

基于 DNA 宏条形码与灯诱的 金龟甲食性分析*

巩中军^{1**} 张晶¹ 徐永伟² 李克斌³ 蒋月丽¹ 段云¹
李彤¹ 李慧玲¹ 武予清¹ 苗进^{1***}

(1. 河南省农业科学院植物保护研究所, 河南省农业有害生物监测与防控重点实验室, 农业农村部华北南部有害生物综合治理重点实验室, 郑州 450002; 2. 河南省植物保护检疫站, 郑州, 450002; 3. 中国农业科学院植物保护研究所, 植物病虫害综合治理全国重点实验室, 北京 100193)

摘要 【目的】为明确暗黑鳃金龟 *Holotrichia parallela* 与铜绿丽金龟 *Anomala corpulenta* 的取食植物组成及食物多样性, 本研究基于 DNA 宏条形码结合灯诱法分析其食性偏好, 为该类害虫绿色防控提供科学依据。【方法】采用人工诱捕活体金龟与虫情测报灯红外诱杀金龟两种方式, 分别获取暗黑鳃金龟与铜绿丽金龟的活体及死亡虫体。通过解剖获得其肠道鲜样与干样, 提取 DNA 后, 利用叶绿体 *trnL* 基因片段进行 PCR 扩增与高通量测序, 基于 NCBI 数据库对扩增序列进行分类鉴定, 并计算 Alpha、Beta 多样性指数以评估取食植物的多样性与组成差异。【结果】暗黑鳃金龟肠道内容物中, 植物种类以中国樱桃 *Prunus pseudocerasus*、灯台树 *Bothrocaryum controversum* 和垂柳 *Salix babylonica* 为主, 其中中国樱桃的相对丰度高达 68.56%, 占主导地位。铜绿丽金龟的取食范围更为广泛, 主要植物包括中国樱桃 (24.62%)、河南海棠 *Malus honanensis* (19.02%)、垂柳 (14.61%) 和刺槐 *Robinia pseudoacacia* (10.70%), 呈现广食性特征。通过比较两种取样方式 (活体鲜样与灯诱干样) 的 Alpha、Beta 多样性指数发现, 两者在反映取食植物种类丰度及均匀性方面无显著差异 ($P > 0.05$), 均能准确反映目标昆虫的取食偏好与多样性特征。【结论】基于植物 DNA 条形码与高通量测序技术可实现对植食性昆虫取食植物的快速、高效鉴定。利用虫情测报灯诱杀害虫获取的肠道干样, 其分析结果能够较好反映昆虫的自然取食组成, 为今后开展基于食物网的害虫生态调控及绿色防控策略的制定提供了可靠的技术支持与数据基础。

关键词 金龟子; 食性; DNA 宏条形码; 虫情测报灯; 昆虫肠道

Using DNA metabarcoding and light-trap samples to investigate the diet of two scarab beetles

GONG Zhong-Jun^{1**} ZHANG Jing¹ XU Yong-Wei² LI Ke-Bin³ JIANG Yue-Li¹
DUAN Yun¹ LI Tong¹ LI Hui-Ling¹ WU Yu-Qing¹ MIAO Jin^{1***}

(1. Key Laboratory of Integrated Crop Pests Management on Crops in Southern Region of North China, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Henan Key Laboratory of Agricultural Pest Monitoring and Control, Institute of Plant Protection, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China; 2. Plant Protection and Quarantine Station of Henan, Zhengzhou 450002, China; 3. State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China)

Abstract [Aim] To quickly identify the host plant composition and dietary diversity of two phytophagous scarab beetles, *Holotrichia parallela* and *Anomala corpulenta*. Using DNA metabarcoding and light trapping, the feeding

*资助项目 Supported projects: 河南省科技研发计划联合基金 (242301420138, 232301420114); 财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系建设专项 (CARS-03); 河南省农业科学院科技创新团队专项 (2024TD18)

**第一作者 First author, E-mail: gongzj_2@hotmail.com

***通讯作者 Corresponding author, E-mail: miaojin1977@163.com

收稿日期 Received: 2026-01-08; 接受日期 Accepted: 2026-03-19

preferences of these beetles were analyzed to provide a scientific basis for the environmentally-friendly control of these pests. **[Methods]** Samples were collected using two methods, manual trapping of live beetles and automated collection via lethal infrared monitoring lamps. Guts of both live trapped and lamp-killed beetles were dissected, and total DNA was extracted from the gut contents. The *trnL* gene was amplified by PCR and sequenced on a high-throughput platform. The resulting sequences were compared against the NCBI database for taxonomic assignment. Both Alpha and Beta diversity were calculated and used to compare the diversity and composition of the plants consumed by each species. **[Results]** Analysis of *H. parallela* gut contents revealed a diet dominated by a few plant species, primarily *Prunus pseudocerasus*, *Bothrocaryum controversum* and *Salix babylonica*. Of these, *P. pseudocerasus* was the most prevalent, with a relative abundance of 68.56%. In contrast, *A. corpulenta* had a more generalist diet, which included *P. pseudocerasus* (24.62%), *Malus honanensis* (19.02%), *S. babylonica* (14.61%) and *Robinia pseudoacacia* (10.70%). The Alpha and Beta diversity indices obtained using both two sampling methods (fresh samples from live-caught specimens and dry samples from light-trap killed specimens) were compared, and no significant differences ($P > 0.05$) were found. Both types of sample accurately reflected the abundance, and evenness, of ingested plant species, as well as the feeding preferences and dietary diversity of each species. **[Conclusion]** The integration of plant DNA barcoding and high-throughput sequencing effectively enables rapid and efficient identification of the plants consumed by phytophagous insects. Gut samples obtained from pest monitoring lamps can reliably reveal the natural dietary composition of the target species. These results support the development of food-web based ecological regulation, and the development of environmentally-friendly pest control strategies.

Key words scarab beetles; insect diet; DNA metabarcoding; insect monitoring lamp; insect gut

金龟子是鞘翅目 Coleoptera 金龟总科 Scarabaeoidea 昆虫的总称, 幼虫统称蛴螬。金龟子种类繁多、分布广泛、食性复杂、生活隐蔽且适应性强 (Ritcher, 1958), 是一类国内外公认难以防治的土栖性害虫。金龟子成虫危害植物地上部分 (叶片、花蕊、幼果), 幼虫危害地下部分 (种子、块根), 对农业生产造成严重损失 (李素娟等, 2003)。据统计, 金龟子种类多达 3 万余种, 我国已记录的种类约有 1 800 种 (张芝利, 1984; 胡琼波, 2004; 张美翠等, 2014)。金龟子以植食性类群危害最重, 其中鳃金龟科 Melolonthidae 和丽金龟科 Rutelidae 对农林业生产威胁最大 (张美翠等, 2014)。

食物是连接动物与环境的核心纽带。在生态系统中, 物种通过直接或间接的摄食与被摄食关系相互交织, 形成复杂的食物链和食物网。这种物种间的复杂相互作用不仅有助于生态系统功能的正常发挥, 还能维持自然生态系统的稳定状态 (严丽君等, 2023)。准确鉴定植食性金龟的取食植物种类, 并深入解析其与植物间的营养关系, 对于有效防控金龟类害虫具有至关重要的意义。植物是植食性昆虫赖以生存的物质基础, 为其生长发育提供全部营养来源 (Schoonhoven

et al., 2005, Chapman, 2013)。因此, 寄主植物的种类和质量直接影响到金龟的生长发育与种群繁衍。研究表明, 不同寄主植物对暗黑鳃金龟 *Holotrichia parallela* 成虫的存活率及繁殖力存在显著影响 (刘顺通等, 2015), 表明寄主选择在种群动态调控中起着关键作用。

