

茶园两种叶甲肠道微生物多样性研究*

徐世燕**

(贵州师范大学生命科学学院, 贵阳 550025)

摘要 【目的】探究茶园生境中两种主要叶甲害虫柳蓝叶甲 *Plagioder a versicolor a* 和蓝胸圆肩叶甲 *Humba cyanicollis* 成虫的肠道微生物组成和功能。【方法】基于微生物扩增子测序技术, 分析两种叶甲肠道细菌与真菌的群落特征和功能。【结果】两种叶甲的肠道细菌优势门均为变形菌门 Proteobacteria 和厚壁菌门 Firmicutes, 主要优势属为肠杆菌属 *Enterobacter*、内共生体 Endosymbionts、螺原体属 *Spiroplasma*、乳球菌属 *Lactococcus* 等; 肠道真菌优势门均为子囊菌门 Ascomycota 和担子菌门 Basidiomycota, 主要优势属为枝孢霉属 *Cladosporium*、镰刀菌属 *Fusarium*、青霉属 *Penicillium*、曲霉属 *Aspergillus*、亚隔孢壳属 *Didymella* 等。两种叶甲的主要肠道细菌和真菌类群丰度存在差别, 但多样性无明显差异, 细菌的群落结构差异显著 ($P=0.001$) 而真菌的无明显差异。两种叶甲的共有细菌和真菌类群构成了肠道微生物的主体。同时, 功能分析表明两种叶甲的肠道细菌和真菌的功能类型均差别不大。【结论】本研究揭示了茶园生境的柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲的肠道微生物的组成、群落结构以及功能特征, 为茶园鞘翅目叶甲类害虫的生物防治提供了参考依据。

关键词 柳蓝叶甲; 蓝胸圆肩叶甲; 鞘翅目; 茶园; 细菌; 真菌

Diversity of the gut microbiota of two leaf beetle species from tea plantations

XU Shi-Yan**

(School of Life Sciences, Guizhou Normal University, Guiyang 550025, China)

Abstract [Aim] To characterize the composition and potential functions of the gut microbiota of two major leaf beetle pests, *Plagioder a versicolor a* and *Humba cyanicollis*, in tea plantation ecosystems. [Methods] Microbial amplicon sequencing was used to analyze gut microbiota community structure and predict the functions of the gut bacteria and fungi of both species. [Results] The gut bacterial communities of both species were dominated by Proteobacteria and Firmicutes at the phylum level, with key genera including *Enterobacter*, endosymbionts, *Spiroplasma*, and *Lactococcus*. The fungal communities were primarily composed of Ascomycota and Basidiomycota, dominated by *Cladosporium*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Aspergillus*, and *Didymella*. Although the relative abundance of major microbial taxa differed between beetle species, there were no significant differences in alpha diversity. Although the bacterial community structure (beta-diversity) was significantly different between species ($P=0.001$), fungal community structure was not. A core microbiota, consisting of shared bacterial and fungal taxa, formed the majority of the gut microbial community in both species. Furthermore, functional prediction indicated minimal differences in the metabolic potential of both bacteria and fungi between the two species. [Conclusion] These findings describe the structure and potential functions of the gut microbiota of *P. versicolor a* and *H. cyanicollis*, providing a valuable foundation for developing targeted biological control strategies for these coleopteran tea pests.

Key words *Plagioder a versicolor a*; *Humba cyanicollis*; Coleoptera; tea garden; bacteria; fungi

*资助项目 Supported project: 贵州省高层次创新人才项目“百层次人才”(黔科合平台人才-GCC[2022]022-2)

**第一作者和通讯作者 First author and corresponding author, E-mail: syxu1020@126.com

收稿日期 Received: 2025-10-28; 接受日期 Accepted: 2026-01-30

贵州省是我国的重要茶产地,茶园分布区域广,面积突破 466 700 hm^2 ,综合产值突破 900 亿元,47 个茶叶主产县中有 26 个将茶产业作为首位产业。但是,茶树害虫严重影响了茶产业发展,茶叶的优质和高产一直受到茶园害虫的威胁。贵州茶园害虫的优势种群中鞘翅目有 53 种,其中叶甲(Leaf beetles)在全省茶园均有分布(戴轩, 2010; 郭启琼, 2011; 王志等, 2013; 李贤碧等, 2014; 朱常华和陈冬松, 2014; 莫畏等, 2023)。同时不少调查研究表明有多种叶甲危害茶园(莫璐瑕等, 2014; 王让剑等, 2018; 林武等, 2021)。

长期以来,对叶甲的研究主要集中于新种描述鉴定、生活史及发生规律、防治、寄主食性选择等方面(葛斯琴等, 2012; 匡富萍等, 2023; 陈彦等, 2024; 付楠霞等, 2025; 宋傲然等, 2025; 章玉苹等, 2025)。近年来,随着昆虫肠道微生物研究的普遍和深入,发现昆虫肠道微生物在为宿主提供营养、增强免疫、抵御病害、解毒以及增强农药抗性等方面发挥着重要作用(Engel and Moran, 2013; Douglas, 2015, 2018; Douglas *et al.*, 2018)。目前,叶甲科昆虫肠道微生物的研究在部分类群中已取得一定进展,主要是在肠道微生物的细菌类群组成和部分肠道细菌的功能方面。叶甲的肠道细菌类群组成因物种和生命阶段的不同而存在差异,在物种层面,差异主要与食性和生态位相关:以叶片为食的叶甲如核桃叶甲 *Gastrolina depressa* 其肠道菌群以变形菌门 Proteobacteria, 特别是 γ - 变形菌纲 Gammaproteobacteria 为主导,富含欧文氏菌属 *Erwinia*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、罗森贝格氏菌属 *Rosenbergiella* 等常见于植物表面的类群;而潜叶为害的种类如柑橘潜叶甲 *Podagricomela nigricollis* 则菌群多样性较低,且可能特异地富集沙雷氏菌属 *Serratia* 等适应封闭叶肉环境的类群;在生命阶段层面,幼虫期通常比成虫期拥有更高的菌群多样性,且类群构成发生动态演替,如在核桃叶甲中,幼虫期厚壁菌门 Firmicutes 相对丰度更高,如乳球菌属 *Lactococcus* (章雨露等, 2021; 牛营超等, 2022; 胡连清等, 2023; Ma *et al.*, 2023)。同时,广食性叶甲的肠道微生物

群落比专食性叶甲的更为多样化(Brunetti *et al.*, 2022)。这些肠道细菌的功能多样,如椰心叶甲 *Brontispa longissimi* 的芽孢杆菌属 *Bacillus* 细菌具有降解纤维素和木聚糖的能力,而带化红球菌 *Rhodococcus fascians* 具有降解木聚糖的能力(章雨露等, 2021);黑角负泥虫 *Oulema melanopus* 的菠萝泛菌 *Pantoea ananatis* 可引起小麦病害(Wielkopolan *et al.*, 2021)。另外,萤叶甲的肠道细菌存在世代之间的垂直转移现象以及与宿主之间可能存在协同进化(An *et al.*, 2023, 2025)。尽管现有研究已初步揭示部分叶甲肠道细菌的多样性和功能,但作为昆虫微生物组的另一关键组成部分,肠道真菌在营养代谢、免疫调节及与细菌互作方面发挥着不可替代的作用(Engel and Moran, 2013; Douglas, 2015)。例如,取食朽木的中国大锹 *Dorcus hopei*, 真菌是核心食源并显著塑造了其肠道菌群结构(Wang *et al.*, 2025);蛀干害虫克里角梢小蠹 *Trypophloeus klimeschi* 中,其肠道真菌群落展现出与生活史密切相关的动态变化和功能性(Gao *et al.*, 2018)。因此有必要补充关于叶甲肠道真菌的相关研究。

