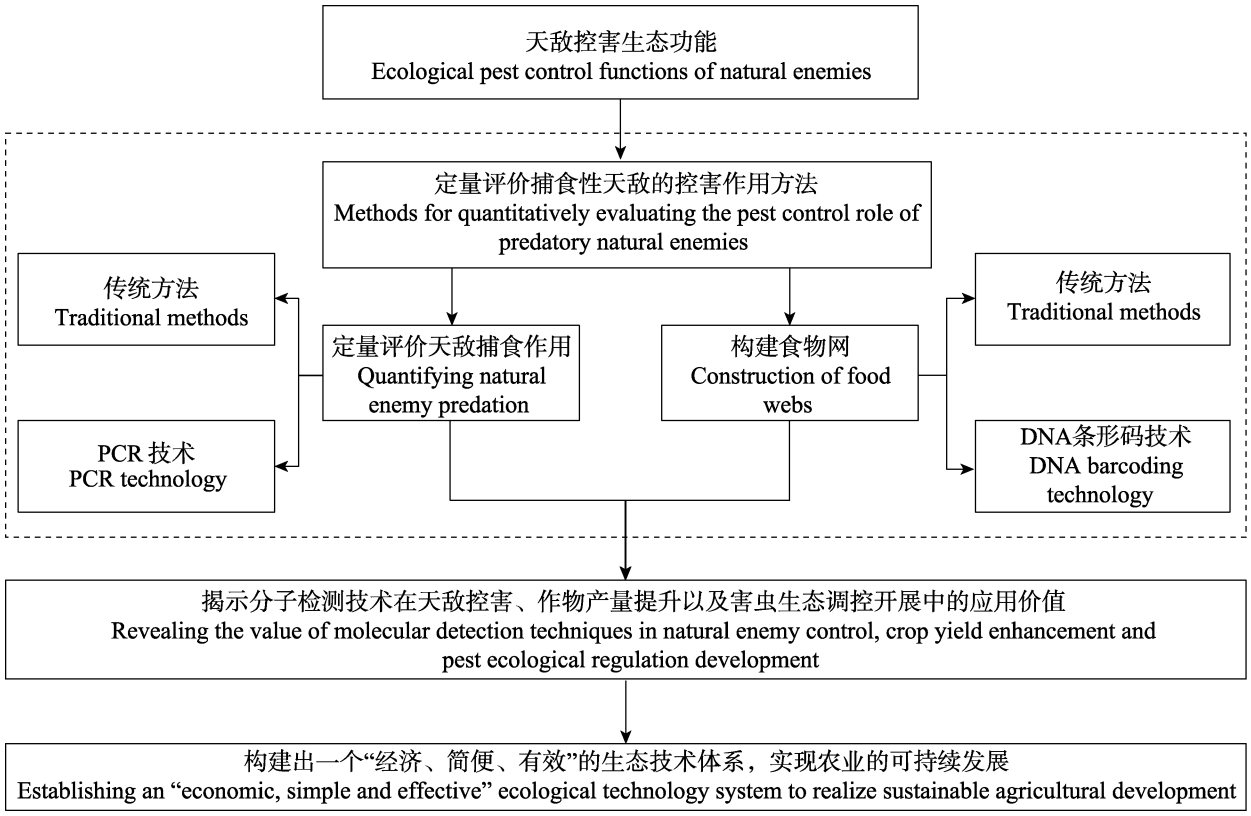

图 1　基于天敌肠道内含物定量评估天敌控害的技术路线图

Fig. 1　Technical roadmap for quantitative assessment of natural enemy control based on intestinal contents of natural enemies

渣、消化液和酶、肠道微生物、排泄物（Feces）、回吐物（Regurgitate）以及消化过的猎物 DNA，这些物质能够提供有关食性、捕食行为和捕食效率等方面的重要捕食作用信息。通过测定捕食性天敌的肠道内含物，可定量评价天敌的捕食作用，可以更精准地量化天敌在控制害虫种群中的实际效果，避免仅依赖观察所带来的主观偏差。

1.1　捕食作用评估的传统方法

目前常用的捕食评价方法包括生态能量学法、消化道解剖法、多克隆抗体免疫法、蛋白质电泳法、室内功能反应法、色谱法、田间直接观测法、稳定同位素法（边文波等, 2016）、铷（Rb）元素标记法和单克隆抗体免疫法（鞠倩等, 2020）。其中，定量评价天敌捕食作用主要通过检测天敌肠道内的猎物 DNA 或特定标志物（如铷元素、特异性蛋白质、脂肪酸等）来实现（张珂宁等, 2021）。例如，Ouyang 等（2014）通过碳、氮稳定同位素技术，量化追踪农业系统龟纹瓢虫 *Propylea japonica* 的猎物来源、取食比例及取食时期，为天敌栖息地管理提供了量化工具。铷元素标记法是一种典型的微量元素示踪技术，通过在害虫饲料中添加铷元素，使其进入猎物体内形成稳定的标志，待捕食发生后检测天敌体内铷含量，从而确认捕食行为是否发生。该方法具有操作简单、稳定性好、准确度高等优势。蔡志平等（2019）利用铷元素标记异色瓢虫 *Harmonia axyridis*，分析其在苹果树与蛇床草微景观中的捕食作用以及转移扩散规律。薛正轩等（2023）进一步验证了铷元素标记法在田间有效跟踪天敌迁移的可行性，探究了标记猎物在多异瓢虫 *Hippodamia variegate* 成虫肠道内的滞留期。此外，单克隆抗体技术作为免疫学方法中的一种重要手段，也被应用于天敌-猎物关系的研究中。该技术通过识别猎物体内特有的抗原蛋白，利用 ELISA 等手段检测天敌体内是否存在相应抗原，以此判断是否发生捕食作用。例如，Wheeler 等（2003）使用单克隆抗体成功识别了瓢虫对玉米