植物在与昆虫长期协同进化过程中形成了复杂的防御机制, 尤其是通过合成多种次生代谢产物影响植食性昆虫的取食选择 (王慧等, 2023)。这些化学信号在调控昆虫行为、抑制取食或降低营养利用效率方面发挥着重要作用, 进而影响害虫的种群结构与生态分布。基于植食性昆虫与寄主植物间的密切关系, 合理利用诱集植物已成为害虫生态调控重要策略之一。在主栽作物受害严重时, 通过在田间或周边种植诱集植物, 可有效转移或集中诱杀害虫, 降低对主要作物的危害 (陆宴辉等, 2008)。

动物食性分析作为动物生态学研究的重要研究手段, 旨在揭示物种的生存状态、栖息地选择及其生态功能机制 (严丽君等, 2023)。传统上, 动物食性分析主要依赖于人工捕捉和直接观察的方法, 这种方法不仅耗时费力, 而且仅限于对少量个体取食情况的定性研究 (Gordon,

1994)。随着研究技术的不断发展, 食性分析已从传统的形态学观察逐步过渡到以 DNA 条形码技术为核心的分子鉴定阶段(颜亨梅和钟文涛, 2021)。DNA 条形码具有物种水平的分类分辨率, 可以更准确地描述捕食者或者取食者多样性(Jeanniard-du-Dot *et al.*, 2017; Granquist *et al.*, 2018)。

DNA 条形码(DNA barcode)是生物基因组中普遍存在的、较短的、标准化的 DNA 序列。既有稳定的种内保守性, 又包含足够的种间遗传变异, 常用于物种的分子鉴定(Hebert *et al.*, 2003b)。该方法不受物种发育阶段、性别及个体完整性的限制, 尤其适用于大量样本的快速鉴定(Hebert *et al.*, 2003a, 2003b)。结合高通量测序技术的 DNA 宏条形码(Metabarcoding)(Taberlet *et al.*, 2012)可同时解析多种食物成分, 被广泛应用于脊椎动物、无脊椎动物、植食性、肉食性及杂食性动物的食性分析和食物网研究等(王雪芹等, 2017; 张珂宁等, 2021; 杨帆等, 2022; 严丽君等, 2023; 王小洲等, 2025)。如蝗虫 *Locusta migratoria* (McClenaghan *et al.*, 2015)、黑家鼠 *Rattus rattus* 与亚洲家鼠 *Mus musculus castaneus*、臭鼩 *Suncus murinus* 的食性研究、海豹 *Phoca vitulina* 及多种肉食动物的食性分析(Thomas *et al.*, 2014; Khanam *et al.*, 2016; Shao *et al.*, 2021), 极大地提升研究效率和范围(刘刚等, 2018)。

在植食性昆虫研究领域, DNA 条形码技术为寄主植物种类鉴定及昆虫植物营养关系解析提供了新的技术方向。目前, 叶绿体基因片段 *matK*、*trnH-psbA*、*rbcL* 以及核糖体 DNA 内转录间隔区(Internal transcribed spacer, ITS)被广泛视为适用于陆地植物的理想 DNA 条形码标记(张彬, 2012; 王慧等, 2023)。近年来, DNA 宏条形码技术的发展为金龟子食性分析提供了高效、精准的新方法, 也为金龟类害虫寄主植物鉴定填补了研究空白。金龟子对紫外光趋性强, 虫情测报灯诱捕效率高。现有研究多聚焦于害虫监测与防治靶标挖掘(巩中军等, 2024), 而取食偏好等生物学特性研究相对薄弱。

本研究以铜绿丽金龟 *Anomala corpulenta* 和暗黑鳃金龟为目标对象, 分别采用人工诱捕与虫情测报灯诱捕两种方式获取样本; 其中, 灯诱样本在采集后同步通过虫情测报灯的红外技术灭活, 以最大限度保留其肠道内容物完整性。随后, 提取金龟子肠道内容物中的总 DNA, 针对植物通用条形码区域 *trnL* 设计特异性引物进行 PCR 扩增, 并对扩增产物进行高通量测序。所得序列经质量控制后, 与已知植物 DNA 条形码数据库比对, 以鉴定其取食的植物种类, 进而揭示目标金龟子的食谱结构与取食偏好。

本研究通过精准识别植食性金龟子所摄食的植物种类, 不仅有助于阐明其在生态系统中的营养角色与功能地位, 也为深入理解植食性昆虫与寄主植物间的协同进化关系提供实证支持。同时, 在确保生物多样性得到有效保护的基础上, 通过种植诱集植物实现金龟类害虫的集中诱杀, 可为构建该类害虫的绿色防控技术体系提供重要科学支撑。

1 材料与方 法

1.1 样品采集

本研究以铜绿丽金龟和暗黑鳃金龟为研究对象, 样本均于 2023 年 7-8 月夜间采集自河南省农业科学现代农业科技试验示范基地(35°00'N, 113°41'E)。采样采用两种方式: 一是通过黑光灯诱集后人工捕捉, 获得新鲜样本(鲜样); 二是利用虫情测报灯(JBD2 型, 河南佳多科工贸有限公司)诱集, 并在诱捕后立即通过红外技术灭活, 获得干燥样本(干样)。肠道样品的处理分为两类: 一、鲜样处理: 人工捕获的金龟子经去除翅与足后, 用昆虫针固定于盛有 1×PBS 缓冲液的蜡盘中, 在液相环境下解剖分离完整肠道, 转移至 1.5 mL 无菌离心管中; 二、干样处理: 红外灭活后的个体直接固定于干燥蜡盘上, 解剖分离肠道并收集至 1.5 mL 离心管。为防止交叉污染, 每次解剖单个个体后, 所用器械均经 75%酒精充分浸泡消毒, 且每个蜡盘仅用于一个样本的解剖操作。所有分离得到的肠道样品均于

-70 °C超低温冰箱中保存,直至后续 DNA 提取与测序分析。最终共获得有效肠道样本 28 份,其中铜绿丽金龟与暗黑鳃金龟各 14 份,包括鲜样各 6 份、干样各 8 份,用于后续分子实验。

1.2 肠道内容物 DNA 提取

金龟子肠道内容物 DNA 提取方法采用硅胶柱纯化法,具体内容按照 HiPure Universal DNA Kit (Magen) 说明书的操作步骤进行。采用 Nanodrop 2000 (Thermo Scientific) 对提取 DNA 的质量和浓度进行测量,并将各 DNA 样品保存在 -20 °C 冰箱备用。

1.3 利用植物 DNA 条形码 *trnL* 序列对肠道内容物进行 PCR 扩增及测序

植物 DNA 条形码 *trnL* 序列的扩增引物为:*trnL-g* (5'-GGGCAATCCTGAGCCAA-3'); *trnL-h* (5'-CCATTGAGTCTCTGCACCTATC-3')。PCR 反应采用 DNA Polymerase 20 μL 反应体系,其中,5× Buffer 4 μL、2.5 mol/L dNTPs 2 μL、上下游引物 (5 μmol/L) 各 0.8 μL、Pfu Polymerase 0.4 μL、模板 DNA 10 ng、ddH₂O 补足至 20 μL。反应条件:95 °C 预变性 5 min; 95 °C 变性 30 s; 58 °C 退火 30 s; 72 °C 延伸 45 s,共 35 个循环; 72 °C 再延伸 10 min。PCR 扩增产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,检测合格的样品使用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒 (AXYGEN 公司) 切胶回收并进行测序比对。

