主持人：韩　谦，刘萌萌　　Open Access

海南不同地区猪场蚊媒种类及其微生物宏基因组学的调查分析

向恒涛[#]，王金花[*]，曹起源，彭德顺，吴佩霏
（海南大学 热带农林学院，海南 海口 570228 中国）

摘　要：为了解海南省不同地区猪场蚊子种类及其携带病原微生物的情况，为猪场蚊媒疫病的科学防控提供可靠数据支持，本研究使用光触媒诱蚊灯在海南省白沙黎族自治县（BS）、定安县（DA）、乐东黎族自治县（LD）和文昌市（WC）等 4 个不同市县的猪场采集蚊子，通过形态学和 PCR 方法鉴定蚊媒种类，再通过宏基因组学测序方法分析蚊媒微生物群落构成及基因功能。研究结果显示，海南不同地区猪场的优势蚊种各不同，BS、DA、LD 和 WC 的优势蚊种分别为达氏按蚊（*Anopheles darlingi*）、白跗按蚊（*A. albitarsis*）、尖音库蚊（*Culex pipiens*）和三带喙库蚊（*C. tritaeniorhynchus*），占比分别为 58.43%、55.46%、88.65% 和 57.84%。经宏基因组学微生物测序分析，BS、LD、WC 等地区的蚊媒微生物在古细菌门水平上，广古菌门（Euryarchaeota）为优势门，而 DA 猪场的蚊媒优势门则为热古菌门（Candidatus Geothermarchaeota）；变形菌门（Proteobacteria）是 4 地区猪场蚊媒的优势细菌门；子囊菌门（Ascomycota）为 4 个地区蚊媒的优势真菌门；BS、DA 和 LD 的优势病毒门均为负链 RNA 病毒门（Negarnaviricota），而 WC 的优势病毒门为科萨特病毒门（Cossaviricota）。种水平上，毛肠短状螺旋体（*Brachyspira pilosicoli*）、布鲁氏菌（*Brucella melitensis*）、流产衣原体（*Chlamydia abortus*）、钩端螺旋体（*Leptospira interrogans*）和软骨滑液菌（*Waddlia chondrophila*）等细菌，枝顶孢霉（*Ovicillium asperulatum*）、土曲霉（*Aspergillus terreus*）和犬小孢子菌（*Microsporum canis*）等真菌以及埃及伊蚊病毒（*Aedes aegypti* anphevirus）和按蚊环状病毒（*Anopheles annulipes* orbivirus）等病毒对人和猪存在致病威胁。此外，海南不同地区猪场蚊媒的微生物在门水平上保持较高的稳定性，在种水平上呈现多样性，存在较高的致病风险。该研究结果为海南猪场的蚊媒及蚊媒疾病防控提供科学依据，同时为评估该地区蚊媒病在公共卫生中的威胁提供了基础数据。

关键词：蚊；宏基因组；微生物；猪场
中图分类号：R117　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1674 − 7054(2026)06 − 1120 − 11
向恒涛, 王金花, 曹起源, 等. 海南不同地区猪场蚊媒种类及其微生物宏基因组学的调查分析[J]. 热带生物学报 (中英文), 2026, 17(6): 1120−1130.　DOI: 10.15886/j.cnki.rdswxb.20250013　CSTR: 32425.14.j.cnki.rdswxb.20250013

蚊子（Diptera: Culicidae）作为全球范围内传播人类和动物病原体的重要媒介，对公共卫生和动物健康构成了重大威胁[1]。蚊子能够携带并传播多种病原体，包括疟原虫（*Plasmodium* spp.）[2]、班氏丝虫（*Wuchereria bancrofti*）、马来丝虫（*Brugia malayi*）[3]、乙型脑炎病毒（Japanese encephalitis virus, JEV）[4]、登革热病毒（Dengue virus, DENV）、寨卡病毒（Zika virus, ZIKV）[5]及基孔肯雅病毒（Chikungunya virus, CHIKV）[6]等。全球已知蚊子种类约 3 500 种，而在中国，已记录的种类超过 400 种[7]。在这些众多种类中，伊蚊属（*Aedes*）[8]、按蚊属（*Anopheles*）和库蚊属（*Culex*）因其在疾病传播中的显著作用而尤为重要[9]。