蚜 *Rhopalosiphum maidis* 的捕食行为，但其应用受限于抗体开发成本高、周期长等因素。综上，稳定同位素技术能够通过混合模型定量估算天敌的摄食来源比例，而铷元素标记法则通过标记猎物后检测天敌体内的元素残留，实现对捕食行为发生频率的半定量评估。这两种方法均无法精确还原捕食数量。

因此，这些方法对于天敌捕食量的评估仍显不足。近年来，利用 PCR 技术分析捕食者与猎物之间的营养关系，已成为天敌捕食研究的重要发展方向。

1.2 PCR 技术评价捕食作用的方法

目前，PCR 技术已广泛应用于基因克隆、基因表达分析和遗传变异检测等领域（Lakshmi *et al.*, 2024），成为分子生态学研究中的重要工具，也开始应用到天敌捕食作用的评估。这项技术通过应用 1 对或多对引物对目标物种进行检测，根据扩增出的不同长度片段区分不同物种，从而实现同一反应中单个或多个物种的检测和鉴定。如 Foltan 等（2005）使用 PCR 技术检测捕食性天敌肠道中的蛞蝓和蚜虫，以分析其猎物偏好，但无法区分捕食猎物搜寻行为。Kamenova 等（2018）以捕食性甲虫为研究对象，通过多重 PCR 检测其反刍物、粪便、个体样品中的猎物 DNA 片段，发现该技术对捕食行为的检测与传统评估方法相比具有更强的说服力。韦夕平等（2024）结合田间调查和 PCR 检测技术，监测了捕食性天敌东亚小花蝽 *Orius sauteri* 与花生蚜 *Aphis craccivora* 的种群动态，并测定了东亚小花蝽肠道内含物的消化半衰期。此外，PCR 技术也逐渐应用于研究植食性昆虫的取食行为，如 Wang 等（2018）基于 PCR 的分子检测方法，检测了绿盲蝽 *Apolygus lucorum* 体内的植物 DNA，探讨了其种群丰度与摄食偏好之间的关系。综上，肠道内容物的分子分析能够有效检测出节肢动物的捕食行为，为生态防控和生物防治提供更准确的数据支持，同时对生态系统过程的干扰很小（Greenstone *et al.*, 2014）。

为弥补肠道内含物检测中不同天敌对不同猎物消化速率不同造成的相对影响，通过使用可检测半衰期对数据进行加权分析，从而对天敌的捕食作用进一步校正。如 Ju 等（2019）通过 PCR 技术分析评估了异色瓢虫和龟纹瓢虫肠道内花生蚜 DNA 的检测半衰期，进而计算出捕食者重要性加权值，并对原始数据进行加权调整，从而更为精准地评估不同天敌对花生蚜虫的捕食情况。然而，使用消化半衰期校正后也只能相对定量评价天敌捕食作用。传统 PCR 技术只能定性分析已知猎物，无法精准确定天敌的捕食数量，且灵敏度较低，易受到天敌消化作用的影响。实时荧光定量 PCR（Real time fluorescent quantitative polymerase chain reaction，FQ-PCR）是一种在传统 PCR 基础上发展而来的高度灵敏核酸定量技术。与传统 PCR 相比，该技术不仅速度更快、灵敏度更高、抗干扰能力更强（Shakeel *et al.*, 2018），还能有效减少实验中的污染问题（Foltan *et al.*, 2005），并直接生成定量数据。这些优势使其在昆虫分类与鉴定、昆虫检疫、昆虫抗药性研究、昆虫种群生态学、昆虫天敌研究（陈学新等, 2023）和昆虫微生物研究等领域得到了广泛应用（Ruiz *et al.*, 2023）。近年来，实时荧光定量 PCR 在昆虫肠道内含物检测中的应用逐渐增多。如 Wang 等（2013）构建了针对白背飞虱 *Sogatella furcifera*、褐飞虱 *Nilaparvata lugens* 和灰飞虱 *Laodelphax striatellus* 三重实时荧光定量 PCR 检测体系，用于研究 3 种捕食性蜘蛛的生物控制作用。Rondoni 等（2014）通过荧光定量 PCR 验证了入侵性异色瓢虫对本地瓢虫与害虫的捕食作用。研究表明，在需要高灵敏度、特异性和定量分析的情况下，实时荧光定量 PCR 是首选方法（Kamenova *et al.*, 2018）。此外，对于更复杂的微生物群落或特定宿主-微生物相互作用研究，结合多种 PCR 可能是更优的选择。

1.3 mtDNA COⅠ基因序列的应用

mtDNA COⅠ基因序列是一种基于线粒体 DNA 中细胞色素 c 氧化酶Ⅰ（Cytochrome c oxidase subunitⅠ，COⅠ）基因序列（王倩等, 2013）。基于该序列的技术核心步骤是利用常规