柳蓝叶甲 *Plagioderma versicolora* 和蓝胸圆肩叶甲 *Humba cyanicollis* 是隶属于鞘翅目 Coleoptera 叶甲科 Chrysomelidae 的昆虫,为咀嚼式口器,植食性种类,幼、成虫取食危害叶片成缺刻或孔洞,是农林果蔬作物重要的害虫。作者在茶园病虫害调查中发现多数茶园有这两种叶甲群集分布,而茶园生境中的这两种叶甲的肠道微生物尚未有研究。因此,本研究利用 16S rRNA 和 ITS 基因扩增子测序,分析茶园柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲的肠道微生物群落多样性及功能,旨在明确茶园生境中这两种叶甲的肠道细菌和真菌群落的组成和功能特征,以期茶园鞘翅目叶甲类害虫的防治提供参考信息。

1 材料与方法

1.1 样本采集地

柳蓝叶甲(PV)和蓝胸圆肩叶甲(HC)成虫均采自贵州省贵阳市花溪区久安茶园(该点位

于 26.524 979 6°N, 106.613 972 4°E, 海拔高度 1 347.63 m), 采集日期为 2025 年 6 月 21 日, 茶叶品种为石阡苔茶。

1.2 样本处理

对两种昆虫成虫样本进行 48 h 的饥饿处理, 以清除与食物相关的短暂微生物从而使肠道内容物标准化。之后, 各样本先用 75% 的酒精浸泡 1 min, 无菌水清洗 3 次, 再用 1% 次氯酸钠溶液浸泡 3 min, 无菌水清洗 3 次。随后, 在超净台中解剖并小心取出成虫的完整肠道, 转入灭菌的 1.5 mL 离心管中。两种昆虫各 3 个重复, 每个重复包含 10 只昆虫肠道内容物。所有样本均立即在液氮中快速冷冻后储存在 -80 °C 冰箱待用。

1.3 DNA 提取、扩增和生信分析

各样本采用冷冻研磨仪均质处理后提取总 DNA 进行 PCR 扩增。细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区使用引物 338F (5'-ACTCTACGGGAGGCA GCA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTC TAAT-3'); 真菌 ITS1 区使用引物 ITS1 (5'-CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS2 (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')。PCR 产物进行纯化和质量评估后, 在生物标记科技有限公司使用 Illumina novaseq 6000 平台 (Illumina, Santiago CA, USA) 进行高通量扩增子测序。测序得到 Raw reads 进行质量过滤, 识别和去除引物序列, 得到 Clean reads。之后进行双端序列拼接并去除嵌合体序列, 去噪, 获得 Amplicon Sequence Variants (ASVs)。

16S rRNA 基因 V3-V4 区域深度测序, 6 个样本共产生 402 439 个原始读数, 获得 352 465 条有效数据读数, 形成 542 个扩增特征序列 (ASV)。ITS1 区域深度测序, 6 个样本共产生 421 966 个原始读数, 获得 334 421 条有效数据读数, 形成 1 474 个扩增特征序列。以 SILVA (Release 138) 和 UNITE (Release 8.0) 为参考数据库, 分别对细菌和真菌 ASVs 进行分类和注释, 置信度 (Confidence) 阈值为 70%。此外, 使用 PICRUSt 数据库 (Donovan *et al.*, 2014)

预测细菌功能, 使用 Funguild 数据库 (Nguyen *et al.*, 2016) 预测真菌功能。

1.4 数据分析

利用 R 4.3.2 中的 ggpubr 包和 vegan 包对肠道微生物数据进行非参数 Wilcoxon 秩和检验、主坐标分析 (PCoA) 等; 利用 SPSS 26.0 对肠道微生物数据进行正态性检验及差异分析; 利用 Graphpad Prism 9.0 对肠道微生物组成和功能概况及其多样性进行制图。

2 结果与分析

2.1 两种叶甲的肠道微生物组成与多样性

两种昆虫的肠道细菌隶属于 2 界 19 门 32 纲 74 目 128 科 210 属, 其中柳蓝叶甲包括 2 界 6 门 9 纲 28 目 44 科 57 属, 蓝胸圆肩叶甲包括 2 界 19 门 32 纲 71 目 117 科 187 属。在门水平上, 两种叶甲的肠道细菌主要由变形菌门 Proteobacteria 厚壁菌门 Firmicutes 和拟杆菌门 Bacteroidota 组成。柳蓝叶甲的绝对优势菌是变形菌门, 相对丰度达到 98.89%, 其次为厚壁菌门 (0.96%) 和拟杆菌门 (0.10%); 蓝胸圆肩叶甲的优势菌依次为厚壁菌门 (69.59%)、变形菌门 (26.55%)、拟杆菌门 (2.39%) 和放线菌门 Actinobacteriota (1.05%) (图 1: A)。在属水平上, 两种叶甲的肠道细菌主要由肠杆菌属 *Enterobacter*、内共生体 Endosymbionts、螺原体属 *Spiroplasma*、乳球菌属 *Lactococcus* 和克吕沃尔氏菌属 *Kluyvera* 等组成, 但两个种的优势属又各有不同。柳蓝叶甲的主要优势菌为内共生体 (68.11%) 和肠杆菌属 (23.55%), 之后为克吕沃尔氏菌属 (5.25%) 和乳球菌属 (0.59%); 而蓝胸圆肩叶甲的主要优势菌属是螺原体属 (47.81%)、肠杆菌属 (23.79%)、乳球菌属 (19.43%) 以及黄杆菌属 *Flavobacterium* (0.87%) (图 1: B)。

两种昆虫的肠道真菌隶属于 1 界 11 门 30 纲 74 目 147 科 235 属, 其中柳蓝叶甲包括 9 门 22 纲 51 目 97 科 129 属, 蓝胸圆肩叶甲包括 10 门

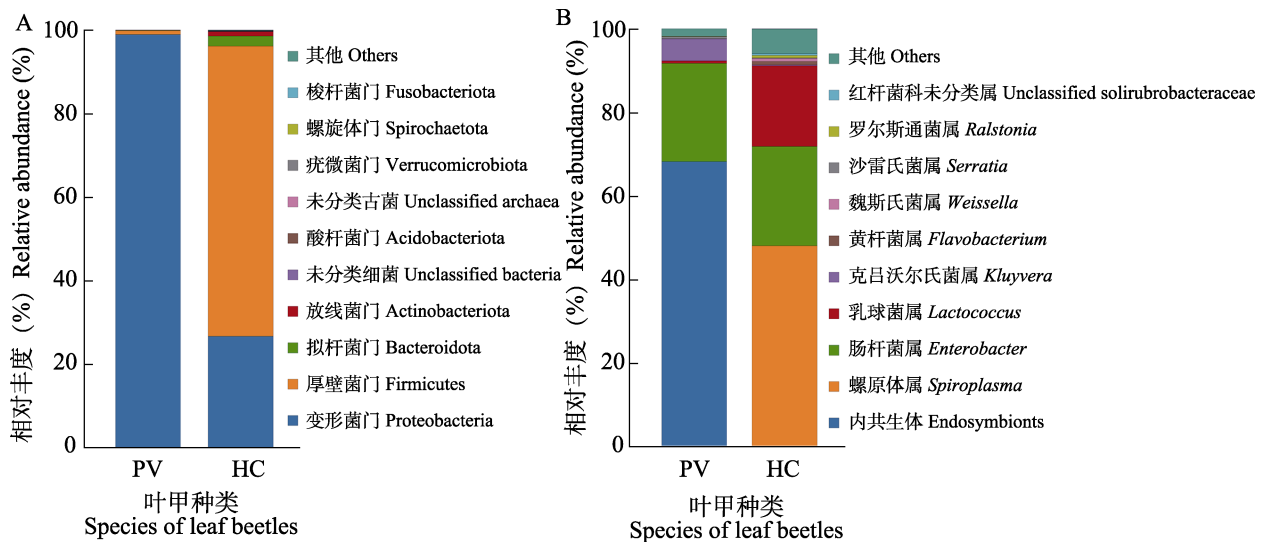


图 1 细菌在门水平 (A) 和属水平 (B) 的相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of bacteria at phylum level (A) and genus level (B)

PV: 柳蓝叶甲 *Plagioderma versicolora*; HC: 蓝胸圆肩叶甲 *Humba cyanicollis*. 下同。The same below.

