

引用格式:

张诗晟, 蔡海林, 张潇筱, 杨中侠. 湖南常德地区草地贪夜蛾肠道细菌的鉴定及其寄主分析[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2020, 46(3): 319–323.

ZHANG S S, CAI H L, ZHANG X X, YANG Z X. Identification of the intestinal bacteria in *Spodoptera frugiperda* collected from Changde area and analysis of potential host plants[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2020, 46(3): 319–323.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



湖南常德地区草地贪夜蛾肠道细菌的鉴定及其寄主分析

张诗晟^{1,2}, 蔡海林³, 张潇筱^{1,2}, 杨中侠^{1,2*}

(1.湖南农业大学植物保护学院, 湖南 长沙 410128; 2.植物病虫害生物学与防控湖南省重点实验室, 湖南 长沙 410128; 3.湖南省烟草公司长沙市公司, 湖南 长沙 410011)

摘 要: 对湖南常德地区草地贪夜蛾(*Spodoptera frugiperda*)幼虫的肠道细菌进行分离培养, 结合 16S rDNA 测序, 共分离得到 11 个细菌分离株, 分别归为肠杆菌属(*Enterobacter*)、泛菌属(*Pantoea*)、莱略特氏菌属(*Lelliottia*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、克雷伯氏菌属(*Klebsiella*)5 个属, 与分离自玉米粘虫(*Mythimna separata*)幼虫肠道细菌归属的肠杆菌属、芽孢杆菌属及克雷伯氏菌属在种类上相似; 发现草地贪夜蛾幼虫在玉米、豇豆、辣椒和甘蓝等植物上均可存活, 存活率分别为 70%、50%、17%和 10%, 这些植物可能是湖南地区的潜在寄主。

关 键 词: 草地贪夜蛾; 玉米粘虫; 肠道细菌; 鉴定; 寄主植物; 湖南常德

中图分类号: Q969.436.4 文献标志码: A 文章编号: 1007-1032(2020)03-0319-05

Identification of the intestinal bacteria in *Spodoptera frugiperda* collected from Changde area and analysis of potential host plants

ZHANG Shisheng^{1,2}, CAI Hailin³, ZHANG Xiaoxiao^{1,2}, YANG Zhongxia^{1,2*}

(1.College of Plant Protection, Hunan Agricultural University, Changsha Hunan,410128, China; 2.Hunan Provincial Key Laboratory for Biology and Control of Plant Diseases and Insect Pests, Changsha Hunan 410128, China; 3.Changsha Branch of Hunan Tobacco Company, Changsha Hunan 410011,China)

Abstract: The intestinal bacteria of larvae in *Spodoptera frugiperda*(*S. frugiperda*), that migrated in Changde area Hunan province, were isolated by traditional culture method and identified by 16S rDNA. In total, 11 strains of bacteria were obtained, belonging to genus of *Enterobacter*, *Pantoea*, *Lelliottia*, *Bacillus* and *Klebsiella*. *Enterobacter*, *Bacillus* and *Klebsiella* identified from *S. frugiperda* are similar to the same genus isolated from the gut of larvae in *Mythimna separata*. *S. frugiperda* could survive in *Zea mays*, *Vigna unguiculate*, *Capsicum annuum* and *Brassica oleracea*, and the larval survival rates of *S. frugiperda* are 70%, 50%, 17%, 10%, respectively. These plants could be the potential hosts of *S. frugiperda* in Hunan province.

Keywords: *Spodoptera frugiperda*; *Mythimna separate*; intestinal bacteria; identification; host plant; Changde area of Hunan

草地贪夜蛾(*Spodoptera frugiperda*(Smith))属鳞翅目(Lepidoptera)、夜蛾科(Noctuidae), 原产美洲, 为害包括禾本科、豆科在内的 76 科 353 种植物^[1-2]。该虫于 2019 年 1 月入侵中国云南省, 至 10 月已扩

收稿日期: 2020-02-10

修回日期: 2020-03-21

基金项目: 长沙市科技局项目(2018-2060705)

作者简介: 张诗晟(1996—), 女, 湖南常德人, 硕士研究生, 主要从事昆虫肠道微生物学研究, 913979472@qq.com; *通信作者, 杨中侠, 博士, 教授, 主要从事害虫抗性研究, zhongxiayang@hunau.edu.cn