PCR 技术扩增 COⅠ基因的特定区域，对昆虫肠道扩增产物进行 DNA 测序，并将获得的基因序列与数据库中的已知序列进行比对，从而实现物种鉴定（Antil *et al*., 2023）。作为 COⅠ基因的补充标记，细胞色素 c 氧化酶Ⅱ（Cytochrome c oxidase subunitⅡ，COⅡ）基因同样被广泛应用于基因序列检测中（Galinskaya *et al*., 2020）。COⅠ基因因其高度变异性、易被通用引物扩增，且序列中极少出现插入和缺失，成为 DNA 条形码的重要标记基因，并在食物网的构建中发挥重要作用。

自 2003 年提出以来，基于 COⅠ基因的检测技术已被证明是研究农业生态系统中天敌与害虫间捕食作用关系的有效手段之一（Krishna Krishnamurthy and Francis, 2012）。与其他方法相比，COⅠ基因序列能够有效区分形态相似或幼虫阶段难以鉴定的物种。如宋新元等（2008）通过大豆蚜 *Aphis glycines* COⅠ基因序列，设计了 2 对特异性引物，首次测定了 14 种捕食性天敌对大豆蚜的消化半衰期，为理解捕食性天敌在害虫控制中的作用提供了分子证据。王倩等（2013）针对华北农田生态系统中 5 种蚜类害虫，设计了特异性引物并进行 PCR 扩增，发现这些引物具有较强的特异性，可用于评估天敌对蚜虫的控害作用及同种天敌对不同蚜虫的选择性捕食行为。这些研究表明，作为 PCR 技术扩增的模板，mtDNA COⅠ基因序列不仅能够进行物种鉴定与分类（Chen *et al*., 2000）和遗传多样性评估，还为优化害虫生态调控策略提供了科学依据。

2　基于肠道内含物的食物网解析方法

传统的食物网构建方法主要包括野外直接观察法、消化道解剖法和室内捕食功能反应等以确定食物网中天敌对害虫的捕食作用关系和能力（Maureaud *et al*., 2020）。随着分子生物学技术的不断发展，实时荧光定量 PCR 法、单克隆抗体法、肠道内容物 PCR 检测法逐步发展完善（张珂宁等, 2021）。这些基于天敌肠道内容物的分子检测方法具有高灵敏度和强特异性，能够有效检测特定猎物种类（Kress *et al*., 2015）。然而，由于这些方法无法识别天敌的未知猎物，仍在构建完整食物网方面存在一定局限性。

2.1　基于 DNA 条形码技术的食物网分析

DNA 条形码技术是一种通过短 DNA 序列进行物种鉴定的重要方法。该技术利用 mtDNA COⅠ基因的特定标准区域作为模板，通过分析目标基因的 DNA 序列，实现物种的精准鉴定（Wang *et al*., 2017）。研究表明，DNA 条形码的分析方法包括基于统计分类法、特征诊断、系统发育树构建、遗传相似度以及遗传距离等多种方法（Adilbayeva *et al*., 2024）。这些方法的综合应用是物种鉴定和昆虫分类研究的基础。Hebert（2003）首次提出以线粒体细胞色素 c 氧化酶Ⅰ亚基（COⅠ）作为 DNA 条形码的核心片段，对 200 多种鳞翅目昆虫进行了成功识别。之后，COⅠ基因序列被广泛应用于弹尾目（Hogg and Hebert, 2004）、半翅目（Ferri *et al*., 2009）、缨翅目（魏明峰和张振旺, 2019）、双翅目（范京安等, 2009）、鳞翅目（Hajibabaei *et al*., 2006）、蜉蝣目（Ball *et al*., 2005）、鞘翅目（张媛等, 2011）以及膜翅目（周青松等, 2013）等多物种的分类、鉴定及种间关系研究（Hajibabaei *et al*., 2007）。如 García-Robledo 等（2012）以 4 种寄主植物的叶绿体 rbcL、trnH-psbA 基因和核基因 ITS2 共同构成条形码库，明确了植食性昆虫与植物之间的取食关系。Wirta 等（2015）利用 DNA 条形码技术，重新构建了鸟类、蜘蛛、寄生性天敌三者与猎物之间完善的食物网。党雯雯等（2023）通过对棉田中捕食性天敌多异瓢虫和异须微刺盲蝽 *Campylomma diversicornis* 样本进行分子检测，结合烟蓟马 *Thrips tabaci* 和花蓟马 *Frankliniella intonsa* 的特异性引物进行 PCR 扩增，成功构建了捕食性天敌-蓟马定量食物网关系，这一研究为利用捕食性天敌防治新疆棉田蓟马提供了重要科学依据。

高通量测序技术（High-throughput sequencing）又称大规模平行测序，能一次对几百万到上千万条 DNA 分别进行测序（Slatko *et al*., 2018）。基于高通量测序的 DNA 条形码