28 纲 64 目 116 科 174 属。在门水平上, 两种叶甲的肠道真菌主要由子囊菌门 Ascomycota、担子菌门 Basidiomycota、未分类真菌 Unclassified fungi 和被孢霉门 Mortierellomycota 组成。柳蓝叶甲的优势菌为子囊菌门 (76.45%)、担子菌门 (13.00%)、未分类真菌 (4.01%)、被孢霉门 (3.79%) 和球囊菌门 Glomeromycota (1.36%); 蓝胸圆肩叶甲的主要优势菌为子囊菌门 (75.56%)、担子菌门 (16.90%)、未分类真菌 (3.93%) 和被孢霉门 (1.43%) (图 2: A)。在属水平上, 两种叶甲的肠道真菌主要由枝孢霉属 *Cladosporium*、镰刀菌属 *Fusarium*、青霉属 *Penicillium*、曲霉属 *Aspergillus*、亚隔孢壳属 *Didymella*、篮状菌属 *Talaromyces*、被孢霉属 *Mortierella* 等组成, 但两个种的优势属各有不同。柳蓝叶甲的主要优势菌为青霉属 (9.38%)、曲霉属 (8.84%)、枝孢霉属 (7.33%)、镰刀菌属 (6.47%)、篮状菌属 (4.45%)、未分类真菌 (4.01%)、被孢霉属 (3.79%) 和亚隔孢壳属 (3.45%); 蓝胸圆肩叶甲的主要优势菌为枝孢霉属 (12.02%)、镰刀菌属 (9.57%)、亚隔孢壳属 (5.34%)、未分类真菌 (3.93%)、青霉属 (3.51%)、木霉属 *Trichoderma* (3.11%) 和维希尼克氏属 *Vishniacozyma* (2.38%) (图 2: B)。

基于 Operational taxonomic unit (OTU) 数据利用非参数 Wilcoxon 秩和检验分析两种叶甲的肠道微生物多样性, 细菌和真菌的 Simpson 指数和 Shannon 指数均无显著差异 ($P > 0.05$), 表明这两种叶甲的肠道细菌 (图 3: A, B) 和真菌多样性无差异 (图 3: C, D)。基于 Binary-jaccard 的主坐标分析 (PCoA) 和 NMDS 分析, 柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲的细菌群落明显分离, 且 PCoA 分析的 $R^2 = 0.234$, $P = 0.001$, NMDS 分析的 Stress = 0.003 7, 表明两种叶甲的细菌群落结构存在显著差异 (图 4: A, B); 两种叶甲的真菌群落高度重叠, 表明这两种叶甲的真菌群落结构无明显差异 (图 4: C, D)。

2.2 两种叶甲的共有肠道微生物

两种叶甲共有的肠道细菌有 34 属。这 34 个共有属在柳蓝叶甲肠道细菌的全部属中占比为 59.65%, 但其相对丰度占到该种肠道细菌总丰度的 98.83%; 在蓝胸圆肩叶甲肠道细菌的全部属中占比为 18.18%, 但其相对丰度占到该种肠道细菌总丰度的 94.25% (图 5: A)。同时, 柳蓝叶甲肠道细菌所包含的属远低于蓝胸圆肩叶甲。相对丰度前 10 的共有属中, 柳蓝叶甲的高丰度属为内共生体、肠杆菌属和克吕沃尔氏菌属, 而

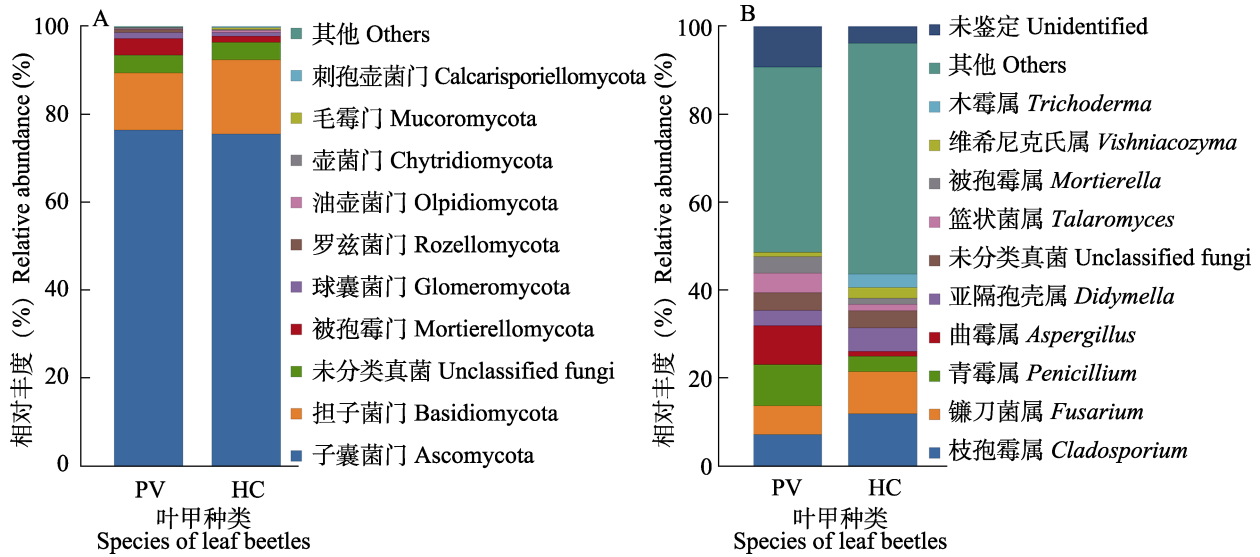


图 2 真菌在门水平 (A) 和属水平 (B) 的相对丰度
 Fig. 2 Relative abundance of fungi at phylum level (A) and genus level (B)

