

光肩星天牛蛀道微生物因子分析

简椿城, 王敦*

(西北农林科技大学昆虫学研究所 杨陵 712100)

摘要:【目的】光肩星天牛 (*Anoplophora glabripennis*) 幼虫蛀食树木产生的蛀道环境中存在着丰富的微生物群落, 本研究对来自四种不同寄主树种的光肩星天牛幼虫蛀道样本进行微生物因子分析, 为定位对光肩星天牛幼虫阶段的有关键影响的微生物打下基础。【方法】分别从复叶槭 (*Acer negundo*, A 组)、白杨 (*Populus tomentosa*, P 组)、榆树 (*Ulmus pumila*, U 组)、旱柳 (*Salix matsudana*, S 组) 四种寄主树种中采集了光肩星天牛幼虫蛀道样本, 将样本进行对真菌 (ITS) 和细菌及放线菌 (16s rRNA) 的高通量测序, 并分别接种在 PDA、NA、高氏 1 号培养基上进行分离培养和鉴定。【结果】1) 在门水平上, 不同树种天牛蛀道真菌群落间的组成差异不大, 均是子囊菌门 (Ascomycota) 和担子菌门 (Basidiomycota) 的相对丰度最高。肉座菌目 (Hypocreales) 为四种树种共有的优势目。属水平上 A、P、U、S 组的真菌多样性依次增加, 镰刀菌属 (*Fusarium*) 为 S 组和 U 组的天牛蛀道中相对丰度最高的属, 在 A 组和 P 组中也有较高的相对丰度。2) 门水平上不同树种天牛蛀道细菌群落组成相似, 变形菌门 (Pseudomonadota) 和拟杆菌门 (Bacteroidota) 均为四种树种的优势门类。属水平上四种树种的细菌组成体现了丰富的多样性, 除鞘氨醇杆菌属 (*Sphingobacterium*)、副球菌属 (*Paracoccus*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 在四种树种中均有较高的相对丰度之外, 其余属类组成差异很大。3) 真菌分离结果中, 肉座菌目 (Hypocreales) 和散囊菌目 (Eurotiales) 均为四种树种的优势目, 镰孢菌属 (*Fusarium*) 和腐皮镰孢菌 (*Fusarium solani*) 均分别为四种树种的优势属和种, 这与高通量测序的结果一致。4) 细菌分离结果中, 生丝微菌目 (Hyphomicrobiales)、肠杆菌目 (Enterobacterales)、鞘脂杆菌目 (Sphingobacteriales) 为四种树种共有的目, 布鲁氏菌属 (*Brucella*) 为四种树种样本均分离出的属。不同组的优势科类不同, 从 P 组分离的细菌多样性和丰富度显著高于其他三个树种。[结论] 不同树种的天牛蛀道真菌组成较为统一, 细菌组成差异较大。推测镰孢菌属 (*Fusarium*) 真菌、鞘氨醇杆菌属 (*Sphingobacterium*)、副球菌属 (*Paracoccus*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 的细菌或为有助于光肩星天牛幼虫适应多种寄主的关键微生物, 真菌的 *Triadelphia* 属和平脐蠕孢属 (*Bipolaris*), 细菌的 *GKS98_freshwater_group* 属、*Gemmobacter* 属、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、*Proteiniphilum* 属和 *Dsgonomonas* 属或对光肩星天牛幼虫适应特定寄主有重要影响。

关键词: 光肩星天牛; 天牛蛀道; 环境微生物; 高通量测序; 微生物群落组成