1.4 测序结果 OTU 聚类及数据库比对鉴定

在本研究中,样品测序工作采用了 PE250 测序策略。具体流程如下:首先,依据条形码信息,从原始数据中筛选出各样品对应的有效序列;随后,对测序得到的测序读段 (Reads) 进行严格的质量控制与过滤处理,以确保数据质量;紧接着,利用双端测序读段 (Paired-end, PE reads) 间的重叠区域信息,将成对的测序读段精准拼接 (Merge) 为一条完整的序列;最终,依据条形码及引物序列信息,将拼接后的序列拆分至各个样本,同时在此过程中根据正反向条形码及引物方向校正序列方向,并剔除嵌合体序

列,从而获得每个样本的高质量序列。按照 97% 相似性对非重复序列 (不含单序列) 进行操作分类单元 (Operational taxonomic unit, OTU) 聚类,在聚类过程中去除嵌合体,以获取具有代表性的 OTU 序列,并对 OTU 进行聚类。通过高通量测序得到的 OTU 序列与 NCBI 数据库的 NT 公共数据库 (<https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/>) 进行 OTU 序列比对,利用 Uclust 算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析。对 OTU 注释物种数据进行统计,在纲 (Class)、目 (Order)、科 (Family)、属 (Genus) 和种 (Species) 这几个分类水平上分析统计各样本的群落组成特征。稀释曲线分析基于 Mothur v.1.21.1 (Schloss *et al.*, 2009) 进行,用于揭示包括 Chao 指数、ACE 指数和 Shannon 多样性指数在内的多样性指标。 β 多样性分析采用 UniFrac 方法 (Lozupone *et al.*, 2011), 基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析 (PCoA) 使用“vegan”包 (Oksanen *et al.*, 2012)。

2 结果与分析

2.1 植食性金龟子肠道样品序列优化分类及注释

通过对 28 个金龟子肠道样本的高通量测序数据进行质控与优化,共获得 3 299 641 条高质量序列,总碱基数达 171 846 226 bp,平均序列长度为 52.08 bp。其中,暗黑鳃金龟的 14 个样本共获得 1 650 005 条优化序列 (84 599 769 bp),平均长度为 51.27 bp;铜绿丽金龟的 14 个样本获得 1 649 636 条优化序列 (87 246 457 bp),平均长度为 52.89 bp。

基于 Uclust 算法,在 97% 序列相似性阈值下对 OTU 代表序列进行聚类,并在纲、目、科、属和种 5 个分类层级上进行物种注释与群落组成分析。综合 28 个样本的分析结果,共鉴定出 2 个纲、19 个目、40 个科、178 个属及 275 种植物。其中,暗黑鳃金龟肠道样本中检测到 2 纲、15 目、30 科、135 属、208 种植物;铜绿丽金龟肠道样本中鉴定出 2 纲、16 目、29 科、97 属、152 种植物。上述结果表明,两种金龟子在寄主

植物利用谱上存在一定程度的重叠与分化, 为其食性偏好及生态功能解析提供了基础数据支撑。

2.2 暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟取食物植物种类及相对丰度

在属级水平上, 对植物类群进行相对丰度排序 (图 1, 图 2)。前 3 位依次为李属 *Prunus*

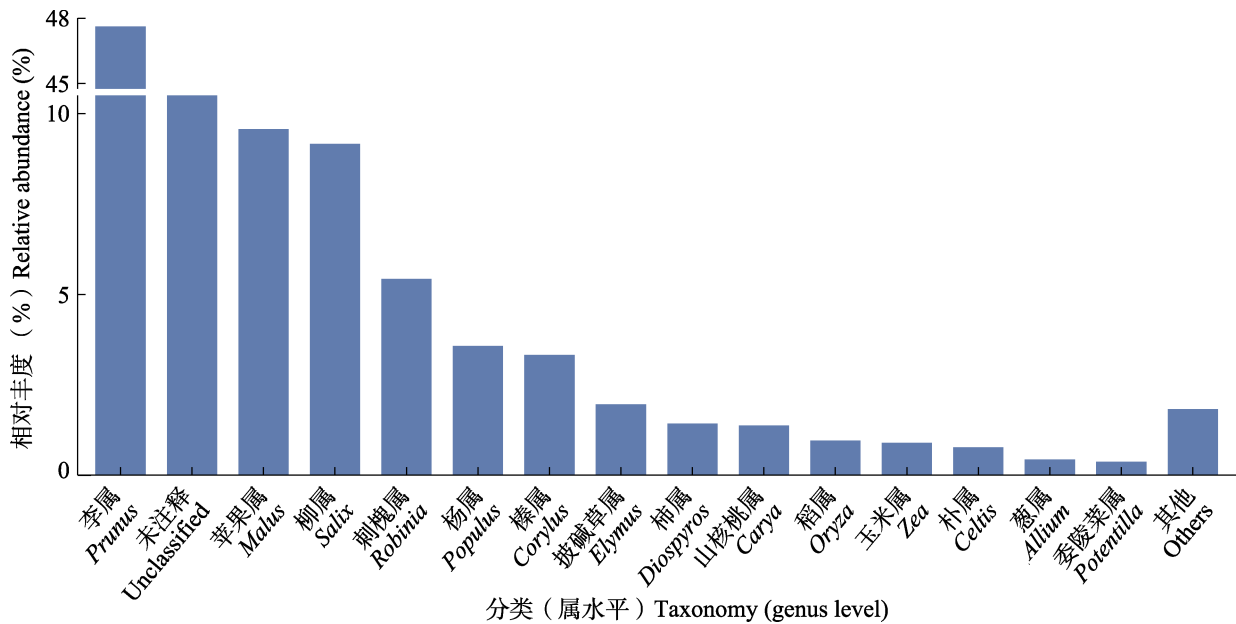


图 1 28 个金龟子肠道样本植物属级分类水平相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of plant taxa at the genus level in the gut samples of 28 beetles

暗黑鳃金龟肠道样本植物属级分类中李属、榛属、柳属以及披碱草属为占比前 4 的属, 李属以 70% 的相对丰度成为优势物种, 榛属、柳属以及披碱草属的相对丰度仅为 6.66%、3.69% 和 2.95%。铜绿丽金龟肠道样本植物属级分类中, 李属 25.23%、苹果属 19.02%、柳属 14.63% 和刺槐属 10.7% 为占比前 4 的属, 且表现出明显优势; 而杨属 7.11%、柿属 2.8% 和山核桃属 2.72% 的相对丰度则稍低, 处于次要地位 (图 2)。

在植物种级水平进行分析, 选取相对丰度前 10 的种作为分析对象 (表 1)。相对丰度较高的有中国樱桃 *Prunus pseudocerasus*、河南海棠 *Malus honanensis*、垂柳 *Salix babylonica*、刺槐 *Robinia pseudoacacia*、灰杨 *Populus×canescens* 等, 其中以中国樱桃为优势种群。暗黑鳃金龟肠道样本植物种级分类中, 相对丰度较高的有

(47.61%)、苹果属 *Malus* (9.56%) 和柳属 *Salix* (9.16%), 共同构成绝对优势组分, 其中李属以近半数占比成为绝对优势属。丰度 $\geq 1\%$ 的次优势属还包括刺槐属 *Robinia* (5.43%)、杨属 *Populus* (3.58%)、榛属 *Corylus* (3.33%)、披碱草属 *Elymus* (1.96%)、柿属 *Diospyros* (1.43%) 及山核桃属 *Carya* (1.38%)。