技术因其高效的分析能力和较低的投入成本，逐渐弥补了传统分子技术无法检测未知生物的不足（Gomez - Polo *et al*., 2015）。传统 DNA 条形码技术通常依赖于特定的基因区域（如 COⅠ、rbcL 和 matK）进行物种鉴定，而高通量测序技术能够同时对多个物种的 DNA 条形码进行高效测序，并快速获取多个样本的条形码信息，这种方法显著提升了物种鉴定的效率。尤其对于传统 DNA 条形码技术难以鉴定或尚未描述的物种，高通量测序在无需物种先验信息的情况下，能够识别未知或新物种，揭示更多潜在的生物关系。如 Cuff（2021）使用两组新型 PCR 引物对皿蛛科肠道内容物的 DNA 进行扩增，利用高通量测序技术对扩增后的 DNA 进行测序从而分析该蜘蛛的捕食选择。因此，这一技术不仅为构建相对完整的食物网提供了技术支持，还显著扩展了科研的深度与广度。

2.2 定量评价食物网中天敌控害作用的 DNA 分子检测技术

基于天敌肠道内含物评价其在食物网中的控害作用的 DNA 分子检测技术通常包括两个步骤。首先，从田间采集的天敌肠道中提取 DNA，并利用天敌特异性引物验证基因组模板的质量。选择质量较好的基因组模板，进行后续的肠道内含物分子检测。结合猎物特异性 COⅠ引物，通过 PCR 扩增精确检测害虫的特定 DNA 序列。通过统计猎物的阳性检出率，可以分析天敌在不同寄主植物间的转移扩散规律及其对害虫的捕食作用。其次，在提取的天敌肠道 DNA 基础上，利用 DNA 条形码基因（如 mtDNA COⅠ基因）结合高通量测序技术，构建天敌-猎物食物网（Gray *et al*., 2015）。同时，采集田间潜在猎物样品，提取其 DNA 并通过 PCR 扩增构建猎物物种参考库，为食物网的构建提供支持。这种基于 COⅠ条形码的食物网分析方法能够精确识别食物网中的捕食关系。如果研究对象中存在分类复杂、条形码数据库信息缺失或物种间 COⅠ差异不明显的情况时，可能需要选择其他基因（如 rRNA 基因 16S 和 ITS 区域等）补充分析。在引物设计与选择过程中，应特别注意其在目标天敌及其猎物中的广泛适用性，同时尽量避免非特异性扩增。

3 展望

食物网结构的解析和天敌捕食功能的定量评估，是害虫生态防控关键的一步。DNA 分子检测技术通过揭示天敌肠道内害虫的基因组特征，为深入理解害虫的生物学特性、行为模式及其天敌对害虫的生态控害作用提供了重要工具。基于 mtDNA COⅠ基因片段的 DNA 分子检测技术，将定量评价天敌捕食作用与构建天敌-害虫食物网相结合，促进了基因组学与生态学的深度融合（Wang *et al*., 2020）。近年来，该技术已被广泛证明为研究农田天敌与害虫捕食关系的高效工具，并将成为农业与植物保护领域的重要研究方向（Gurr *et al*., 2017）。而基于高通量测序的 DNA 条形码技术为食物网的深入研究提供了更精确的分析工具和全新的视角（Pandey and Rajagopal, 2016），推动了食物网结构的精准解析、物种间相互作用的监测以及生物多样性的追踪，在生态保护、生物防控、农业可持续性等领域展现出巨大的应用潜力（Adilbayeva *et al*., 2024）。

需要指出的是，目前在天敌肠道内含物分析方面，DNA 分子检测技术相较于单克隆抗体技术，在特异性方面略显不足，且 PCR 检测的灵敏度和精度也可能受到限制。此外，与铷元素标记法相比，DNA 分子检测技术操作更复杂、成本更高且稳定性较差（Parolin *et al*., 2012）。尽管实时荧光定量 PCR 技术在灵敏度和精确度上具有显著优势，但其依赖的荧光素种类和检测光源存在一定局限性，同时由于实验成本高、仪器设备昂贵，限制了其在某些领域的广泛应用。DNA 条形码技术在 COⅠ基因是否通用于所有物种、无法区分同类捕食以及猎物 PCR 的扩增效率和条形码通用性的可靠度上也存在争议（Frézal and Leblois, 2008; Ferri *et al*., 2009）。然而，该技术以其鉴定成本低、速度快、准确度高的优势必将成为生物分类学最实效的技术手段。它们之间的优势和局限性如表 1 所述。

表 1　定量评估天敌控害的不同技术方法优势及局限性

Table 1　Advantages of and limitations of different technical methods for quantitative assessment of natural enemies for pest control