海南岛（18°10′—20°10′ N, 108°37′—111°03′ E）属于热带季风海洋性气候区[10]，全年高温高湿的气候条件为蚊子的繁殖提供了极为有利的环境[11]。蚊子的活动不仅通过叮咬吸血骚扰人类和动物，影响人类和动物的正常生活，还可通过传播疾病给生猪养殖产业带来重大经济损失[12]。蚊子体内寄居着众多共生微生物，包括细菌、真菌、古菌、

CC BY 4.0
收稿日期：2025−01−12　　**修回日期：**2025−05−18
基金项目：海南省重大科技计划项目（ZDKJ2021035）
[#]**第一作者：**向恒涛（1997—），男，海南大学热带农林学院 2022 级硕士研究生。E-mail: 1473500674@qq.com
[*]**通信作者：**王金花（1979—），女，副教授. 研究方向：热带动物医学媒介寄生虫病。E-mail: 505448533@qq.com

病毒及一些小型原生生物。这些微生物对蚊子的生理机能具有重要影响，它们协助蚊子进行食物消化，供应必需的营养，提升宿主的免疫功能和解毒能力，并对蚊子的生长、寿命及繁殖行为产生影响[13]。微生物与蚊子之间的复杂交互是科研的重点领域之一。然而，关于海南岛猪场蚊子共生微生物的研究相对较少。

宏基因组学技术为研究昆虫共生微生物群落提供了一种无需培养的方法，进而快速鉴定包括古细菌、细菌、真菌和病毒在内的多样化微生物。该技术在揭示宿主生理过程中微生物的作用方面具有显著优势，为生物防治策略的开发提供了新的研究途径[14]。对这些共生关系的深入研究有助于开发新型生物杀虫剂[15]，并为未来的害虫生物防治提供新的思路。

1　材料与方法

1.1　材料　Ezup 柱式动物基因组 DNA 抽提试剂盒、琼脂糖和 DL 2000 DNA Marker 购自上海生物工程股份有限公司；DNA 抽提试剂盒（E.Z.N.A.® Soil DNA Kit）购自美国 Omega Bio-Tek 公司；Goldview 染料购自苏州金唯智生物科技有限公司；2×*Taq* Plus Master Mix Ⅱ（Dye Plus）购自南京诺维赞生物科技股份有限公司；光触媒诱蚊灯（功夫小帅）购自河南智科弘润环保科技有限公司；连续变倍体视显微镜（XTL—BM—7B）购自上海彼爱姆光学仪器制造有限公司；PCR 仪（TProfessional）购自德国 Biometra 公司；小型台式高速冷冻离心机（5415R）购自 Eppendorf 公司；琼脂糖水平电泳仪（Mini-PROTEAN Tetra）购自北京六一仪器厂；凝胶成像分析系统（GelDoc XR+）购自美国 Bio-Rad 公司。

1.2　实验方法

1.2.1　蚊虫采集　2024 年 7—9 月，在海南文昌市、定安县、白沙县和乐东县的 4 个猪场，于日落前 1 h 放置光触媒诱蚊灯，日出后 1 h 收集蚊虫。收集的蚊虫保存在体积分数 95% 乙醇中，置于 −20 °C 环境。

1.2.2　分类测序　蚊虫标本经体视显微镜形态学鉴定（参照《中国重要医学昆虫分类与鉴别》[16]）后按类群分组，每组取 2 只提取基因组 DNA，以 *COI* 基因特异性引物进行 PCR 扩增，产物经质量分数 1% 琼脂糖凝胶电泳后胶回收并测序。测序序列与 NCBI 数据库比对以确认种类，种群数量由形态学鉴定统计得出。

1.2.3　宏基因组学测序　分别对 4 个猪场收集到的蚊虫用体积分数 95% 乙醇和 ddH_2O 清洗以去除体表微生物，随后置于超净台中风干。每个猪场各称取 20 mg 蚊虫样本（约 10 只），使用 E.Z.N.A.® Soil DNA Kit 提取总 DNA。使用 NanoDrop 2000 检测 DNA 纯度，TBS—380 荧光仪检测 DNA 浓度，质量分数 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性。质检合格的 DNA 送至武汉百奥维凡生物科技有限公司构建 paired-end（PE）文库并进行测序。