散至 26 个省、市(自治区),危害面积超过 100 万 hm^2 , 并呈持续扩散的趋势^[3-5]。草地贪夜蛾因取食寄主植物的不同,分化出玉米型和水稻型 2 种亚型。玉米型草地贪夜蛾偏向取食玉米、花生等,水稻型则偏向取食水稻和各种牧草等^[6-7]。据预测,草地贪夜蛾为害造成中国玉米的潜在经济损失总量约为 374.77~3 306.35 亿元^[8]。目前暂未发现入侵的水稻型草地贪夜蛾^[9]。

顾诺铨等^[10]和唐运林等^[11]发现,重庆不同地区草地贪夜蛾肠道细菌的种类和结构有差异;徐天梅等^[12]发现,采自云南两个不同地区的草地贪夜蛾肠道不可培养细菌种类的优势菌属种类却有一定的相似性。

笔者对采自湖南常德地区的草地贪夜蛾幼虫肠道细菌进行鉴定,并将其与玉米粘虫幼虫肠道细菌进行了比较。观察草地贪夜蛾幼虫在玉米、辣椒、甘蓝及豇豆几种植物上的存活率,探讨其对寄主植物的潜在危害性,以期为防控草地贪夜蛾提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

2019 年 5 月,在湖南常德田间玉米地,采集 4 龄草地贪夜蛾幼虫,在长沙采集玉米粘虫幼虫,于实验室内以嫩玉米饲喂。

1.2 方法

1.2.1 草地贪夜蛾和玉米粘虫肠道细菌的分离纯化

取草地贪夜蛾和玉米粘虫 4 龄幼虫各 15 头,禁食 24 h 后,于超净工作台内用 75 %的乙醇浸泡 2 min,以二次灭菌纯水漂洗 2 次。使用解剖刀取出幼虫肠道组织,放入盛有 200 μL PBS 溶液的灭菌塑料离心管(1.5 mL)中,用灭菌研棒研磨成匀浆液,补足至 1 mL。

为使肠壁上的细菌可以充分释放到匀浆液中,将组织匀浆液于 37 $^{\circ}\text{C}$ 下静置 1 h,根据预试验结果,将其连续稀释 10^2 、 10^3 、 10^4 倍,每个平板加入 100 μL 稀释液。参照文献^[13]研究方法并加以改进,在

LB、NA、EC、SS、PDA 培养基^[14]培养,每种培养基空白对照涂布 PBS 溶液。于 37 $^{\circ}\text{C}$ 黑暗培养 24~48 h,依据细菌基础形态学特征,分离细菌菌落,并对单个菌落进行纯化。

1.2.2 草地贪夜蛾和玉米粘虫肠道细菌 16S rDNA 鉴定

将分离得到的细菌单菌落进行菌液 PCR 扩增。扩增使用 16S rDNA 通用引物 27F,序列为 5'-AGAGTTTGTATCCTGGCTCAG-3'及 1492R:5'-GGCTACCTTGTTACGACTT-3'^[15]。PCR 反应条件为:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 10 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 1 min;53 $^{\circ}\text{C}$ 退火 45 s;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min;循环 30 次;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。扩增产物使用试剂盒进行 DNA 胶回收(OMEGA: Gel Extraction Kit);将胶回收的产物连接至 T 载体,并与感受态细菌进行扩增后送上海生物工程有限公司测序。序列于 NCBI(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)上进行比对以确定细菌种类。

1.2.3 草地贪夜蛾幼虫在寄主植物上的存活情况

取草地贪夜蛾同日龄卵,待其孵化为幼虫后,于玉米叶上饲养至 3 龄,各取 30 头,分别放入有嫩玉米、辣椒、豇豆及甘蓝叶片的器皿中饲养,每日清理并更换植物,饲养至化蛹。老熟幼虫化蛹后,及时收集蛹。观察幼虫的存活率、发育状况及发育历期。