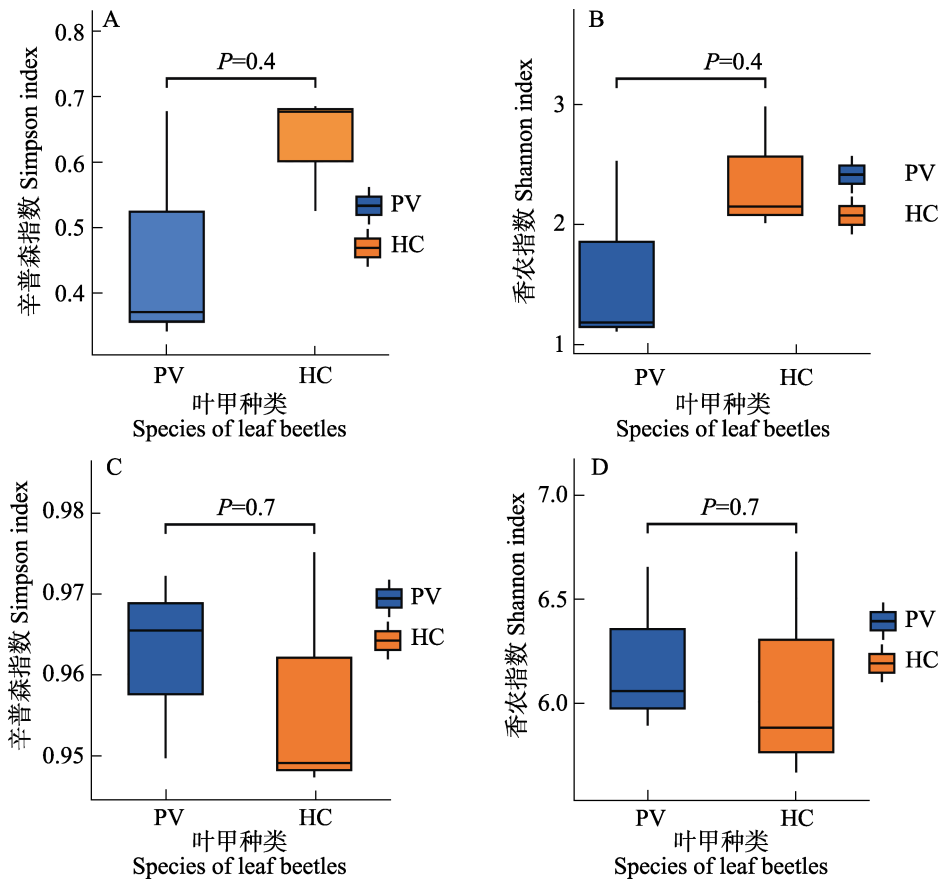


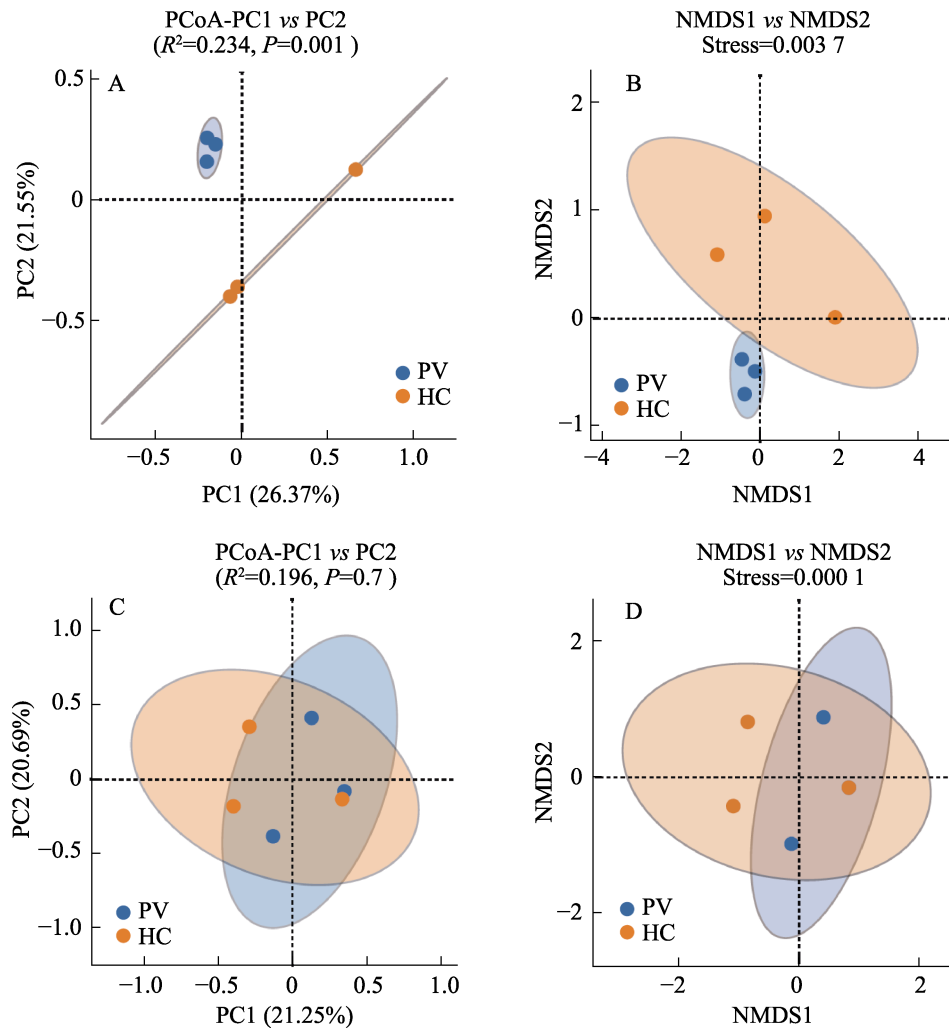
图 3 细菌和真菌的 α 多样性分析
 Fig. 3 α -diversity analysis of bacterial and fungal communities

A. 细菌辛普森指数; B. 细菌香农指数; C. 真菌辛普森指数; D. 真菌香农指数。

采用 Wilcoxon 秩和检验比较组间差异。

A. Bacterial simpson index; B. Bacterial shannon index; C. Fungal simpson index; D. Fungal shannon index.

Differences between groups were compared using the Wilcoxon rank-sum test.

图 4 细菌和真菌 β 多样性分析Fig. 4 β -diversity analysis of bacteria and fungi based on binary Jaccard distance

A. 细菌 PCoA 分析; B. 细菌 NMDS 分析; C. 真菌 PCoA 分析; D. 真菌 NMDS 分析。

基于二元数据的方法。

A. Bacterial PCoA; B. Bacterial NMDS; C. Fungal PCoA; D. Fungal NMDS.

Base on binary_jaccard.

蓝胸圆肩叶甲的高丰度属则为螺原体属、肠杆菌属和乳球菌属(图 5: B)。两种叶甲肠道细菌的各特有属丰度占比均极低。两种叶甲共有的肠道真菌有 78 属。这 78 个共有属在柳蓝叶甲肠道真菌的全部属中占比为 51.66%，但其相对丰度占到该种肠道真菌总丰度的 78.80%；在蓝胸圆肩叶甲肠道真菌的全部属中占比为 39.59%，但其相对丰度占到该种肠道真菌总丰度的 66.13% (图 5: C)。同时，柳蓝叶甲肠道真菌所包含的属同样低于蓝胸圆肩叶甲。相对丰度前 10 的共有属中，柳蓝叶甲的高丰度属为青霉属、曲霉属、

枝孢霉属、镰刀菌属、篮状菌属、被孢霉属和亚隔孢壳属，而蓝胸圆肩叶甲的高丰度属则为枝孢霉属、镰刀菌属、亚隔孢壳属和青霉属(图 5: D)。两种叶甲肠道真菌的特有属均存在少数较高丰度类群，柳蓝叶甲的有平脐蠕孢属 *Bipolaris* (1.38%)，蓝胸圆肩叶甲的有木霉属 (3.11%)、近暗球腔菌属 *Paraphaeosphaeria* (3.03%)、棘壳孢菌属 *Setophoma* (2.01%)、寡囊盘菌属 *Thelebolus* (1.91%)、担孢酵母属 *Erythrobasidium* (1.39%)、横断孢属 *Strelitziana* (1.07%)、长西氏酵母属 *Naganishia* (1.06%)、帚枝霉属