1.2.4　生物信息学分析　使用 fastp v0.20.0 去除长度小于 50 bp、平均碱基质量值低于 20 及含 N 碱基的原始序列。同时使用 BWA v0.7.9a 将原始序列与蚊子宿主 DNA 序列比对，去除比对相似性高的宿主序列。利用 MEGAHIT v1.1.2 对优化后的序列进行拼接组装，使用 Prodigal 对拼接结果中 ⩾ 500 bp 的连续序列进行基因预测，随后使用 CD-HIT v4.6.1 对所有样品预测得到的基因序列进行聚类（参数：相似度 ⩾ 95%，覆盖度 ⩾ 90%），去除冗余后构建非冗余基因集。使用 Diamond v0.8.35 将非冗余基因集的氨基酸序列与 NR 数据库比对（BLASTP 参数：e-value ⩽ $1e^{-5}$），获得物种注释；同时与 KEGG 数据库比对，获得基因的 KEGG 功能注释。

2　结果与分析

2.1　海南不同地区猪场蚊媒种类　2024 年 7—9 月，在白沙黎族自治县打安镇可程村、定安县黄竹镇同古村、乐东黎族自治县抱罗村和文昌市罗豆农场 4 个不同市县的猪场进行采样，提取总 DNA，对 *COI* 基因进行扩增，凝胶电泳结果见图 1。测序结果显示，白沙采集的优势蚊种为达氏按蚊（*Anopheles darlingi*），定安为白跗按蚊（*A. albitarsis*），乐东为尖音库蚊（*Culex pipiens*），文昌为三带喙库蚊（*C. tritaeniorhynchus*），占比分别为 58.43%、55.46%、88.65% 和 57.84%（图 2）。

2.2　蚊媒宏基因测序数据统计结果　4 个蚊子样本宏基因测序共得到原始数据 48.3G，有效数据 47.97 G，数据有效率为 99.32%，GC 占比 36.19%，Q30 占比 97.96%（表 1）。

2.3　蚊媒宏基因组学测序微生物物种注释结果与分析

2.3.1　古细菌　在门水平上（图 3-A），广古菌门

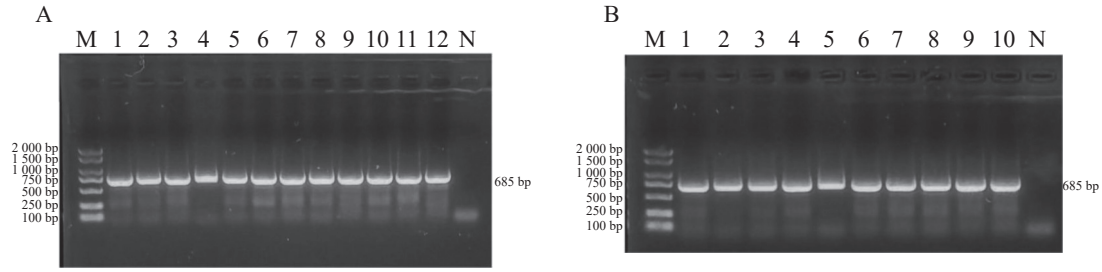
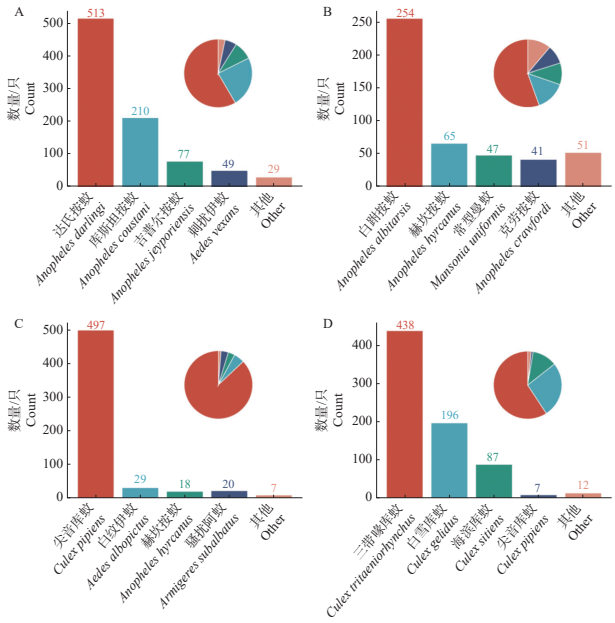


图 1　海南不同地区猪场蚊媒 COI 基因的凝胶电泳图

Fig. 1　Gel electrophoresis map of mosquito-borne COI gene in pig farms in different regions of Hainan

注：M，2 000 bp 的 DNA Marker；N，阴性对照。图 A，1 ~ 6，白沙样本，7 ~ 12，定安样本；图 B，1 ~ 6，乐东样本；7 ~ 10，文昌样本。

Note: M, 2 000 bp DNA Marker; N, negative control. In Figure A, 1−6, Baisha samples, 7−12, Ding'an samples; in Figure B, 1−6, Ledong samples, 7−10, Wenchang samples.