1.3 数据处理

使用 Microsoft Excel 2019 对数据进行分析。

2 结果与分析

2.1 草地贪夜蛾肠道细菌的鉴定结果

将草地贪夜蛾幼虫的肠道提取物用 5 种培养基培养,得到了 11 株细菌,经 16S rDNA 分子鉴定,归属于肠杆菌属、泛菌属、莱略特氏菌属、芽孢杆菌属、克雷伯氏菌属 5 个属;将玉米粘虫幼虫的肠道提取物培养后,得到了 10 株细菌,归属于肠杆菌属、克雷伯氏菌属、芽孢杆菌属、肠球菌属、戴尔福特菌属 5 个属(表 1)。

表 1 不同培养基下草地贪夜蛾与玉米粘虫的肠道细菌可培养种类

Table 1 Intestinal bacteria identified in larvae gut of <i>Spodoptera frugiperda</i> and <i>Mythimna separate</i>				
属	最相似细菌名称	登录号	培养基类型	
			草地贪夜蛾	玉米粘虫
克雷伯氏菌属(<i>Klebsiella</i>)	佛里德兰德氏杆菌(<i>Klebsiella pneumoniae</i>)	JF772079.1	SS	PDA
	克雷伯氏菌(<i>Klebsiella</i> sp.)	KJ950285.1	EC、PDA	PDA
	变栖克雷伯氏菌(<i>Klebsiella variicola</i>)	CP013985.1	EC、PDA	—
肠杆菌属(<i>Enterobacter</i>)	肠杆菌(<i>Enterobacter</i> sp.)	KU307447.1	LB、NA、SS、PDA	NA、SS、PDA
	阴沟肠杆菌(<i>Enterobacter cloacae</i>)	MK116463.1	EC	—
	霍氏肠杆菌(<i>Enterobacter hormaechei</i>)	CP031565.1	—	SS
	阿氏肠杆菌(<i>Enterobacter asburiae</i>)	AP019632.1	NA、SS、PDA	LB、SS
	神户肠杆菌(<i>Enterobacter kobei</i>)	CP032897.1	LB	—
	生癌肠杆菌(<i>Enterobacter cancerogenus</i>)	CP025225.1	LB、NA、EC	SS、PDA
	戴尔福特菌属(<i>Delftia</i>)	戴尔福特菌(<i>Delftia tsuruhatensis</i>)	CP017420.1	—
莱略特氏菌属(<i>Lelliottia</i>)	莱略特氏菌(<i>Lelliottia nimipressuralis</i>)	CP025034.2	NA	—
泛菌属(<i>Pantoea</i>)	泛菌(<i>Pantoea</i> sp.)	GU140078.1	LB	—
芽孢杆菌属(<i>Bacillus</i>)	蜡样芽孢杆菌(<i>Bacillus cereus</i>)	CP029454.1	—	NA
	芽孢杆菌(<i>Bacillus</i> sp.)	KC466229.1	NA	—
	苏云金芽孢杆菌(<i>Bacillus thuringiensis</i>)	CP015150.1	—	SS
肠球菌属(<i>Enterococcus</i>)	蒙氏肠球菌(<i>Enterococcus mundtii</i>)	CP029066.1	—	NA

“—”代表培养基未培养出此菌株。

草地贪夜蛾肠道细菌分别为肠杆菌属(*Enterobacter*)神户肠杆菌(*Enterobacter kobei*)、肠杆菌(*Enterobacter* sp.)、阴沟肠杆菌(*Enterobacter cloacae*)、阿氏肠杆菌(*Enterobacter asburiae*)、生癌肠杆菌(*Enterobacter cancerogenus*) 泛菌属(*Pantoea*) 泛菌(*Pantoea* sp.)；莱略特氏菌属(*Lelliottia*)莱略特氏菌(*Lelliottia nimipressuralis*) 芽孢杆菌属(*Bacillus*)芽孢杆菌(*Bacillus* sp.)及克雷伯氏菌属(*Klebsiella*)克雷伯氏菌(*Klebsiella* sp.)、变栖克雷伯氏菌(*Klebsiella variicola*)、佛里德兰德氏杆菌(*Klebsiella pneumoniae*)。NA 培养基培养的细菌种类多于其他培养基的。