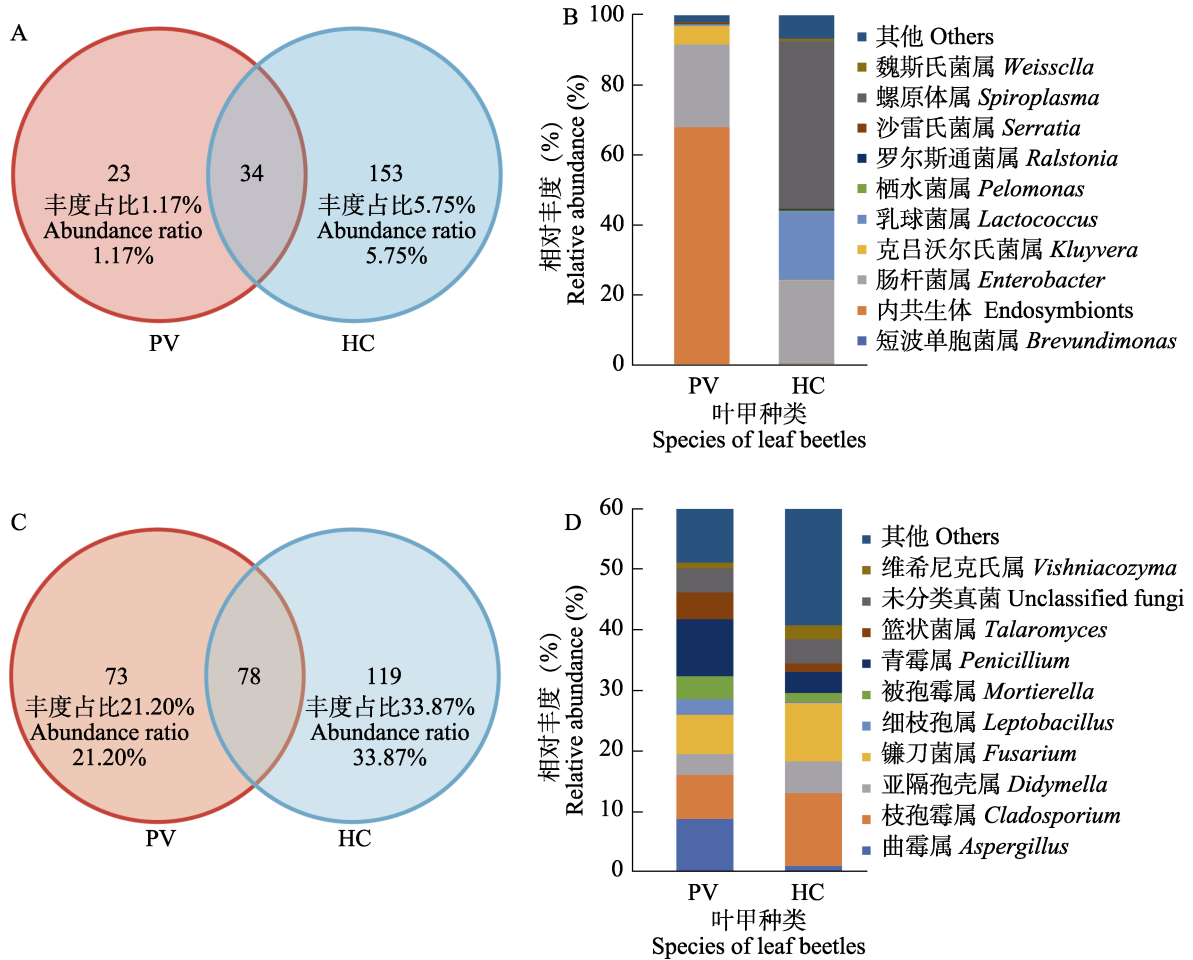


图 5 细菌和真菌共有微生物

Fig. 5 Analysis of shared genera between bacteria and fungi

- A. 细菌共有属; B. 细菌共有属前 10 相对丰度; C. 真菌共有属; D. 真菌共有属前 10 相对丰度。
A. Bacterial shared genera; B. Top 10 bacterial genera relative abundance; C. Fungal shared genera; D. Top 10 fungal genera relative abundance.

Sarocladium (1.02%)、异柱隔孢属 *Xenoramularia* (0.97%) 和指状丛赤壳菌属 *Dactylonectria* (0.92%)。

2.3 两种叶甲肠道微生物功能分析

利用 PICRUST 2 基于 KEGG 功能数据库预测两种叶甲的肠道细菌功能。肠道细菌在 Level 1 层级的 6 个功能类型中, 柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲的代谢 (Metabolism) 相对丰度最高, 分别为 77.51% 和 78.39%; 其次是遗传信息处理 (Genetic information processing), 分别为 8.86% 和 8.01%; 再次为环境信息处理 (Environmental information processing), 分别为 7.60% 和 6.43%; 其余的细

胞过程 (Cellular processes) 分别为 3.39% 和 2.33%, 人类疾病 (Human diseases) 分别为 2.50% 和 2.49%, 有机体系统 (Organismal systems) 分别为 1.30% 和 1.19% (图 6: A)。Level 2 层级共预测到 32 个功能, 图 6 (B) 为丰度前 10 功能分析。柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲的主要功能为全局和总览图 (Global and overview maps), 相对丰度分别为 43.03% 和 42.14%; 其次为碳水化合物代谢 (Carbohydrate metabolism), 相对丰度分别为 8.41% 和 10.98%; 再次为氨基酸代谢 (Amino acid metabolism), 分别为 6.34% 和 6.32%; 其余的分别为跨膜转运 (Membrane transport) (4.30% 和 5.21%)、核酸代谢 (Nucleotide

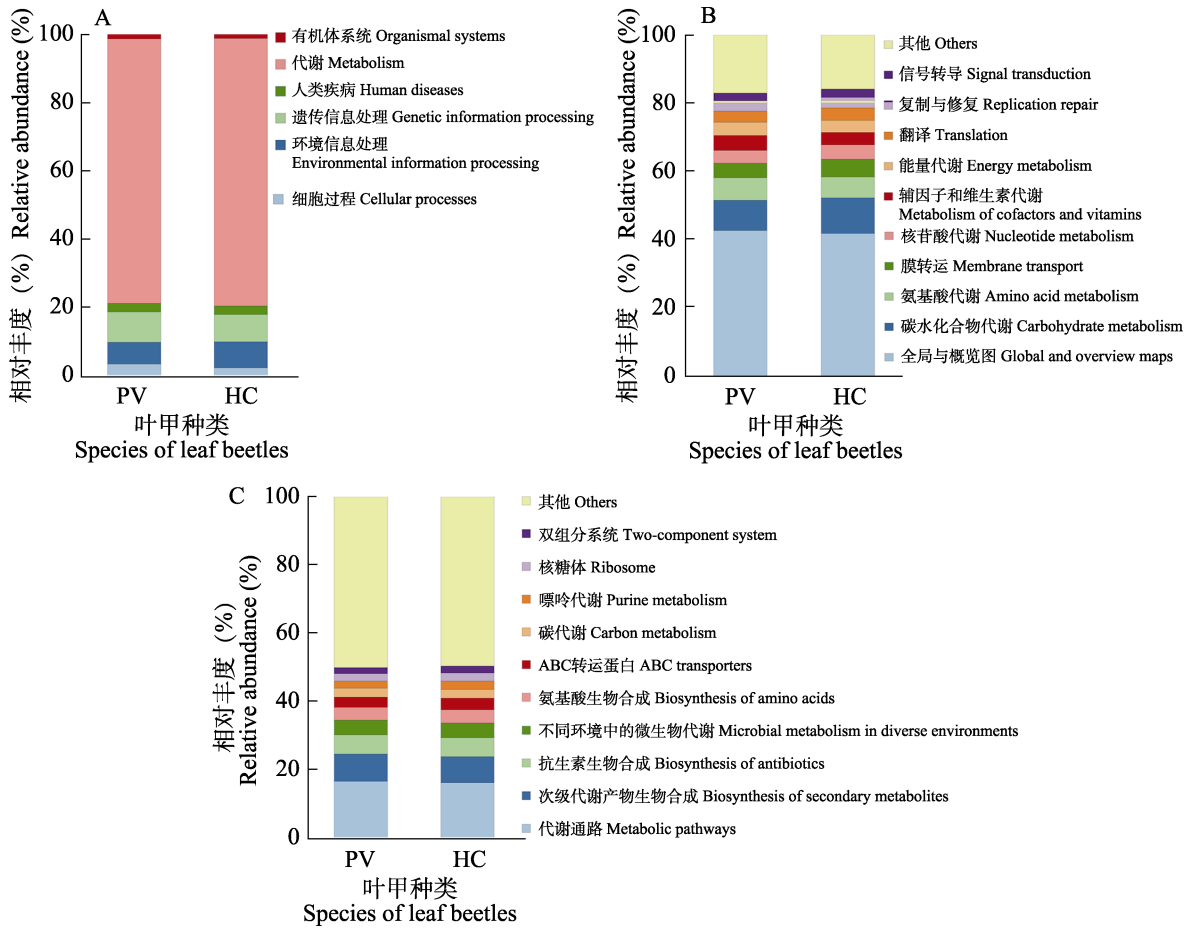


图 6 细菌基于 PICRUSt2 功能预测分析
 Fig. 6 Functional prediction of bacteria by PICRUSt2

A. 第一层级; B. 第二层级; C. 第三层级。
 A. Level 1; B. Level 2; C. Level 3.

metabolism) (4.00%和 4.00%)、能量代谢(Energy metabolism) (3.70%和 3.76%)、辅助因子和维生素代谢 (Metabolism of cofactors and vitamins) (4.72%和 3.45%)等。Level 3 层级共预测到 112 个功能, 图 6 (C) 为丰度前 10 功能分析。柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲的主要功能为代谢通路 (Metabolic pathways), 相对丰度分别为 16.86% 和 16.18%; 其次是次级代谢产物生物合成 (Biosynthesis of secondary metabolites), 相对丰度分别为 8.21%和 7.71%; 之后为抗生素生物合成 (Biosynthesis of antibiotics) (5.68%和 5.62%)、不同环境中微生物代谢 (Microbial metabolism in diverse environments) (4.08%和 4.25%)、氨基酸生物合成 (Biosynthesis of amino acids) (3.97%和 4.16%) 等。