A.白沙（BS）；B.定安（DA）；C.为乐东（LD）；D.文昌（WC）。

A. Baisha (BS); B. Ding'an (DA); C. Ledong (LD); D. Wenchang (WC).

图 2　4 个猪场蚊子种类组成

Fig. 2　Mosquito species composition in 4 pig farms

（Euryarchaeota）为 BS、LD、WC 的优势门，在 LD 中占比为 100%，在 DA 中为第二优势门，占比为 37.25%，而热古菌门（Candidatus Geothermarchaeota）则为 DA 的优势门。

在种水平上（图 3-B），4 个样本共检测出 16 种古细菌。相对丰度较高的前 5 个物种分别为 Ca. Geothermarchaeota archaeon、Ca. Pacearchaeota archaeon ex4484 31、*Halococcus hamelinensis*、*Haloferax* sp. ATCC BAA-644 和 archaeon，检出的古细菌–中尚未出现对人或猪产生疾病影响的物种的报道。

2.3.2　细菌　在门水平上（图 4-A），变形菌门（Proteobacteria）为 4 个样本的优势细菌门，厚壁菌门（Firmicutes）为 DA、LD 和 WC 的第二大优势门。

共有 1 357 种细菌注释到种水平上，相对丰度排名前 30 的物种箱式图见图 4-B。其中能导致人兽共患病的细菌有毛肠短状螺旋体（*Brachyspira pilosicoli*）、布鲁氏菌（*Brucella melitensis*）、流产衣原体（*Chlamydia abortus*）、钩端螺旋体（*Leptospira interrogans*）和软骨滑液菌（*Waddlia chondrophila*），BS 含有布鲁氏菌，DA 含有钩端螺旋体，LD 含有毛肠短状螺旋体、流产衣原体和软骨滑液菌，WC 含有流产衣原体和软骨滑液菌。毛肠短状螺旋体和钩端螺旋体能引发钩端螺旋体病，可以导

表 1　2024 年 4 个不同市县的 4 个不同猪场宏基因组测序数据

Tab. 1　Metagenomic sequencing data from four different pig farms in four different cities and counties in 2024

样本名称 Sample ID	原始数据 Raw data/G	有效数据 Clean data/G	有效数据率 Clean data ratio/%	GC/%	Q30/%
白沙 BS	12.03	11.95	99.33	30.73	97.86
定安 DA	12.06	11.98	99.34	37.51	98.09
乐东 LD	11.79	11.70	99.24	37.85	97.88
文昌 WC	12.42	12.34	99.36	38.65	97.99

注：GC为有效数据中G和C两种碱基占总碱基的百分比；Q30是测序数据中每个碱基的Phred质量分数至少为30（识别错误率不超过0.1%）。

Note: GC is the percentage of G and C bases in the total bases in the valid data; q30 is that the Phred mass fraction of each base in the sequencing data is at least 30 (The recognition error rate does not exceed 0.1 %).