中国樱桃、灯台树、垂柳等。中国樱桃的相对丰度高达 68.56%, 占据绝对主导地位。铜绿丽金龟肠道样本植物种级分类中, 相对丰度较高的是中国樱桃、河南海棠、垂柳等。铜绿丽金龟则表现出明显的广食性。尽管它也喜食中国樱桃 (24.62%), 但其食谱更为多样化, 重要取食植物包括河南海棠 (19.02%)、垂柳 (14.61%)、刺槐 (10.70%)。

2.3 暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟取食植物的 Alpha 多样性分析

在物种丰富度方面, 采用 Chao 指数进行分析, 结果显示两种金龟子之间存在显著差异 ($P < 0.05$)。具体而言, 暗黑鳃金龟肠道中植物类群的丰富度明显高于铜绿丽金龟。其中, 暗黑鳃金龟干样 (Hpar_L: 1 233.17 \pm 143.60) 的 Chao 指

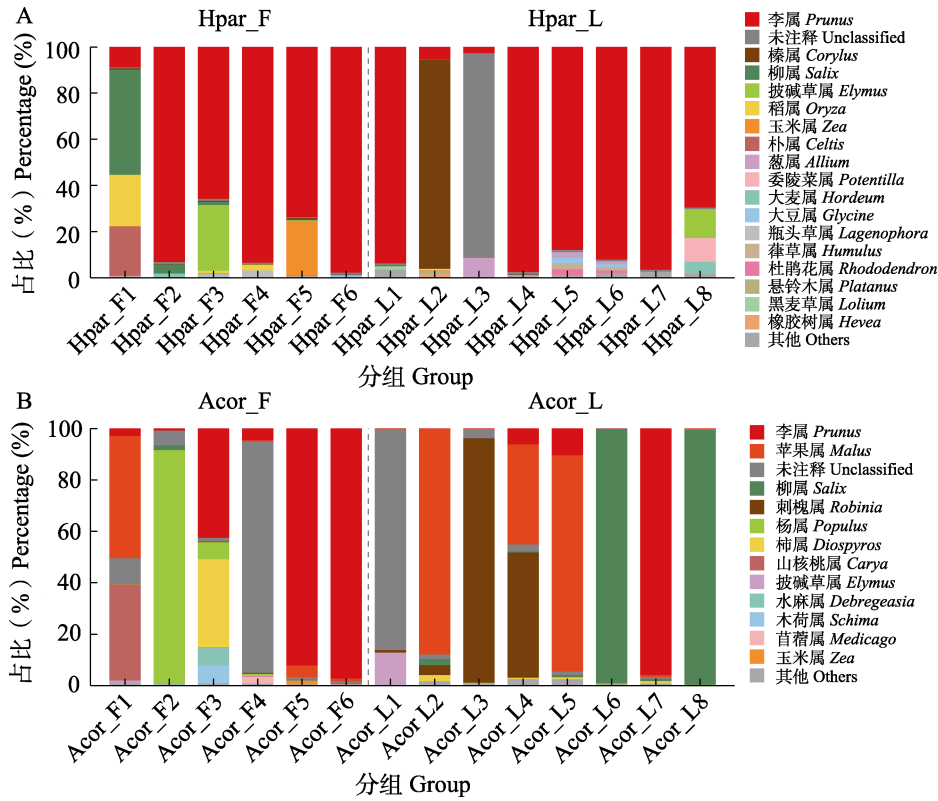


图 2 暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟肠道样品植物属级分类水平群落结构组分图

Fig. 2 Composition of plant community structure at the genus level in the gut samples of *Holotrichia parallela* and *Anomala corpulenta*

A. 暗黑鳃金龟样品群落结构组分图; B. 铜绿丽金龟样品群落结构组分图。Hpar_F1-6: 暗黑鳃金龟肠道鲜样; Hpar_L1-8: 暗黑鳃金龟肠道干样; Acor_F1-6: 铜绿丽金龟肠道鲜样; Acor_L1-8: 铜绿丽金龟肠道干样。图 4 同。

A. Community structure composition diagram *H. parallela* samples; B. Community structure composition diagram of *A. corpulenta* samples. Hpar-F1-6: Fresh intestinal samples of *H. parallela*; Hpar_L1-8: Dried intestinal samples of *H. parallela*; Acor_F1-6: Fresh intestinal samples of *A. corpulenta*; Acor_L1-8: Dried intestinal samples of *A. corpulenta*. The same for Fig. 4.

表 1 暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟取食植物种级种类及相对丰度

Table 1 Plant species-level composition and relative abundance in the diet of *Holotrichia parallela* and *Anomala corpulenta*

金龟子种类 Beetle species	属 Genus	植物种名 Plant species name	相对丰度 (%) Relative abundance (%)
暗黑鳃金龟 <i>H. parallela</i>	葱属 <i>Allium</i>	大葱 <i>Allium fistulosum</i>	0.86
	朴属 <i>Celtis</i>	朴树 <i>Celtis sinensis</i>	1.56
	灯台树属 <i>Bothrocaryum</i>	灯台树 <i>Bothrocaryum controversum</i>	6.66
	披碱草属 <i>Elymus</i>	齿鹅观草 <i>Elymus nevskii</i>	2.94
	稻属 <i>Oryza</i>	水稻 <i>Oryza sativa</i>	1.91
	委陵菜属 <i>Potentilla</i>	委陵菜 <i>Potentilla cuneifolia</i>	0.74
	李属 <i>Prunus</i>	李杂交种 <i>Prunus hybrid cultivar</i>	0.61
		中国樱桃 <i>Prunus pseudocerasus</i>	68.56
	柳属 <i>Salix</i>	垂柳 <i>Salix babylonica</i>	3.69
	玉米属 <i>Zea</i>	玉米 <i>Zea mays</i>	1.71

续表 1 (Table 1 continued)

金龟子种类 Beetle species	属 Genus	植物种名 Plant species name	相对丰度 (%) Relative abundance (%)
铜绿丽金龟 <i>A. corpulenta</i>	胡桃属 <i>Juglans</i>	胡桃 <i>Juglans regia</i>	2.71
	水麻属 <i>Debregeasia</i>	水麻 <i>Debregeasia orientalis</i>	0.50
	柿属 <i>Diospyros</i>	柿树 <i>Diospyros kaki</i>	2.77
	披碱草属 <i>Elymus</i>	齿鹅观草 <i>Elymus nevskii</i>	0.99
	苹果属 <i>Malus</i>	河南海棠 <i>Malus honanensis</i>	19.02
	杨属 <i>Populus</i>	灰杨 <i>Populus × canescens</i>	7.00
		中国樱桃 <i>Prunus pseudocerasus</i>	24.62
	刺槐属 <i>Robinia</i>	刺槐 <i>Robinia pseudoacacia</i>	10.70
	木荷属 <i>Schima</i>	女贞 <i>Ligustrum lucidum</i>	0.49
	柳属 <i>Salix</i>	垂柳 <i>Salix babylonica</i>	14.61

数值显著高于铜绿丽金龟干样 (Acor_L: 818.42±124.73)。进一步比较同一物种内鲜样与干样的差异发现,二者在丰富度上并无统计学意义上的显著区别 ($P>0.05$)。此外,ACE 指数的分析结果也表明,暗黑鳃金龟肠道中潜在植物种类(包括稀有种)数量在数值上高于铜绿丽金龟。尽管干样处理的 ACE 指数略高于鲜样,但所有处理组间均无显著差异 ($P>0.05$),表