	优势 Vantage	局限性 Limitations
DNA 分子检测技术 DNA molecular detection techniques	能有效区分形态相似或幼虫阶段难以鉴定的物种。对生态系统过程干扰小。灵敏度更高、抗干扰能力强，能直接生成定量数据。高通量测序鉴定成本低、速度快、准确度高，可识别未知或新物种 It can effectively distinguish morphological similar species or those that are difficult to identify in the larval stage. It causes minimal disturbance to ecosystem processes. It offers higher sensitivity and strong resistance to interference, and can directly generate quantitative data. High-throughput sequencing enables low-cost, fast, and accurate identification, with the ability to detect unknown or newly discovered species	操作技术要求高。猎物 DNA 在天敌体内会随着时间发生降解，影响检测结果。实验所需的试剂、仪器设备等成本较高 The operation requires a high level of technical skill. Prey DNA degrades over time within the predator’s body, which may affect detection results. The reagents and equipment required for the experiments are relatively costly
单克隆抗体技术 Monoclonal antibody technology	高特异性和均质性。准确识别特定害虫，灵敏度高，成本低，操作简便，可大批量检测样品，有效解决将定性捕食数据转化为定量数据的难题 High specificity and homogeneity. It can accurately identify specific pests with high sensitivity, low cost, and simple operation, allowing for high-throughput sample detection. It effectively addresses the challenge of converting qualitative predation data into quantitative data	单克隆抗体受温度、酸碱度等多种因素影响，抗体稳定性差。只能针对特定已知的害虫进行检测。难以准确判断天敌捕食时间、捕食量与体内害虫消化程度等具体情况 Monoclonal antibodies are affected by various factors such as temperature and pH, resulting in poor stability. They can only be used to detect specific known pest species. It is difficult to accurately determine details such as the timing and quantity of predation, as well as the degree of pest digestion within the predato
微量元素铷标记技术 Trace element rubidium labeling technology	可以直接标记害虫或其所处环境，能直观地反映天敌与害虫之间的关系。标记后检测操作简单、稳定性好、准确度高 It can directly label pests or their environment, providing an intuitive representation of the relationship between natural enemies and pests. Post-labeling detection is simple to perform, with good stability and high accuracy	铷元素标记主要适用于一些能够接触到标记物的害虫及相应天敌，标记范围有限。环境中的水分、酸碱度等多种因素会影响铷元素的分布和检测。检测仪器价格昂贵，且需要专业技术人员操作，研究成本高 Rubidium (Rb) labeling is mainly applicable to pests and their corresponding natural enemies that can come into contact with the marker, thus limiting its scope. Environmental factors such as moisture and pH can influence the distribution and detection of rubidium. The detection instruments are expensive and require professional technicians to operate, leading to high research costs

未来，随着现代生物技术的进步与数据分析方法的改进，有望在一定程度上缓解这些技术瓶颈。基于农田景观食物网结构与天敌功能的定量解析，通过整合生态景观设计、作物布局、功能植物配置、推拉技术、生态自杀技术及健康作物环境管理等手段，构建出一个“经济、简便、有效”的生态技术体系，是未来发展的方向。尽管如此，要全面理解食物网中天敌对害虫作用及其动态过程，仍需结合传统生态学方法和理论模型，从多维度进行深入研究。

参考文献 (References)

Adilbayeva K, Moisseyev R, Kolchenko M, Kenzhebekova R, Khassanov V, Beisembina B, Azhimakhan M, Tokbergenova Z, Sharipova D, Krasavin V, Pozharskiy A, Gritsenko D, 2024. Genetic evaluation of kazakhstani potato germplasm for pathogen and pest resistance using DNA markers. *Agronomy*, 14(9): 1923.

Aebi A, Brown PMJ, De Clercq P, Hautier L, Howe A, Ingels B, Ravn HP, Sloggett JJ, Zindel R, Thomas A, 2011. Detecting arthropod intraguild predation in the field. *BioControl*, 56(4): 429–440.

Antil S, Abraham JS, Sripoorna S, Maurya S, Dagar J, Makhija S, Bhagat P, Gupta R, Sood U, Lal R, Toteja R, 2023. DNA barcoding, an effective tool for species identification: A review. *Molecular Biology Reports*, 50(1): 761–775.

Athey KJ, Dreyer J, Kowles KA, Penn HJ, Sitvarin MI, Harwood JD, 2016. Spring Forward: Molecular detection of early season predation in agroecosystems. *Food Webs*, 9: 25–31.

Ball SL, Hebert PDN, Burian SK, Webb JM, 2005. Biological identifications of mayflies (Ephemeroptera) using DNA barcodes. *Journal of the North American Benthological Society*, 24(3): 508–524.

Bian WB, Liu X, Geng J, 2016. Research progress on pests controlling mechanism by natural enemies and its evaluation methods. *Chinese Journal of Plant Protection*, 36(12): 17–23, 57. [边文波, 刘晓, 耿军, 2016. 天敌昆虫控害作用机制和评价方法研究进展. 中国植保导刊, 36(12): 17–23, 57.]

Bo H, Zhao C, Li CS, Pang ZJ, Han JB, Zhu ZJ, Wang JT, Lü DZ, Xuan LF, Niu SK, 2024. Application and prospects of molecular marker technology in analyzing the genetic diversity of kiwifruit. *China Fruits*, 2024(11): 6–12. [柏昊, 赵超, 李超硕, 庞昭进, 韩景豹, 朱哲江, 王景涛, 吕德智, 宣立锋, 牛帅科, 2024. 分子标记技术在解析猕猴桃遗传多样性方面的应用及展望. 中国果树, 2024(11): 6–12.]

Cai ZP, Xiao YL, Ouyang F, Ge F, Zhang JP, 2019. Quantitative evaluation of the biological control efficiency of predatory insects based on rubidium marking method. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 56(2): 348–353. [蔡志平, 肖云丽, 欧阳芳, 戈峰, 张建萍, 2019. 定量评价天敌昆虫控害功能的铷元素标记技术. 应用昆虫学报, 56(2): 348–353.]