通过 FUNGuild 预测到两种叶甲的肠道真菌功能分为 3 种营养类型和 17 个功能类型。3 种营养类型中, 丰度最高的是腐生营养型 (Saprotroph), 柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲分别为 52.00%和 56.47%; 其次是病原营养型 (Pathotroph), 柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲分别为 32.04%和 31.90%; 共生营养型 (Symbiotroph) 的丰度最低, 柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲分别为 15.95%和 11.63% (图 7: A)。柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲的主要功能类型有未定义的腐生生物型 (Undefined saprotroph) (38.65%和 41.34%)、植物病原型 (Plant pathogen) (22.60%和 18.85%)、动物病原型 (Animal pathogen) (14.40%和 10.66%)、外生菌根型 (Ectomycorrhizal) (6.44%和 2.20%)、真菌寄生菌型 (Fungal

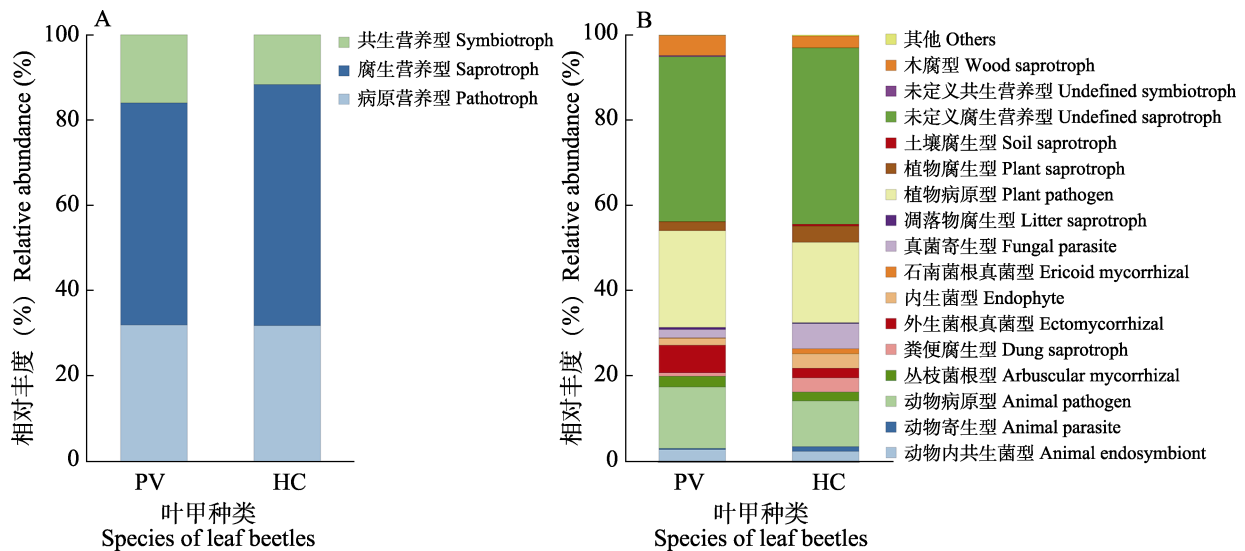


图 7 真菌基于 FUNGuild 功能预测分析

Fig. 7 Functional prediction of fungi by FUNGuild

A. 营养方式; B. 功能类群。A. Trophic modes; B. Functional guilds.

parasite) (1.91%和 5.93%)、木腐型 (Wood saprotroph) (4.77%和 2.75%)、植物腐生型 (Plant saprotroph) (2.13%和 3.84%)、内生菌型 (Endophyte) (1.58%和 3.42%) 等 (图 7: B)。

3 讨论

本研究中同一茶园生境的柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲肠道细菌的组成,在门水平上主要由变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门组成,在属水平上主要由肠杆菌属、内共生体、螺原体属、乳球菌属等组成,这与已研究过的部分叶甲如椰心叶甲、柑橘潜叶甲、核桃叶甲、萤叶甲等肠道细菌的组成相似(章雨露等, 2021; 牛营超等, 2022; Ma *et al.*, 2023; 王毛等, 2024; An *et al.*, 2023, 2025), 区别之处在于这些细菌类群的相对丰度在不同叶甲中各不相同,应该是主要因物种和生境等条件的不同而导致的差异。本研究中相同茶园生境下柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲这两种叶甲肠道细菌的主要类群的丰度存在显著差异,同时 PCoA 和 NMDS 分析结果也表明两种叶甲的细菌群落结构差异显著,这说明肠道细菌的组成与物种密切相关。但是, α 多样性分析表明这两种叶甲的肠道细菌多样性无显著差异,推测其原因可能为相同生境条件下它们的食源基本相同所

致。有研究表明食物是塑造部分鞘翅目昆虫肠道细菌多样性的关键因素 (Wang *et al.*, 2025), 因此这两种叶甲在同一生境下食源基本相同的影响下,其肠道细菌多样性趋于一致。值得注意的是,两种叶甲肠道细菌优势属肠杆菌属和乳球菌属,这两个属在已研究的其他叶甲昆虫中也是主要的肠道细菌优势属,如鞘翅目柑橘潜叶甲幼虫 (Niu *et al.*, 2022)、蓼蓝齿胫叶甲 *Gastrophysa atrocyanea* (王毛等, 2024) 以及绿樟肖叶甲 *Chalcolema cribrata* (Hu *et al.*, 2023), 甚至在鳞翅目植食性昆虫(如小菜蛾)中也扮演着关键角色 (Xia *et al.*, 2017), 推测可能与它们在肠道中的功能密切相关,有研究报道这两个属在昆虫肠道中参与碳水化合物代谢和植物初级代谢物降解 (Kim *et al.*, 2017; Xia *et al.*, 2017; Mason *et al.*, 2019; Wei *et al.*, 2025), 也可能反映了植食性昆虫在利用微生物协助消化植物性食物上存在趋同进化。然而,这两种核心微生物在不同叶甲物种间的具体谱系与相对丰度存在显著差异,暗示其功能可能存在物种特异性分化。从进化视角看,寄主系统发育被证明是塑造叶甲肠道菌群结构的关键力量 (An *et al.*, 2023), 本研究中这两属的保守性存在,或可支持它们在叶甲进化历史中形成了稳定而基础的功能性共生关

系。两种叶甲肠道真菌的组成,在门水平上主要由子囊菌门、担子菌门和被孢霉门组成,在属水平上主要由枝孢霉属、镰刀菌属、青霉属、曲霉属、亚隔孢壳属等组成,在叶甲中尚未见有报道,但与一些已研究的鞘翅目其他科甲虫的肠道真菌组成相似,如克里角梢小蠹 *Trypophloeus klimeschi*、光肩星天牛 *Anoplophora glabripennis* (Gao *et al.*, 2018; Liu *et al.*, 2025)。两种叶甲的肠道真菌在组成和结构上高度相似,多样性分析以及 PCoA 和 NMDS 分析都表明了这一点。这说明两种叶甲肠道真菌的组成可能与物种的相关性相对较低,推测与生境的关联度更大一些。此外,从两种叶甲的共有肠道微生物来看,肠道细菌和真菌的共有类群构成了肠道微生物的主体部分,同时这些共有类群绝大多数又是高相对丰度类群,这体现出这些共有肠道微生物对两种叶甲具有重要作用。当然,共有肠道微生物在两种叶甲中也有差异,主要表现在主要类群的丰度上,且肠道细菌比肠道真菌的更加明显。