明两种取样方式对物种丰富度的检出能力基本一致(表 2)。

Shannon 指数显示,两种金龟子取食植物种类的综合多样性无显著差异 ($P>0.05$)。Simpson 指数结果同样表明,两者在优势植物类群的集中程度上相近,说明其植物食谱的整体多样性水平相当;同时,干样处理对优势类群的相对集中程度未产生显著影响 ($P>0.05$)(表 2)。

表 2 暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟取食植物的 Alpha 多样性差异检验

Table 2 Statistical comparison of plant dietary diversity between *Holotrichia parallela* and *Anomala corpulenta*

样品类型 Sample type	Chao 指数 Chao index	ACE 指数 ACE index	Evenness 指数 Evenness index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
Acor_F	988.31±111.38 ab	1 077.05±136.82 a	0.22±0.02 a	2.05±0.23 a	0.56±0.09 a
Acor_L	818.42±124.73 b	896.25±140.84 a	0.19±0.03 a	1.76±0.25 a	0.62±0.08 a
Hpar_F	1 119.21±64.93 ab	1 191.15±88.05 a	0.20±0.03 a	1.89±0.28 a	0.57±0.08 a
Hpar_L	1 233.17±143.6 a	1 338.37±160.38 a	0.20±0.02 a	1.95±0.15 a	0.61±0.05 a

Acor_F: 铜绿丽金龟肠道鲜样; Acor_L: 铜绿丽金龟肠道干样; Hpar_F: 暗黑鳃金龟肠道鲜样; Hpar_L: 暗黑鳃金龟肠道干样。表中数值为平均值±标准误,同列数值后不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$, 单因素方差分析)。

Acor_F: The fresh gut sample of *A. corpulenta*; Acor_L: The dried gut sample of *A. corpulenta*. Hpar_F: The fresh gut sample of *H. parallela*; Hpar_L: The dried gut sample of *H. parallela*. The values in the table represent the mean ± SE. Different lowercase letters within the same column indicate significant difference ($P<0.05$, one-way ANOVA).

2.4 Shannon-Wiener 曲线和物种累积曲线分析

通过对测序数据的分析,结合 Shannon-Wiener 曲线与物种累积曲线,对样本的植物多样性水平及测序充分性进行了评估。Shannon-Wiener 曲线(图 3:A)显示,各样本的 Shannon 指数随测序读段数增加而上升,并在达到一定深度后趋于稳定。这一趋势表明,在测序初期,

增加读段数量显著提升了对物种多样性的检出能力;而当读段数达到约 20 000-30 000 条后,指数变化趋于平缓,说明当前测序深度已基本覆盖样本中主要的植物类群。同时,不同样本最终达到的 Shannon 指数值不同,反映出其取食的植物种类在多样性水平上的差异性。部分个体取食的植物种类更丰富,而另一些则相对较少。

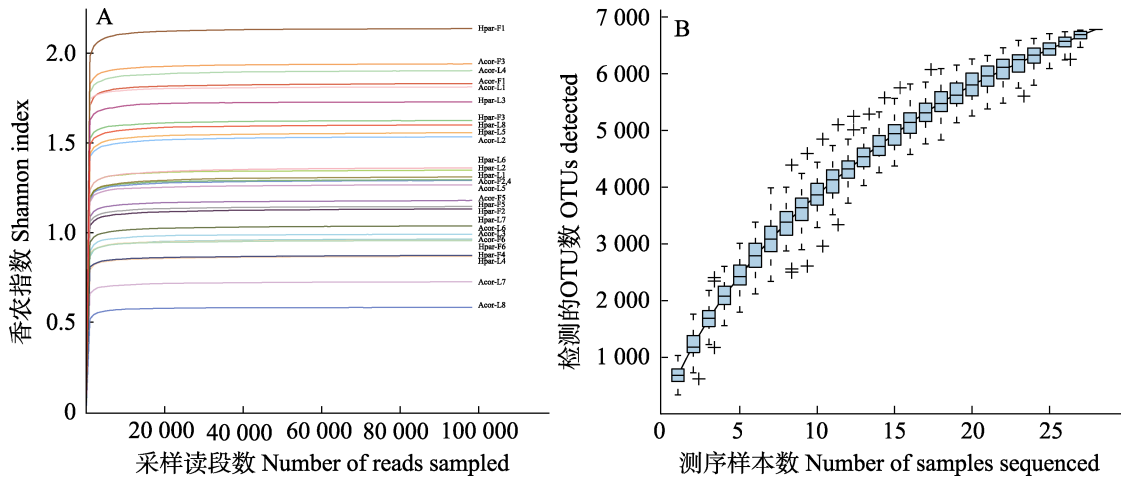


图 3 Shannon-Wiener 曲线 (A) 和物种累积曲线 (B)

Fig. 3 Shannon-Wiener index curve (A) and species accumulation curve (B)

物种累积曲线 (图 3: B) 显示, 当样本量达 28 个时曲线未至平台期, 但斜率大幅减小。这表明现有采样规模已可较好呈现金龟取食的主要植物构成。

2.5 Beta 多样性分析

基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析 (PCoA) 结果表明, 物种差异是影响两种金龟子肠道植物组织组成的主要因素。第一主坐标轴 (PC1) 解释了总变异的 79.46%, 且在该轴上, 铜绿丽金龟与暗黑鳃金龟的样本点呈现明显分离, 表明二者肠道内植物组成存在显著差异。与之相比, 鲜样与干样两种处理方式对植物组织组成的影响较小: 同一物种内, 不同处理方式的样本点在二维空间中分布重叠, 未形成独立聚类, 说明鲜样与干样处理并未引起肠道植物组成的显著变化 (图 4)。

3 讨论

植物与植食性昆虫之间存在密切联系, 植物为植食性昆虫提供食物、躲避天敌和繁衍生息的场所 (Loaiza *et al.*, 2008), 同样昆虫的取食行为对植物的防御与进化也产生重要影响 (王慧等, 2023)。在长期的进化过程中, 植食性昆虫对寄主与非寄主植物之间的识别、对不同寄主植物之间的选择形成了一系列特殊的行为机制 (陆宴辉等, 2008)。对于不同的寄主植物, 植食性

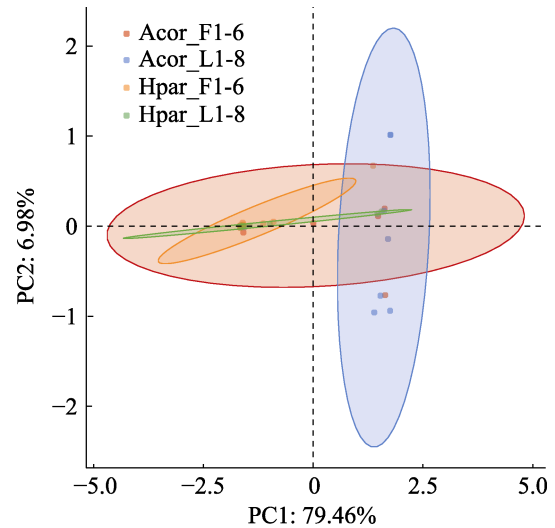


图 4 基于 Bray-Curtis 距离矩阵的不同样本间 Beta 多样性 PCoA 分析

Fig. 4 PCoA of Beta diversity among different samples based on the Bray-Curtis distance matrix