Chen XX, Du YJ, Huang JH, Li S, Jiang DH, Mo MH, Pang H, Sun XL, Wang Q, Wang S, Xia YX, Xu XN, Zang LS, Zhang J, Zhang LS, Zhang WQ, Yin H, 2023. Recent advances in the research and application of biological control of crop pests and diseases in China. *Plant Protection*, 49(5): 340–370. [陈学新, 杜永均, 黄健华, 李姝, 姜道宏, 莫明和, 庞虹, 孙修炼, 王琦, 王甦, 夏玉先, 徐学农, 臧连生, 张杰, 张礼生, 张文庆, 尹恒, 2023. 我国作物病虫害生物防治研究与应用最新进展. 植物保护, 49(5): 340–370.]

Chen Y, Giles KL, Payton ME, Greenstone MH, 2000. Identifying key cereal aphid predators by molecular gut analysis. *Molecular Ecology*, 9(11): 1887–1898.

Cuff JP, Drake LE, Tercel MPTG, Stockdale JE, Orozco-Ter WP, Bell JR, Vaughan IP, Müller CT, Symondson WOC, 2021. Money spider dietary choice in pre-and post-harvest cereal crops using metabarcoding. *Ecological Entomology*, 46(2): 249–261.

Da Silva JM, Willows-Munro S, 2016. A review of over a decade of DNA barcoding in South Africa: A faunal perspective. *African Zoology*, 51(1): 1–12.

Dang WW, Liu B, Chu D, Lu YH, 2023. Selection of dominant predatory natural enemies and evaluation of pest control function in cotton fields of Xinjiang. *Chinese Agricultural Sciences*, 56(17): 3347–3357. [党雯雯, 刘冰, 褚栋, 陆宴辉, 2023. 新疆棉田蓟马的捕食性天敌优势种类筛选与控害功能评价. 中国农业科学, 56(17): 3347–3357.]

Desneux N, Decourtye A, Delpuech JM, 2007. The sublethal effects of pesticides on beneficial arthropods. *Annual Review of Entomology*, 52: 81–106.

Fan JA, Gu HF, Chen SJ, Mo BH, Wen YQ, He WX, Liu W, Zeng XM, 2009. Species identification of 36 kinds of fruit flies based on minimalist-barcode. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 15(2): 215–219. [范京安, 顾海丰, 陈世界, 莫帮辉, 温演庆, 何万兴, 刘伟, 曾晓茂, 2009. DNA 条形码识别Ⅵ: 基于微型 DNA 条形码的果实蝇物种鉴定. 应用与环境生物学报, 15(2): 215–219.]

Ferri G, Alù M, Corradini B, Licata M, Beduschi G, 2009. Species identification through DNA “barcodes”. *Genetic Testing and Molecular Biomarkers*, 13(3): 421–426.

Foltan P, Sheppard S, Konvicka M, Symondson WOC, 2005. The significance of facultative scavenging in generalist predator nutrition: Detecting decayed prey in the guts of predators using PCR. *Molecular Ecology*, 14(13): 4147–4158.

Frézal L, Leblois R, 2008. Four years of DNA barcoding: Current advances and prospects. *Infection, Genetics and Evolution*, 8(5): 727–736.

Galinskaya TV, Arapova MY, Oyun NY, Kamayev IO, 2020.

Applicability of mitochondrial genes COⅠ, COⅡ and nuclear gene 18s rDNA for diagnostics of the eastern fruit fly *Bactrocera dorsalis* (Hendel, 1912) (Diptera, Tephritidae). *Entomological Review*, 100: 213–219.

García-Robledo E, Corzo A, Papaspyrou S, Morris EP, 2012. Photosynthetic activity and community shifts of microphytobenthos covered by green macroalgae. *Environmental Microbiology Reports*, 4(3): 316–325.

Ge F, 2020. On pest ecological control strategies and techniques. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 57(1): 10–19. [戈峰, 2020. 论害虫生态调控策略与技术. 应用昆虫学报, 57(1): 10–19.]

Gomez-Polo P, Alomar O, Castañé C, Lundgren JG, Piñol J, Agustí N, 2015. Molecular assessment of predation by hoverflies (Diptera: Syrphidae) in Mediterranean lettuce crops. *Pest Management Science*, 71(9): 1219–1227.

Gray C, Figueroa DH, Hudson LN, Ma A, Perkins D, Woodward G, 2015. Joining the dots: An automated method for constructing food webs from compendia of published interactions. *Food Webs*, 5: 11–20.

Greenstone MH, Payton ME, Weber DC, Simmons AM, 2014. The detectability half-life in arthropod predator-prey research: What it is, why we need it, how to measure it, and how to use it. *Molecular Ecology*, 23(15): 3799–3813.

Gurr GM, Wratten SD, Landis DA, You MS, 2017. Habitat management to suppress pest populations: Progress and prospects. *Annual Review of Entomology*, 62: 91–109.

Hajibabaei M, Janzen DH, Burns JM, Hallwachs W, Hebert PDN, 2006. DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(4): 968–971.

Hajibabaei M, Singer GAC, Hebert PDN, Hickey DA, 2007. DNA barcoding: How it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics*, 23(4): 167–172.

Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, DeWard JR, 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B*: *Biological Sciences*, 270(1512): 313–321.