本研究中两种茶园叶甲的保守的肠道核心菌群,包括肠杆菌属、乳球菌属等细菌,以及枝孢霉属、镰刀菌属等真菌。这些菌群可能帮助叶甲适应植食性生活。根据昆虫-微生物共生理论,这些关键微生物可以作为害虫防控的新靶点 (Mason *et al.*, 2019)。已有研究从其他叶甲中分离出具有特定代谢功能的肠杆菌属菌株 (Zhang *et al.*, 2021; Hu *et al.*, 2023),说明针对这类细菌进行干预是可行的。本研究发现的部分真菌类群,在其他甲虫中也与宿主有密切关联 (Gao *et al.*, 2018; Liu *et al.*, 2025),提示它们也可能影响叶甲的生理。此外,昆虫取食的真菌能够改变其肠道细菌组成 (Wang *et al.*, 2025),这意味着通过影响“真菌-细菌”相互作用来调控害虫是一条值得探索的新途径。

在肠道微生物的功能上,两种叶甲的肠道细菌功能在第 1 层级上主要为新陈代谢、遗传信息处理和环境信息处理,第 2 层级上主要为碳水化合物代谢和氨基酸代谢等,第 3 层级上主要为代谢途径、次生代谢物的生物合成、抗生素的生物合成等,这与核桃叶甲的肠道细菌功能研究结果

一致 (Ma *et al.*, 2023)。两种叶甲的肠道细菌在 3 个层级上的功能类型丰度都相差不大,其中相差最大的功能类型是第 2 层级的碳水化合物代谢,相差为 2.57%。两种叶甲的肠道真菌功能类型主要为未定义的腐生生物型、植物病原型、动物病原型、外生菌根型和真菌寄生型等。同样地,两种叶甲的肠道真菌的功能类型丰度也都相差不大,但相对肠道细菌的功能类型要明显一点,其中相差最大的功能类型是外生菌根型,相差为 4.24%,这可能与肠道真菌功能类型较少有关。结合肠道微生物组成和结构来看,虽然两种叶甲的肠道微生物在组成和结构上有相对较为明显的差别,但在功能上更趋于一致。

本研究揭示了两种茶园叶甲害虫柳蓝叶甲和蓝胸圆肩叶甲肠道微生物的组成和功能。两种叶甲的肠道细菌主要由变形菌门和厚壁菌门组成,肠杆菌属、内共生体、螺原体属、乳球菌属和克吕沃尔氏菌属是主要优势属,但两个种的优势属各有不同。两种叶甲的肠道细菌多样性无显著差异,但它们的群落结构差异显著。两种叶甲的肠道真菌主要由子囊菌门和担子菌门组成,枝孢霉属、镰刀菌属、青霉属、曲霉属、亚隔孢壳属、篮状菌属、被孢霉属是主要优势属,但两个种的优势属也有差别。两种叶甲的肠道真菌组成和结构高度相似,多样性和群落结构均无显著差异。肠道细菌和真菌的共有类群构成了肠道微生物的主体部分。同时,两种叶甲的肠道细菌和真菌的功能类型相差不大。此外,本研究只研究了一个采样地的两种叶甲,对茶园叶甲肠道微生物的了解仍不够深入,通过扩展不同区域茶园的更多样本进行研究,进一步明确茶园叶甲肠道微生物的组成和功能特征并探索与宿主的相互作用,将为茶园叶甲害虫的生物防治提供一定的参考价值。

参考文献 (References)

- An YQ, Braga MP, Garcia SL, Grudzinska-Sterno M, Hambäck PA, 2023. Host phylogeny structures the gut bacterial community within *Galerucella* leaf beetles. *Microbial Ecology*, 86(4): 2477–2487.

- An Y, Garcia SL, Hambäck PA, 2025. Microbial transfer through fecal strings on eggs affects leaf beetle microbiome dynamics. *mSystems*, 10(6): e0172324.
- Brunetti M, Magoga G, Gionechetti F, De Biase A, Montagna M, 2022. Does diet breadth affect the complexity of the phytophagous insect microbiota? The case study of Chrysomelidae. *Environmental Microbiology*, 24(8): 3565–3579.
- Chen Y, Wang K, Zhong T, Dong HY, Liu PB, 2024. Population dynamics and spatial distribution of adult *Monolepta hieroglyphica* in corn fields of Shenyang region. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 61(5): 1114–1121. [陈彦, 王凯, 钟涛, 董怀玉, 刘培斌, 2024. 沈阳地区玉米田双斑长跗萤叶甲成虫的种群消长动态和空间分布. *应用昆虫学报*, 61(5): 1114–1121.]
- Dai X, 2010. A study on the species and geographical distribution of tea pests in Guizhou. *Guizhou Tea*, 2010(2): 21–35. [戴轩, 2010. 贵州茶树害虫种类及地理分布的研究. *贵州茶叶*, 2010(2): 21–35.]
- Douglas AE, 2015. Multiorganismal insects: Diversity and function of resident microorganisms. *Annual Review of Entomology*, 60: 17–34.
- Douglas AE, 2018. Gut microbes alter the walking activity of fruit flies. *Nature*, 563(7731): 331–332.
- Douglas GM, Beiko RG, Langille MGI, 2018. Predicting the functional potential of the microbiome from marker genes using PICRUSt. *Methods in Molecular Biology*, 1849: 169–177.
- Engel P, Moran NA, 2013. The gut microbiota of insects—diversity in structure and function. *FEMS Microbiology Reviews*, 37(5): 699–735.
- Fu NX, Luo ZX, Li ZQ, Bian L, Xiu CL, Zhou L, Chen ZM, Cai XM, 2025. Morphological characteristics and bionomics of *Myllocerinus aurolineatus*. *Acta Entomologica Sinica*, 68(2): 174–183. [付楠霞, 罗宗秀, 李兆群, 边磊, 修春丽, 周利, 陈宗懋, 蔡晓明, 2025. 茶丽纹象甲形态特征及生物学特性研究. *昆虫学报*, 68(2): 174–183.]
- Gao G, Gao J, Hao C, Dai L, Chen H, 2018. Biodiversity and activity of gut fungal communities across the life history of *Trypophloeus klimeschi* (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae). *International Journal of Molecular Sciences*, 19(7): 2010.
- Ge SQ, Mauro D, Lopatin IK, Cui JZ, Li WZ, Yang XK, 2012. A new genus and two new species of Chrysomelinae (Coleoptera: Chrysomelidae). *Entomotaxonomia*, 34(4): 633–640. [葛斯琴, Daccordi Mauro, Lopatin Igor K, 崔俊芝, 李文柱, 杨星科, 2012. 叶甲亚科一新属及两新种记述(鞘翅目: 叶甲科). *昆虫分类学报*, 34(4): 633–640.]
- Guo QQ, 2011. Occurrence patterns and control measures of common diseases and pests in tea plantations of Shiqian County. *Plant Doctor*, 24(5): 24–26. [郭启琼, 2011. 石阡县茶园常见病虫害发生规律及防治措施. *植物医生*, 24(5): 24–26.]
- Hu LQ, Peng JQ, Chen L, Liu WW, Feng RZ, Zhou WH, Wei Q, Qin XH, Zha LP, 2023. Diversity and functional strain screening of intestinal bacteria in *Chalcolema cribrata* (Coleoptera: Chrysomelidae). *Journal of Yibin University*, 24(6): 102–108. [胡连清, 彭俊琪, 陈露, 刘雯雯, 冯瑞章, 周万海, 魏琴, 秦晓红, 查黎萍, 2023. 绿樟肖叶甲肠道细菌多样性分析及功能菌株的筛选. *宜宾学院学报*, 24(6): 102–108.]
- Kim JM, Choi MY, Kim JW, Lee SA, Ahn JH, Song J, Kim SH, Weon HY, 2017. Effects of diet type, developmental stage, and gut compartment in the gut bacterial communities of two Cerambycidae species (Coleoptera). *Journal of Microbiology*, 55(1): 21–30.
- Kuang FP, Lü BQ, Li JH, Lu H, Tang JH, Zhang QK, Yang F, 2023. Morphological and molecular identification of four species of palm leaf-eating beetles. *Plant Quarantine*, 37(5): 34–40. [匡富萍, 吕宝乾, 李加慧, 卢辉, 唐继洪, 张起恺, 杨帆, 2023. 4种棕榈食叶甲虫的形态及分子鉴定. *植物检疫*, 37(5): 34–40.]
- Li XB, Chen DY, Wen DG, Chen L, Jian HF, 2014. Preliminary investigation on pests in sinan tea plantation. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 42(21): 7084–7086. [李贤碧, 陈德银, 文定刚, 陈磊, 简红飞, 2014. 思南茶园害虫初步调查. *安徽农业科学*, 42(21): 7084–7086.]
- Lin W, Lin J, Lin CZ, 2021. Occurrence, damage characteristics, and green control techniques of *Myllocerinus aurolineatus* in fu'an tea plantations. *Farmers' Consultant*, 2021(12): 54–55. [林武, 林杰, 林长征, 2021. 福安茶园茶丽纹象甲的发生为害特点与绿色防控技术. *农家参谋*, 2021(12): 54–55.]
- Liu Q, Jia Y, Li Y, Geng S, Yu Y, Wang Z, Wang X, Fu N, Zeng J, Su X, Li H, Wang H, 2025. Potential functions and transmission dynamics of fungi associated with *Anoplophora glabripennis* across different life stages, between sexes, and between habitats. *Insects*, 16(3): 273.
- Ma M, Chen X, Li S, Luo J, Han R, Xu L, 2023. Composition and diversity of gut bacterial community in different life stages of a leaf beetle *Gastrolina depressa*. *Microbial Ecology*, 86(1): 590–600.
- Mason CJ, Jones AG, Felton GW, 2019. Co-option of microbial associates by insects and their impact on plant-folivore interactions. *Plant Cell Environment*, 42(3): 1078–1086.
- Mo LX, Liang ML, Zheng XL, Lyu J, Lu W, 2014. Faunal analysis of Coleoptera insects in the Fangcheng Golden Camellia Nature Reserve of Guangxi. *Guangxi Plant Protection*, 27(3): 1–7. [莫