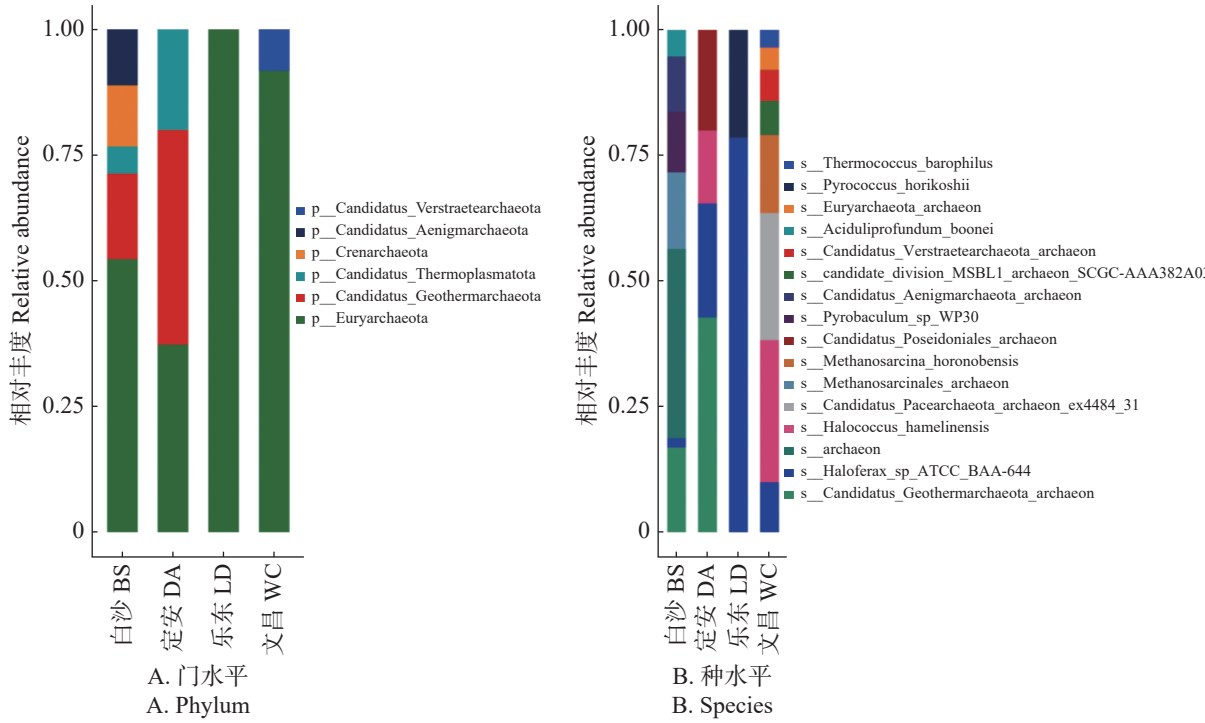


图 3　不同猪场的蚊子携带的古生菌不同水平上的相对丰度

Fig. 3　Relative abundance of archaea carried by mosquitoes in different pig farms at different levels

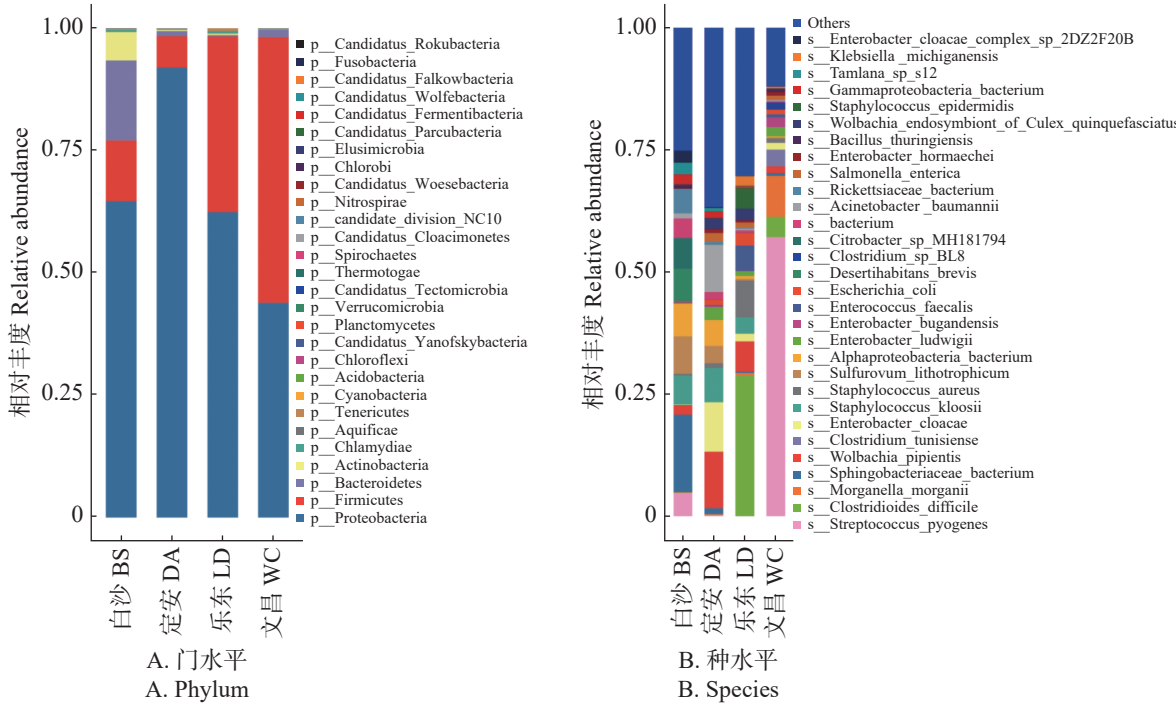


图 4　不同猪场的蚊子携带的细菌不同水平上的相对丰度

Fig. 4　Relative abundance of bacteria carried by mosquitoes in different pig farms at different levels