昆虫表现出的喜好程度也不尽相同 (Schoonhoven *et al.*, 2005)。由于成虫担负了栖息地选择、寻找寄主、交配繁殖的任务, 雌性成虫将卵产在寄主植物上或寄主植物附近, 对其后代的生长发育至关重要 (钦俊德和王琛柱, 2001)。因此, 了解成虫的取食特点, 通过掌握其对不同作物的寄主偏好, 可以利用其最偏好的农作物, 制作诱捕陷阱, 从而防止害虫靠近主要作物、利于害虫聚集并集中处理 (Hokkanen, 1991)。通过对不同受害区进行虫情检测, 了解各地区主要为害昆虫种群, 根据主要危害害虫的取食特点, 指导受害

地区的作物栽植,以有效避免因害虫危害带来的经济损失等,对害虫的绿色防控研究具有重要的指导意义。

通过调整昆虫栖息地的植物群落组成,可实现对植食性害虫种群的有效调控,而这一策略的成功实施,首先依赖于对其取食特点的准确认识。传统上,植食性昆虫的食性分析主要依赖两种方法:取食行为直接观察法,以及肠道内容物与粪便的显微鉴定法(王慧等,2023)。取食行为直接观察法耗时费力,适合对少量个体进行取食情况的定性研究(Gordon,1994)。显微鉴定法,需对粪便或肠道内容物的植物表皮碎片进行形态学鉴定,因此,不仅对研究者形态学专业知识要求较高,且对近缘种的鉴别率较低(Holechek *et al.*,1982;McInnis *et al.*,1983)。上述方法在鉴定精度和适用范围上的局限,制约了人们对植食性昆虫取食特征的深入理解,也为基于植物群落调控的害虫管理实践带来了挑战。

DNA 条形码技术是通过 DNA 条形码序列分析实现物种的快速准确鉴定(杨倩倩等,2018)。DNA 条形码技术初期多应用于生物分类学以及生物多样性研究(李磊等,2021),但不适用于复杂大样本的处理。随着高通量测序技术与 DNA 条形码技术的结合,即 DNA 宏条形码技术的诞生,可以快速获取复杂大样本中所有物种的混合条形码扩增序列,并通过生物信息学分析手段鉴定样本中物种组成及相对丰度(Deagle *et al.*,2009;Glenn,2011)。Valentini 等(2009)最早利用 *trnL* 条形码对蝗虫、蜗牛等植食性动物粪便样品进行分析,明确其取食范围,且对一半以上的植物鉴定到了种水平。

暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟作为危害较为严重的植食性金龟子,其取食范围广泛,成虫及幼虫均能对农作物和林业苗木等多种植物造成重大危害。暗黑鳃金龟不仅取食大豆、花生、玉米、甜菜、马铃薯等多种经济作物,还取食榆树、柳树、桑树、樱桃树、桃树、李树、山楂树等林木的地上器官(潘羽,2024)。金龟子种类繁多,分布广泛,因各地物候不同而分布各异,且各地区优势种也不尽相同。多地的调查监测表明,优

势种群为铜绿丽金龟和暗黑鳃金龟这两类(罗宗秀等,2009;张林林等,2012;陈琦等,2014;巩中军等,2024)。

本研究发现,暗黑鳃金龟与铜绿丽金龟的肠道内容物中,中国樱桃均占据主导地位,分别占相对序列丰度的 68.56%与 24.62%。这一结果表明两种金龟对中国樱桃可能存在一定的取食偏好。本研究样点周边除农田作物的玉米、花生、芝麻、大豆、水稻等作物外,周边还种植有绿化植物如海棠、樱桃、垂柳、女贞、柿树等。因此,肠道中樱桃 DNA 的高检出丰度,既可能反映金龟对该植物的内在取食偏好,也可能是由于该植物在采样区域具有较高的资源可获得性所致。事实上,动物食性常受环境中资源丰度与分布的动态影响(Bergmann *et al.*,2015;Kartzinel and Pringle,2015)。研究表明暗黑鳃金龟喜食榆树叶(刘顺通等,2015),但在本研究中仅少数个体检测到低的榆树叶成分。这可能是由于采样点附近榆树分布较少或者榆树距离其活动区较远有关。这一现象也从侧面印证了 DNA 条形码技术在食性解析中的高灵敏度,同时也提示未来研究应结合植物群落定量调查与控制性取食实验,以进一步区分“偏好”与“可获得性”对金龟取食组成的相对贡献。相同生境下两种金龟取食植物的差异,进一步反映出它们具有不同的取食策略。这与前述 PCoA 分析中物种间肠道植物组成显著分离的结果相一致,共同支持了不同物种是影响取食组成主要因素的结论。

研究利用虫情测报灯的红外技术,在高效诱捕害虫的同时通过非接触式红外杀灭方式,有效保留诱捕害虫体内尤其是肠道内含物的 DNA 完整性。这种处理方式避免了传统方法可能导致的 DNA 快速降解问题,使得从害虫及其他生物肠道中提取的植物 DNA 信息得以长时间保持其原始状态,为后续的生态分析、植物源追踪及害虫食性研究提供了更为可靠和丰富的数据基础。相比之下,虽然田间直接捕捉的活体害虫便于进行详尽的生物学观察和即时解剖,但在实际操作中,从活体害虫肠道内提取 DNA 可能面临更高的降解风险,尤其是在样本处理不当或环境温度

变化等条件下。而用于病虫害监测的虫情测报灯的广泛应用(张云慧等, 2023; 马健等, 2025), 不仅简化了害虫收集过程, 还通过其先进的红外处理技术, 为研究者提供了一种更为稳定、高效的 DNA 保存与提取途径, 显著降低了 DNA 降解的风险, 从而提升了研究结果的准确性和可靠性, 尤其适用于大样本量或跨区域采样的生态学研究。

研究采用人工诱捕(肠道鲜样)和虫情测报灯诱杀(肠道干样)两种方式, 获取分析用暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟肠道样本。通过对两种获取方式之间, Alpha 多样性指数差异性比较可知, 暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟不同肠道取样方式, 在取食植物种类丰度分析上差异不显著, 均可以准确表示出被调查对象取食类型的丰富性。同时, 两种取样方式均可体现暗黑鳃金龟和铜绿丽金龟在取食类型上的不均匀性, 突出其取食具有明显偏好性的特点。

对于同一种金龟子, 鲜样与干样在均匀度、综合多样性以及物种丰富度方面均无显著差异。该结果表明, 在当前研究条件下, 利用虫情测报灯诱杀的方式在高效诱捕金龟子的同时, 通过非接触式红外杀灭的方式, 可较好地保留诱捕害虫体内尤其是肠道内含物的 DNA 完整性, 在植物多样性分析中具有良好的可行性。

本研究所选用的 *trnL* 引物在分析降解 DNA 时具有高通用性优势, 但对部分近缘物种的分辨率有限, 这可能在一定程度上低估了群落的物种多样性, 或导致某些近缘类群无法被精确鉴定至物种水平。尽管如此, 该片段仍能有效反映不同提取方法下的群落结构差异, 符合本研究的研究目标。未来研究可考虑结合多片段 *rbcL*、*matK* 作为植物 DNA 条形码的选择, 以提升近缘种的分辨能力。

综合来看, 将基于虫情测报灯的大尺度、多时空采样与 DNA 宏条形码技术相结合, 不仅为 DNA 的稳定保存与高效提取提供了更优路径, 也为快速、高效地鉴定害虫食性提供了一种可靠方法。