玉米粘虫幼虫肠道细菌分别为肠杆菌属肠杆菌(*Enterobacter* sp.)、阿氏肠杆菌、生癌肠杆菌、霍氏肠杆菌(*Enterobacter hormaechei*)；克雷伯氏菌属克雷伯氏菌、佛里德兰德氏杆菌；芽孢杆菌属蜡样芽孢杆菌(*Bacillus cereus*)、苏云金杆菌(*Bacillus thuringiensis*)；肠球菌属(*Enterococcus*)蒙氏肠球菌(*Enterococcus mundtii*)；戴尔福特菌属(*Delftia*)戴尔福特菌(*Delftia tsuruhatensis*)。SS 培养基培养的细菌种类多于其他培养基的。EC 培养基培养未得到玉米粘虫肠道细菌。

草地贪夜蛾幼虫肠道细菌与玉米粘虫的相比，在门以及属分类组成上比较相似，均有肠杆菌属、克雷伯氏菌属和芽孢杆菌属，且优势种均为肠杆菌属(图 1)，但可培养细菌的优势属有差异：莱略特氏菌属与泛菌属仅在草地贪夜蛾幼虫肠道中提取得到，肠球菌属与戴尔福特菌属仅在玉米粘虫幼虫肠道中提取得到。

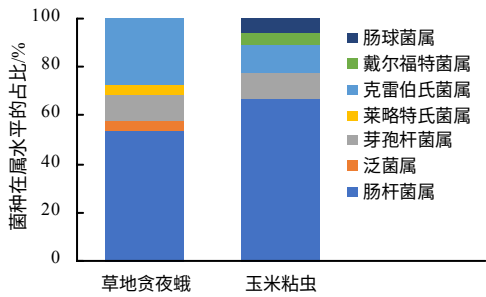


图 1 草贪夜蛾和玉米粘虫幼虫肠道细菌菌属占比
Fig.1 The proportion of intestinal bacteria in larvae gut of *Spodoptera frugiperda* and *Mythimna separate*

2.2 草地贪夜蛾幼虫在不同植物上的存活率

观察发现，玉米是常德草地贪夜蛾幼虫的主要寄主。草地贪夜蛾幼虫在玉米植株上的存活率约为 70%；在豇豆上的存活率约为 50%；在辣椒和甘蓝植株上仅有少数能够存活，幼虫存活率分别仅为 17%和 10%(图 2)。

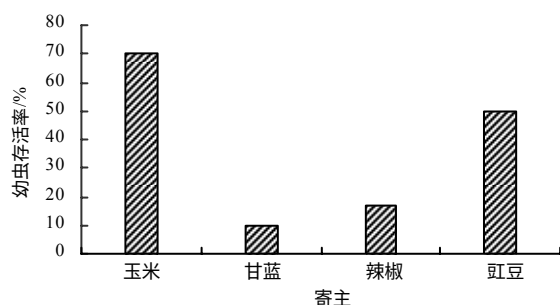


图 2 草地贪夜蛾幼虫在寄主植物上的存活率

Fig.2 Larval survival rate of *Spodoptera frugiperda*

3 结论与讨论

昆虫肠道微生物种类和功能因食物、生存环境、地理位置及气候的不同而有差异,处于相同地域、取食同种食物的不同种昆虫之间的肠道微生物也会存在较大差异^[16-20]。不同地区的同种昆虫肠道微生物的种类与结构也可能有较高的相似性^[12]。

将常德地区草地贪夜蛾肠道细菌种类与重庆江津地区草地贪夜蛾肠道细菌的进行比较,发现常德种群中培养得到了重庆种群中所未培养得到的克雷伯氏菌属、泛菌属及莱略特氏菌属;常德种群未培养得到重庆种群中的不动杆菌属(*Acinetobacter*)、欧文氏菌属(*Erwinia*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*);2个种群均培养得到了肠杆菌属。这可能与使用的培养基有关,重庆种群培养仅使用 LB 培养基,而本研究使用了 LB、NA、EC、SS、PDA5 种培养基,因而多分离出几种菌属。

将常德草地贪夜蛾肠道细菌与云南省蒙自地区草地贪夜蛾肠道细菌^[21]作比较,发现 2 种群均可培养得到克雷伯氏菌属;但常德种群培养得到了云南种群所未检测到的莱略特氏菌属、泛菌属与芽孢杆菌属;未提取到肠球菌属、沙雷氏菌属(*Serratia*)及摩根菌属(*Morganella*)。由此可见,不同地区草地贪夜蛾肠道微生物的种类差异较大,这种差异可能与肠道细菌鉴定方法及草地贪夜蛾的生存环境有关。