- 璐瑕, 梁敏利, 郑霞林, 吕健, 陆温, 2014. 广西防城金花茶自然保护区的鞘翅目昆虫区系分析. *广西植保*, 27(3): 1–7.]
- Mo W, Wu GL, Zhang N, Zhu ZM, Li JM, Lin AC, 2023. Insect diversity and pest occurrence patterns in tea plantations of Pu'an County. *Hubei Plant Protection*, 2023(4): 44–48, 51. [莫畏, 吴贵丽, 张娜, 朱正敏, 李玖美, 林爱纯, 2023. 普安县茶园昆虫多样性及害虫发生规律. *湖北植保*, 2023(4): 44–48, 51.]
- Nguyen NH, Song Z, Bates ST, Branco S, Tedersoo L, Menke J, Schilling JS, Kennedy PG, 2016. FUNGuild: An open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 20: 241–248.
- Niu YC, Cui LX, Ding L, 2022. Study on diversity and function of midgut bacteria in larvae of *Podagricomela nigricollis* (Coleoptera: Chrysomelidae). *Jiangsu Agricultural Sciences*, 50(23): 110–115. [牛莹超, 崔立星, 丁露, 2022. 柑橘潜叶甲幼虫中肠细菌的多样性及功能分析. *江苏农业科学*, 50(23): 110–115.]
- Parks DH, Tyson GW, Hugenholtz P, Beiko RG, 2014. STAMP: Statistical analysis of taxonomic and functional profiles. *Bioinformatics*, 30(21): 3123–3124.
- Song AR, He C, Wang XP, Zhang YJ, Zhang TT, 2025. Effects of maize-legume intercropping on the growth and population dynamics of *Monolepta hieroglyphica*. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 62(3): 626–637. [宋傲然, 何灿, 王秀平, 张永军, 张天涛, 2025. 玉米-豆类间作对双斑长跗蚧叶甲生长与种群动态的影响. *应用昆虫学报*, 62(3): 626–637.]
- Wang M, He H, Zhang YS, Xiao M, Wei ZZ, Guo JW, Chen S, Chen QD, Xiao JX, Wang DN, Wang GX, 2024. Study on the diversity of intestinal microbiota in *Gastrophysa atrocyanea*. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 61(5): 1081–1090. [王毛, 贺宏, 张云书, 肖敏, 魏真真, 郭静微, 陈松, 陈庆东, 肖金鑫, 汪东宁, 王光旭, 2024. 蓼蓝齿胫叶甲肠道微生物多样性研究. *应用昆虫学报*, 61(5): 1081–1090.]
- Wang P, Bin X, Xiang X, Wan X, 2025. Diversity and metabolic potential of gut bacteria in *Dorcus hopei* (Coleoptera: Lucanidae): Influence of fungus and rotten wood diets. *Microorganisms*, 13(7): 1692.
- Wang RJ, Li HL, Gao XF, 2018. Identification of defense mechanism-related enzyme genes in tea plants induced by *Mylocerinus aurolineatus* infestation. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 32(12): 2313–2325. [王让剑, 李慧玲, 高香凤, 2018. 茶丽纹象甲危害诱导的茶树防御机制相关酶基因发掘. *核农学报*, 32(12): 2313–2325.]
- Wang Z, Wang Y, Zhu F, Zhang TM, Wang ZX, Yang GD, 2013. Investigation on pest species and control techniques in tianba tea plantation of Zunyi City, Guizhou Province. *Journal of Agricultural Catastrophology*, 3(4): 18–21. [王志, 汪勇, 朱飞, 张天明, 王章学, 杨光德, 2013. 贵州省遵义市田坝茶园害虫种类调查及防控技术研究. *农业灾害研究*, 3(4): 18–21.]
- Wei J, Zhang L, Mi J, Wei J, Luo Q, Lu L, Yan Y, 2025. Chemical composition and inhibitory effect of *Lycium barbarum* L. bud tea and leaf tea on pancreatic lipase and α -amylase activity. *Foods*, 14(18): 3167.
- Wielkopolan B, Krawczyk K, Szabelska-Beręsewicz A, Obrępańska-Stęplowska A, 2021. The structure of the cereal leaf beetle (*Oulema melanopus*) microbiome depends on the insect's developmental stage, host plant, and origin. *Scientific Reports*, 11(1): 20496.
- Xia X, Gurr GM, Vasseur L, Zheng D, Zhong H, Qin B, Lin J, Wang Y, Song F, Li Y, Lin H, You M, 2017. Metagenomic sequencing of diamondback moth gut microbiome unveils key holobiont adaptations for herbivory. *Frontiers in Microbiology*, 8: 663.
- Zhang YL, Lü BQ, Yang F, 2021. Isolation, identification and functional analysis of intestinal microorganisms of *Brontispa longissimi* Gestro. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 42(4): 1066–1070. [章雨露, 吕宝乾, 杨帆, 2021. 椰心叶甲肠道微生物的分离鉴定及功能分析. *热带作物学报*, 42(4): 1066–1070.]
- Zhang YP, Pan ZP, Yu XQ, Huang SH, Li CY, Liao ZX, Su XN, 2025. Research advances in the biology, ecology, and control of *Basilepta melanopus*. *Journal of Environmental Entomology*, 47(3): 1–10. [章玉萍, 潘志萍, 余小强, 黄少华, 李传瑛, 廖章轩, 苏湘宁, 2025. 茶角胸叶甲生物学生态学及防治研究进展. *环境昆虫学报*, 47(3): 1–10.]
- Zhu CH, Chen DS, 2014. Occurrence and control techniques of major tea pests. *Beijing Agriculture*, 2014(33): 148–149. [朱常华, 陈冬松, 2014. 茶树主要害虫的发生与防治技术. *北京农业*, 2014(33): 148–149.]