利用虫情测报灯诱集金龟子, 结合植物 DNA 条形码 *trnL* 序列分析鉴定金龟子食谱。不

仅可以系统研究金龟子栖息地、食物来源等, 初步判断其可能的食物链位置及食物种类, 还可以通过对植食性金龟子取食的植物种类进行鉴定, 来解析二者间的营养关系。本研究有助于揭示金龟子在生物群落中的功能, 丰富植食性昆虫与植物的协同进化理论, 并为保护生态物种多样性前提下的金龟类害虫防控提供科学支撑。

参考文献 (References)

- Bergmann GT, Craine JM, Robeson MS, Fierer N, 2015. Seasonal shifts in diet and gut microbiota of the American bison (*Bison bison*). *PLoS ONE*, 10(11): e0142409.
- Chapman RF, 2013. Nutrition// Simpson SJ, Douglas AE (eds.). *The insects: Structure and function*. Cambridge: Cambridge University Press. 81–104.
- Chen Q, Fan ZY, Liu D, Hou YH, Zhuo XN, Li SM, 2014. Scarab species trapped by black light and population dynamics of dominant species in Luohe City, Henan Province. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 43(12): 102–105. [陈琦, 范志业, 刘迪, 侯艳红, 卓喜牛, 李世民, 2014. 漯河市黑光灯下金龟子种类组成及优势种群发生动态. *河南农业科学*, 43(12): 102–105.]
- Deagle BE, Kirkwood R, Jarman SN, 2009. Analysis of Australian fur seal diet by pyrosequencing prey DNA in faeces. *Molecular Ecology*, 18(9): 2022–2038.
- Glenn TC, 2011. Field guide to next-generation DNA sequencers. *Molecular Ecology Resources*, 11(5): 759–769.
- Gong ZJ, Duan Y, Zhang J, Li HL, Jiang YL, Guo P, Zhang ZQ, Li T, Miao J, Wu YQ, 2024. Population dynamics and influencing factors of underground pests in Xinxiang, Henan Province. *Journal of Environmental Entomology*, 46(1): 116–126. [巩中军, 段云, 张晶, 李慧玲, 蒋月丽, 郭培, 张自启, 李彤, 苗进, 武予清, 2024. 河南省新乡地区金龟甲发生动态及影响因子分析. *环境昆虫学报*, 46(1): 116–126.]
- Gordon I, 1994. Animal-based measurement techniques for grazing ecology research: A review//Gordon IJ, Rubino R (eds.). *Grazing Behaviour of Goats and Sheep*. Zaragoza: Ciheam. 13–28.
- Granquist SM, Esparza-Salas R, Hauksson E, Karlsson O, Angerbjörn A, 2018. Fish consumption of harbour seals (*Phoca vitulina*) in north western Iceland assessed by DNA metabarcoding and morphological analysis. *Polar Biology*, 41(11): 2199–2210.
- Hebert PD, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR, 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512): 313–321.
- Hebert PD, Ratnasingham S, deWaard JR, 2003b. Barcoding animal

- life: Cytochrome c oxidase subunit I divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270: S96–S99.
- Hokkanen H, 1991. Trapcropping in pest management. *Annual Review of Entomology*, 36: 119–138.
- Holecck JL, Vavra M, Pieper RD, 1982. Botanical composition of determination of range herbivore diets: A review. *Journal of Range Management*, 35(3): 309–315.
- Hu QB, 2004. Research advance of occurrence and control of underground pest grub in China. *Hubei Agricultural Sciences*, 43(6): 87–92. [胡琼波, 2004. 我国地下害虫蛴螬的发生与防治研究进展. *湖北农业科学*, 43(6): 87–92.]
- Jeanniard-du-Dot T, Thomas AC, Cherel Y, Trites AW, Guinet C, 2017. Combining hard-part and DNA analyses of scats with biologging and stable isotopes can reveal different diet compositions and feeding strategies within a fur seal population. *Marine Ecology Progress Series*, 584: 1–16.
- Kartzinel TR, Pringle RM, 2015. Molecular detection of invertebrate prey in vertebrate diets: Trophic ecology of Caribbean island lizards. *Molecular Ecology Resources*, 15(4): 903–914.
- Khanam S, Howitt R, Mushtaq M, Russell JC, 2016. Diet analysis of small mammal pests: A comparison of molecular and microhistological methods. *Integrative Zoology*, 11(2): 98–110.
- Li L, Jiang J, Chen YX, 2021. Recent advances in the application of DNA metabarcoding technology in forensic identification of animals and plants. *Journal of Nanjing Forestry University*, 45(1): 235–241. [李磊, 蒋敬, 陈云霞, 2021. DNA 宏条形码技术在动植物法医鉴定中的应用进展. *南京林业大学学报*, 45(1): 235–241.]
- Li SJ, Liu AZ, Wu YQ, Luo JR, Yin HE, 2003. The distribution, damage characteristics and comprehensive control of major scarabs (grubs) in Henan Province (1). *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 32(4): 16–18. [李素娟, 刘爱芝, 武予清, 罗金荣, 殷花娥, 2003. 河南省主要金龟子(蛴螬)种类分布、危害特点及综合防治技术(一). *河南农业科学*, 32(4): 16–18.]
- Liu G, Ning Y, Xia XF, Gong MH, 2018. The application of high-throughput sequencing technologies to wildlife diet analysis. *Acta Ecologica Sinica*, 38(9): 3347–3356. [刘刚, 宁宇, 夏晓飞, 龚明昊, 2018. 高通量测序技术在野生动物食性分析中的应用. *生态学报*, 38(9): 3347–3356.]
- Liu ST, Duan AJ, Wang LX, Wang SZ, Han RH, Miao J, 2015. Study on the effect of 17 plant feeding on the fecundity of adults of *Holotrichia parallela* Motschulsky. *Shaanxi Journal of Agricultural Sciences*, 61(2): 25–27. [刘顺通, 段爱菊, 王利霞, 王淑枝, 韩瑞华, 苗进, 2015. 17 种植物饲喂对暗黑鳃金龟成虫繁殖力影响的研究. *陕西农业科学*, 61(2): 25–27.]
- Loaiza V, Jonas JL, Joern A, 2008. Does dietary P affect feeding and performance in the mixed-feeding grasshopper (Acrididae) *Melanoplus bivittatus*? *Environmental Entomology*, 37(2): 333–339.
- Lozupone C, Lladser ME, Knights D, Stombaugh J, Knight R, 2011. UniFrac: An effective distance metric for microbial community comparison. *International Society for Microbial Ecology Journal*, 5(2): 169–172.
- Lu YH, Zhang YJ, Wu KM, 2008. Host-plant selection mechanisms and behavioural manipulation strategies of phytophagous insects. *Acta Ecologica Sinica*, 28(10): 5113–5122. [陆宴辉, 张永军, 吴孔明, 2008. 植食性昆虫的寄主选择机理及行为调控策略. *生态学报*, 28(10): 5113–5122.]
- Luo ZX, Li KB, Cao YZ, Yin J, Zhang J, Zhang JT, Shang GQ, 2009. Investigations on soil-inhabiting pests in peanut fields in Henan. *Plant Protection*, 35(2): 104–108. [罗宗秀, 李克斌, 曹雅忠, 尹姣, 张杰, 张静涛, 尚光强, 2009. 河南部分地区花生田地下害虫发生情况调查. *植物保护*, 35(2): 104–108.]
- Ma J, Liu J, Huang WJ, Feng HQ, 2025. A review and prospect of 50 years of crop diseases and pest monitoring and forecast technologies in China. *Plant Protection*, 51(5): 87–97. [马健, 刘杰, 黄文江, 封洪强, 2025. 我国农作物病虫害监测预警技术 50 年回顾与展望. *植物保护*, 51(5): 87–97.]
- McClenaghan B, Gibson JF, Shokralla S, Hajibabaei M, 2015. Discrimination of grasshopper (Orthoptera: Acrididae) diet and niche overlap using next-generation sequencing of gut contents. *Ecology and Evolution*, 5(15): 3046–3055.
- McInnis ML, Vavra M, Krueger WC, 1983. A comparison of four methods used to determine the diets of large herbivores. *Journal of Range Management*, 36(3): 302–306.
- Oksanen J, Blanchet FG, Kindt R, Legendre P, Minchin PR, O'Hara RB, Simpson GL, Sólymos P, Stevens MHH, Wagner H, 2012. Vegan: Community ecology package. <http://CRAN.R-project.org/package=vegan>.
- Pan Y, 2024. Induced defense mechanism of maize roots response to *Holotrichia parallela* larvae feeding. Doctor dissertation. Changchun: Jilin University. [潘羽, 2024. 玉米根系响应暗黑鳃金龟幼虫取食的诱导防御机制. 博士学位论文. 长春: 吉林大学.]
- Qin JD, Wang CZ, 2001. The relation of interaction between insects and plants to evolution. *Acta Entomologica Sinica*, 44(3): 360–365. [钦俊德, 王琛柱, 2001. 论昆虫与植物的相互作用和进化的关系. *昆虫学报*, 44(3): 360–365.]
- Ritcher PO, 1958. Biology of Scarabaeidae. *Annual Review of Entomology*, 3: 311–334.
- Schloss PD, Westcott SL, Ryabin T, Hall JR, Hartmann M, Hollister