有研究表明,采自同一地区、取食同种寄主(玉米)的鳞翅目昆虫,幼虫的肠道微生物的可培养细菌优势属相同,尽管菌种稍有差异,但菌群组成相似度却很高,推测与其取食食料相似以及均归属于鳞翅目有关^[22]。本研究发现,采自不同地区的玉米粘虫(长沙)与草地贪夜蛾(常德)幼虫,可培养的肠道微生物种类呈一定的相似性,均可培养得到生癌肠杆菌、佛里德兰德氏杆菌、阿氏肠杆菌、肠杆菌和克

雷伯氏菌,推测其与草地贪夜蛾和玉米粘虫取食相同寄主及同属于相同的目和科有关。

本研究发现,草地贪夜蛾幼虫在玉米、豇豆、甘蓝、辣椒上均可存活,在玉米上的存活率最高,可达 70%;在豇豆上幼虫存活率约为 50%,表明其在豇豆上也能正常发育,推测豇豆是草地贪夜蛾的潜在寄主。最近的研究^[23]表明,草地贪夜蛾已在浙江为害甘蓝。从本研究的结果来看,甘蓝也是湖南草地贪夜蛾的潜在寄主。

参考文献:

- [1] 吴正伟,师沛琼,曾永辉,等. 3 种寄主植物饲养的草地贪夜蛾种群生命表[J]. 植物保护, 2019, 45(6): 59-64.
WU Z W, SHI P Q, ZENG Y H, et al. Population life tables of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) fed on three host plants[J]. Plant Protection, 2019, 45(6): 59-64.
- [2] MONTEZANO D. Host plants of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in the Americas[J]. African Entomology, 2018, 26(2): 286-300.
- [3] 姜玉英,刘杰,谢茂昌,等. 2019 年我国草地贪夜蛾扩散为害规律观测[J]. 植物保护, 2019, 45(6): 10-19.
JIANG Y Y, LIU J, XIE M C, et al. Observation on law of diffusion damage of *Spodoptera frugiperda* in China in 2019[J]. Plant Protection, 2019, 45(6): 10-19.
- [4] 吴秋琳,姜玉英,吴孔明. 草地贪夜蛾缅甸虫源迁入中国的路径分析[J]. 植物保护, 2019, 45(2): 1-6.
WU Q L, JIANG Y Y, WU K M. Analysis of migration routes of the fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) from Myanmar to China[J]. Plant Protection, 2019, 45(2): 1-6.
- [5] ETOKSTAD E. New crop pest takes Africa at lightning speed[J]. Science, 2017, 356: 473-474.
- [6] PASHLEY D P, MARTIN J A. Reproductive incompatibility between host strains of the fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae)[J]. Annals of the Entomological Society of America, 1987, 80(6): 731-733.
- [7] 张磊,柳贝,姜玉英,等. 中国不同地区草地贪夜蛾种群生物型分子特征分析[J]. 植物保护, 2019, 45(4): 20-27.
ZHANG L, LIU B, JIANG Y Y, et al. Molecular characterization analysis of fall armyworm populations in China[J]. Plant Protection, 2019, 45(4): 20-27.
- [8] 秦誉嘉,杨冬才,康德琳,等. 草地贪夜蛾对我国玉米产业的潜在经济损失评估[J]. 植物保护, 2019(6): 1-6.