Hogg ID, Hebert PDN, 2004. Biological identification of springtails (Hexapoda: Collembola) from the Canadian Arctic, using mitochondrial DNA barcodes. *Canadian Journal of Zoology*, 82(5): 749–754.

Ju Q, Ouyang F, Gu SM, Qiao F, Yang QF, Qu MJ, Ge F, 2019. Strip intercropping peanut with maize for peanut aphid biological control and yield enhancement. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 286: 106682.

Ju Q, Ouyang F, Qiao F, Ge F, 2020. The method of quantitatively evaluating predator feeding activity using gut content analysis. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 57(1): 218–225. [鞠倩, 欧阳芳, 乔飞, 戈峰, 2020. 应用肠道内含物定量评价天敌捕食作用的方法. 应用昆虫学报, 57(1): 218–225.]

Kamenova S, Leroux C, Polin SE, Plantegenest M, 2018. Community-wide stable isotope analysis reveals two distinct trophic groups in a service-providing carabid community. *Bulletin of Entomological Research*, 108(1): 130–139.

Kress WJ, García-Robledo C, Uriarte M, Erickson DL, 2015. DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 30(1): 25–35.

Krishna Krishnamurthy P, Francis RA, 2012. A critical review on the utility of DNA barcoding in biodiversity conservation. *Biodiversity and Conservation*, 21(8): 1901–1919.

Lakshmi V, Kumar A, Sangam S, Akhtar S, Chattopadhyay T, 2024. Multiplex PCR for early generation identification of tomato segregants carrying ty-2, ty-3 and ph-3 resistance alleles against leaf curl and late blight diseases. *Molecular Biotechnology*, 67: 2576–2586.

Liu B, Lu YH, 2022. Food web structure of arthropods in farmlands and the predatory pest control function of natural enemies. *Journal of Plant Protection*, 49(1): 97–109. [刘冰, 陆宴辉, 2022. 农田节肢动物食物网结构与天敌控害功能. 植物保护学报, 49(1): 97–109.]

Marshall E, 2005. Will DNA bar codes breathe life into classification? *American Association for the Advancement of Science*, 307(5712): 1037.

Maureaud A, Andersen KH, Zhang L, Lindegren M, 2020. Trait-based food web model reveals the underlying mechanisms of biodiversity-ecosystem functioning relationships. *Journal of Animal Ecology*, 89(6): 1497–1510.

Ouyang F, Yang B, Cao J, Feng YQ, Ge F, 2014. Tracing prey origins, proportions and feeding periods for predatory beetles from agricultural systems using carbon and nitrogen stable isotope analyses. *Biological Control*, 71: 23–29.

Pandey N, Rajagopal R, 2016. Molecular characterization and diversity analysis of bacterial communities associated with *Dialeurolonga malleswaramensis* (Hemiptera: Aleyrodidae) adults using 16S rDNA amplicon pyrosequencing and FISH. *Insect Science*, 23(5): 704–711.

Parolin P, Bresch C, Desneux N, Brun R, Bout A, Boll R, Poncet C, 2012. Secondary plants used in biological control: A review. *International Journal of Pest Management*, 58(2): 91–100.

Rondoni G, Ielo F, Ricci C, Conti E, 2014. Intraguild predation responses in two aphidophagous coccinellids identify differences among juvenile stages and aphid densities. *Insects*, 5(4): 974–983.

Ruiz M, Vo AD, Becker JO, Roose ML, 2023. Real-time PCR to phenotype resistance to the *Citrus* nematode *Tylenchulus semipenetrans* Cobb. *Plants*, 12(13): 2543.

Shakeel M, Rodriguez A, Tahir UB, Jin FL, 2018. Gene expression studies of reference genes for quantitative real-time PCR an overview in insects. *Biotechnology Letters*, 40(2): 227–236.

Slatko BE, Gardner AF, Ausubel FM, 2018. Overview of next-generation sequencing technologies. *Current Protocols in*

Molecular Biology, 122(1): e59.

Song XY, Cong B, Qian HT, Dong H, 2008. Identification of the key predators of *Aphis glycines* Matsumura (Homoptera: Aphididae) using COI gene markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 41(9): 2881–2888. [宋新元, 丛斌, 钱海涛, 董辉, 2008. 大豆蚜捕食性天敌捕食行为的 COI 基因标记检测. 中国农业科学, 41(9): 2881–2888.]

Stouffer DB, Sales-Pardo M, Sirer MI, Bascompte J, 2012. Evolutionary conservation of species' roles in food webs. *Science*, 335(6075): 1489–1492.

Wang GH, Wang XQ, Qiao F, Zhu ZR, Cheng JA, 2013. Development and preliminary application of a triplex real-time polymerase chain reaction assay for evaluating predation on three planthoppers in a rice ecosystem. *Molecular Ecology Resources*, 13(5): 811–819.

Wang Q, Yang F, Lu YH, Yang Y, 2013. COI gene detection technology for five species of aphid pests. "Innovation-driven and modern plant protection" — Proceedings of the 11th national Members' Congress and 2013 Academic Annual Meeting of the Chinese Society of Plant Protection. State Key Laboratory of Plant Pest and Disease Biology; Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences; College of Horticulture and Plant Protection, Yangzhou University. Qingdao: 461. [王倩, 杨帆, 陆宴辉, 杨益, 2013. 五种蚜虫类害虫的 COI 基因检测技术. "创新驱动与现代植保"——中国植物保护学会第十一次全国会员代表大会暨 2013 年学术年会论文集. 植物病虫害生物学国家重点实验室; 中国农业科学院植物保护研究所; 扬州大学园艺与植物保护学院. 青岛: 461.]