- EB, Lesniewski RA, Oakley BB, Parks DH, Robinson CJ, Sahl JW, Stres B, Thallinger GG, Van Horn DJ, Weber CF, 2009. Introducing mothur: Open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(23): 7537–7541.
- Schoonhoven LM, van Loon JJA, Dicke M, 2005. *Insect-Plant Biology*. Oxford: Oxford University Press. 169–208.
- Shao X, Lu Q, Xiong M, Bu H, Shi X, Wang D, Zhao J, Li S, Yao M, 2021. Prey partitioning and livestock consumption in the world's richest large carnivore assemblage. *Current Biology*, 31(22): 4887–4897.
- Taberlet P, Coissac E, Pompanon F, Brochmann C, Willerslev E, 2012. Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 21(8): 2045–2050.
- Thomas AC, Jarman SN, Haman KH, Trites AW, Deagle BE, 2014. Improving accuracy of DNA diet estimates using food tissue control materials and an evaluation of proxies for digestion bias. *Molecular Ecology*, 23(15): 3706–3718.
- Valentini A, Miquel C, Nawaz MA, Bellemain E, Coissac E, Pompanon F, Gielly L, Cruaud C, Nascetti G, Wincker P, Swenson JE, Taberlet P, 2009. New perspectives in diet analysis based on DNA barcoding and parallel pyrosequencing: The *trnL* approach. *Molecular Ecology Resources*, 9(1): 51–60.
- Wang H, Zhao YZ, Huang HM, Zhou ZJ, 2023. Dietary analysis of *Ducetia japonica* based on plant DNA barcoding rbcLa sequences. *Journal of Environmental Entomology*, 45(2): 486–495. [王慧, 赵一铮, 黄慧敏, 周志军, 2023. 基于植物 DNA 条形码 rbcLa 序列的日本条蝽食谱分析. *环境昆虫学报*, 45(2): 486–495.]
- Wang XQ, Wang GH, Qiao F, Gao QK, Heong KL, Zhu ZR, Cheng JA, 2017. Progress on high-throughput sequencing and its applications in food web analysis. *Acta Ecologica Sinica*, 37(8): 2530–2539. [王雪芹, 王光华, 乔飞, 高其康, Kong Luen Heong, 祝增荣, 程家安, 2017. 高通量测序及其在食物网解析中的应用进展. *生态学报*, 37(8): 2530–2539.]
- Wang XZ, Li YH, Li Z, Wang NX, Zhang XR, Liu Y, 2025. Evaluation of biological control in food webs based on gut inclusions. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 62(3): 721–730. [王小洲, 李艳红, 李卓, 王宁新, 张兴瑞, 刘洋, 2025. 基于肠道内含物评价食物网中天敌控害的方法. *应用昆虫学报*, 62(3): 721–730.]
- Yan HM, Zhong WT, 2021. Research progress of feeding analysis methods for predatory animals. *Life Science Research*, 25(1): 1–8. [颜亨梅, 钟文涛, 2021. 动物捕食性天敌摄食分析方法的研
- 究进展. *生命科学研究*, 25(1): 1–8.]
- Yan LJ, Wang P, Shi QL, Liu J, Shi YE, Chi LK, 2023. Applications of animal diet analysis based on DNA metabarcoding in ecological research. *Acta Ecologica Sinica*, 43(8): 3007–3019. [严丽君, 王普, 施启龙, 刘佳, 施云娥, 池利昆, 2023. 动物食性分析在生态学中的应用研究进展——基于 DNA 宏条形码技术. *生态学报*, 43(8): 3007–3019.]
- Yang F, Liu B, Lu YH, 2022. Application of DNA-based molecular detection techniques in arthropod food web structure analyses. *Journal of Plant Protection*, 49(1): 110–117. [杨帆, 刘冰, 陆宴辉, 2022. DNA 分子检测技术在节肢动物食物网结构解析中的应用. *植物保护学报*, 49(1): 110–117.]
- Yang QQ, Liu SW, Yu XP, 2018. Research progress on DNA barcoding analysis methods. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 29(3): 1006–1014. [杨倩倩, 刘苏汶, 俞晓平, 2018. DNA 条形码分析方法研究进展. *应用生态学报*, 29(3): 1006–1014.]
- Zhang B, 2012. DNA barcoding identification research on medicinal plants and herbs of *Angelica*. Master dissertation. Beijing: China Academy of Chinese Medical Sciences. [张彬, 2012. 当归属药用植物及药材的 DNA 条形码鉴别研究. 硕士学位论文. 北京: 中国中医科学院.]
- 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 LL, Wu JX, Lu JJ, 2012. Scarabs species trapped by black light and population dynamics of dominant species in Yangling, Shaanxi Province. *Journal of Environmental Entomology*, 34(3): 395–399. [张林林, 仵均祥, 陆俊娇, 2012. 陕西杨凌地区黑光灯下金龟甲种类组成及优势种群发生动态. *环境昆虫学报*, 34(3): 395–399.]
- Zhang MC, Yin J, Li KB, Cao YZ, Wu JX, 2014. Research progress on the occurrences of white grub and its control. *China Plant Protection*, 34(10): 20–28. [张美翠, 尹姣, 李克斌, 曹雅忠, 仵均祥, 2014. 地下害虫蛴螬的发生与防治研究进展. *中国植保导刊*, 34(10): 20–28.]
- Zhang YH, Zhang Z, Liu J, 2023. Research progress of intelligent forecasting for diseases and insect pests. *Modern Agrochemicals*, 22(5): 9–16. [张云慧, 张智, 刘杰, 2023. 病虫测报智能化研究进展. *现代农药*, 22(5): 9–16.]
- Zhang ZL, 1984. *Economic Insect Fauna of China*. Volume 28. Coleoptera, Scarabaeoidea Larvae. Beijing: Science Press. 18–63. [张芝利, 1984. 中国经济昆虫志, 第二十八册, 鞘翅目, 金龟总科幼虫. 北京: 科学出版社. 18–63.]