- QIN Y J, YANG D C, KANG D L, et al. Potential economic loss assessment of maize industry caused by fall armyworm(*Spodoptera frugiperda*) in China[J]. Plant Protection, 2019(6): 1–6.
- [9] 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.
- ZHANG L, JIN M H, ZHANG D D, et al. Molecular identification of invasive fall armyworm *Spodoptera frugiperda* in Yunnan province[J]. Plant Protection, 2019, 45(2): 19–24.
- [10] 顾佑铨, 唐运林, 吴燕燕, 等. 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[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2019, 41(8): 6–13.
- GU R C, TANG Y L, WU Y Y, et al. Comparison of gut bacteria between *Spodoptera frugiperda* and *Mythimna separate* feeding on sorghum in Chongqing area[J]. Journal of Southwest University(Natural Science Edition), 2019, 41(8): 6–13.
- [11] 唐运林, 吴燕燕, 顾佑铨, 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.
- TANG Y L, WU Y Y, GU R C, et al. Isolation and identification of gut bacteria of *Spodoptera frugiperda* that migrated to Chongqing area[J]. Journal of Southwest University(Natural Science Edition), 2019, 41(7): 8–14.
- [12] 徐天梅, 符成悦, 苏造堂, 等. 云南草地贪夜蛾扩散区与首发地种群肠道细菌群落组成结构及多样性的比较[J]. 植物保护, 2020(1): 1–12.
- XU T M, FU C Y, SU Z T, et al. Comparison and diversity of gut bacteria community of *Spodoptera frugiperda* from the first invasion site and the dispersal area in Yunnan province[J]. Plant Protection, 2020(1): 1–12.
- [13] XIA X F, ZHENG D D, ZHONG H Z, et al. DNA sequencing reveals the midgut microbiota of diamondback moth, *Plutella xylostella*(L.) and a possible relationship with insecticide resistance[J]. PLoS One, 2013, 8(7): e68852.
- [14] XIA X F, GURR G M, VASSEUR L, et al. Metagenomic sequencing of diamondback moth gut microbiome unveils key holobiont adaptations for herbivory[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 663.
- [15] WEISBURG W G, BARNS S M, PELLETIER D A, et al. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study[J]. Journal of Bacteriology, 1991, 173(2): 697–703.
- [16] 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]. Appl Environ Microbiol, 2007, 73(11): 3470–3479.
- [17] DOMINGO-SALVANY A, HARTNOLL R L, MAGUIRE A, et al. Analytical considerations in the use of capture-recapture to estimate prevalence: case studies of the estimation of opiate use in the metropolitan area of Barcelona, Spain[J]. American Journal of Epidemiology, 1998, 148(8): 732–740.
- [18] 高欢欢, 吕召云, 王咏梅, 等. 黑腹果蝇和斑翅果蝇肠道可培养的细菌多样性分析[J]. 中国农学通报, 2019, 35(9): 61–67.
- GAO H H, LYU Z Y, WANG Y M, et al. Diversity analysis of culturable bacteria in intestine of *Drosophila melanogaster* and *Drosophila suzukii*[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2019, 35(9): 61–67.
- [19] ZHAO Y, ZHANG S, LUO J Y, et al. Bacterial communities of the cotton aphid *Aphis gossypii* associated with Bt cotton in Northern China[J]. Scientific Reports, 2016, 6(1): 22958.
- [20] 王娇莉, 南小宁, 任争争, 等. 核桃举肢蛾和桃蛀螟幼虫肠道细菌多样性的 PCR-DGGE 和 T-RFLP 分析[J]. 林业科学, 2016, 52(6): 76–85.
- WANG J L, NAN X N, REN Z Z, et al. Diversity of intestinal bacteria communities from *Atrijuglans heteroheii*(Lepidoptera: Heliodinidae) and *Dichocrocis punctiferalis*(Lepidoptera: Pyralidae) larvae estimated by PCR-DGGE and T-RFLP analysis[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2016, 52(6): 76–85.
- [21] 李青晏, 唐运林, 蒋睿轩, 等. 云南地区草地贪夜蛾肠道细菌的分离及鉴定[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2020, 42(1): 1–8.
- LI Q Y, TANG Y L, JIANG R X, et al. Isolation and identification of gut bacteria of *Spodoptera frugiperda* feeding on maize in Yunnan, China[J]. Journal of Southwest University(Natural Science Edition), 2020, 42(1): 1–8.
- [22] 高珊珊. 三种鳞翅目玉米穗虫幼虫肠道细菌多样性研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2018.
- GAO S S. Diversity of intestinal bacteria in three Lepidopteran larvae damaging maize ears[D]. Taian, China: Shandong Agricultural University, 2018.
- [23] 刘银泉, 王雪倩, 钟宇巍. 草地贪夜蛾在浙江为害甘蓝[J]. 植物保护, 2019, 45(6): 90–91.
- LIU Y Q, WANG X Q, ZHONG Y W. Fall armyworm *Spodoptera frugiperda* feeding on cabbage in Zhejiang[J]. Plant Protection, 2019, 45(6): 90–91.

责任编辑: 罗慧敏

英文编辑: 罗维