Wang Q, Bao WF, Yang F, Xu B, Yang YZ, 2017. The specific host plant DNA detection suggests a potential migration of *Apolygus lucorum* from cotton to mungbean fields. *PLoS ONE*, 12(6): e0177789.

Wang Q, Bao WF, Yang F, Yang YZ, Lu YH, 2018. A PCR-based analysis of plant DNA reveals the feeding preferences of *Apolygus lucorum* (Heteroptera: Miridae). *Arthropod-Plant Interactions*, 12(4): 567–574.

Wang YS, Yao FL, Soares MA, Basiri SE, Amiens-Desneux E, Campos MR, Lavoir AV, Desneux N, 2020. Effects of four non-crop plants on life history traits of the lady beetle *Harmonia axyridis*. *Entomologia Generalis*, 40(3): 243–252.

Wei MF, Zhang ZW, 2019. Research progress of DNA barcoding in insect taxonomy. *Journal of Agronomy*, 9(4): 79–83. [魏明峰, 张振旺, 2019. DNA 条形码技术在昆虫分类学中的研究进展. 农学学报, 9(4): 79–83.]

Wei XP, Qu MJ, Chen Y, Ju Q, Li W, 2024. Control of the peanut aphid (*Aphis craccivora*) by *Orius sauteri* in peanut-maize strip intercropped fields. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 61(1): 120–128. [韦夕平, 曲明静, 陈瑶, 鞠倩, 李伟, 2024. 花生-玉米间作田东亚小花蝽对花生蚜的控制作用. 应用昆虫学报, 61(1): 120–128.]

Wheeler AGJ, Stoops CA, 2003. Using monoclonal antibodies to detect predation by coccinellid beetles (Coleoptera: Coccinellidae) on the corn leaf aphid (*Rhopalosiphum maidis*). *Annals of the Entomological Society of America*, 96(4), 471–475.

Wirta HK, Vesterinen EJ, Hambäck PA, Weingartner E, Rasmussen C, Reneerkens J, Schmidt NM, Gilg O, Roslin T, 2015. Exposing the structure of an Arctic food web. *Ecology and Evolution*, 5(17): 3842–3856.

Xiao D, Xu QX, Chen X, Du XY, Desneux N, Thomine E, Dai HJ, Harwood JD, Wang S, 2021. Development of a molecular gut-content identification system to identify aphids preyed upon by the natural enemy *Coccinella septempunctata*. *Entomologia Generalis*, 41(6): 591–599.

Xue ZX, Cai ZP, Zhang ZJ, Peng TX, Huang ZW, Huang EZ, Wang PL, Lu YH, 2023. Transfer of *Hippodamia variegate* between licorice and cotton fields based on rubidium marker technology. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 60(7): 1741–1747. [薛正轩, 蔡志平, 张智健, 彭天祥, 黄志伟, 黄恩泽, 王佩玲, 陆宴辉, 2023. 基于铷元素标记技术分析多异瓢虫在甘草带与棉田间的迁移范围. 新疆农业科学, 60(7): 1741–1747.]

Yang QQ, Zhao S, Kucerová Z, Stejskal V, Opit G, Qin M, Cao Y, Li FJ, Li ZH, 2013. Validation of the 16S rDNA and COI DNA barcoding technique for rapid molecular identification of stored product psocids (Insecta: Psocodea: Liposcelididae). *Journal of Economic Entomology*, 106(1): 419–425.

Zhang KN, Yang QF, Ouyang F, Qiao F, Ge F, 2021. The use of DNA barcoding in the establishment of predator-prey food webs. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 58(1): 233–241. [张珂宁, 杨泉峰, 欧阳芳, 乔飞, 戈峰, 2021. 应用 DNA 条形码构建天敌-猎物食物网的方法. 应用昆虫学报, 58(1): 233–241.]

Zhang XR, Ouyang F, Su JW, Li Z, Yuan YY, Sun YC, Sarkar SC, Xiao YL, Ge F, 2022. Intercropping flowering plants facilitate conservation, movement and biocontrol performance of predators in insecticide-free apple orchard. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 340: 108157.

Zhang Y, Guo XH, Liu GC, Zhang Z, 2011. Application of DNA barcoding in molecular systematics of Coleopteran insects. *Journal of Applied Entomology*, 48(2): 410–416. [张媛, 郭晓华, 刘广纯, 张卓, 2011. DNA 条形码在鞘翅目昆虫分子系统学研究中的应用. 应用昆虫学报, 48(2): 410–416.]

Zhou QS, Zhang TX, Yu F, Luo AR, Niu ZQ, Zhu CD, Zhang YZ, 2013. Application analysis of DNA barcoding in Hymenopteran insects. *Journal of Applied Entomology*, 50(1): 19–28. [周青松, 张同心, 于芳, 罗阿蓉, 牛泽清, 朱朝东, 张彦周, 2013. DNA 条形码在膜翅目昆虫中的应用分析. 应用昆虫学报, 50(1): 19–28.]