致从轻微疾病到严重疾病, 如器官损伤、脑膜炎和致命的出血性疾病[17]。布鲁氏菌[18]、流产衣原体[19]和软骨滑液菌[20]均会导致流产和不育症, 对动物生产和繁殖及人类健康造成极大的危害。

其余少部分物种, 如鲍曼不动杆菌(*Acinetobacter baumannii*)、布氏弓形杆菌(*Arcobacter butzleri*)、肉毒梭菌(*Clostridium botulinum*)和迟钝爱德华氏菌(*Edwardsiella tarda*)等大多为条件致病菌, 主要与人类或动物的胃肠疾病、中毒及感染有关。

2.3.3　真菌　4 个样本的真菌分布在门水平上具

有较高的相似性，子囊菌门（Ascomycota）为 4 个样本的优势门（图 5-B），在 BS 中占比超过 65%，其余 3 个样本中占比超过 90%。

共有 303 种真菌注释到种水平上，图 5-B 的箱式图仅展示排名前 30 的物种。其中，有 10 余种会对人类和动物产生危害，如枝顶孢霉（*Ovicillium asperulatum*）、土曲霉（*Aspergillus terreus*）和犬小孢子菌（*Microsporum canis*）等，主要表现为产生毒素或导致感染。

2.3.4 病毒 BS、DA、LD 和 WC 分别有 35.57%、36.39%、27.21% 和 96.93% 可以注释到门水平（图 6-A），前 3 个样本的优势门均为负链 RNA 病毒门（Negarnaviricota），而 WC 的优势门为科萨特病毒门（Cossaviricota）。在种水平上（图 6-B），4 个样本共注释到 102 种病毒，病毒数量从大到小排序为 BS>WC>DA>LD，湖北 virga 样病毒 1（Hubei virga-like virus 1）为 BS 的优势病毒，卡伊奥瓦病毒（Kaiowa virus）为 DA 和 LD 的优势病毒，双翅目原病毒 1（Dipteran protoambidensovirus 1）为 WC 的优势病毒，占比超过 87%。

检测出的病毒以蚊子作为传播媒介或宿主，感染昆虫、细菌和哺乳动物，如棉褐带卷蛾昆虫痘病毒'L'型（*Adoxophyes honmai* entomopoxvirus）和摩尔斯毛虫昆虫痘病毒（*Amsacta moorei* entomopoxvirus）可以感染特定的昆虫，而噬菌体（Actinomyces virus Av1）可以侵入细菌，埃及伊蚊病毒（*Aedes aegypti* anphevirus）和按蚊环状病毒（*Anopheles annulipes* orbivirus）可以感染哺乳动物。

2.4 蚊媒宏基因组学测序微生物差异性结果与分析 从基于属水平的 upset plot 图（图 7）可以得到，4 个样本共含有 1 429 属，丰富度从大到小排序为 WC>BS>LD>DA，4 个样本共有的属 136 属，BS、DA、LD、WC 独有的属数量分别为 150、24、66 和 191。

从基于 4 个样本属水平的主坐标分析可知（图 8），第一主坐标轴（PCoA1）解释了总变异的 46.87%，第二主坐标轴（PCoA2）解释了 28.83% 的变异。分析结果显示，样本 BS 与样本 DA 在 PCoA 图中的空间距离最短，表明它们在微生物群落结构上具有较高的相似性。样本 DA 与样本 WC 的空间距离相对较近，暗示它们之间也存在一定程度的相似性。相比之下，样本 LD 在 PCoA 图中与其他样本的空间距离最远，表明其微生物群落结构与其他样本存在显著差异。

2.5 蚊媒宏基因组学测序微生物基因注释分析 将 68 645 个非冗余基因与 KEGG 数据库进行比对。KEGG 数据库注释到 6 个一级代谢通路，分别为代谢（metabolism）、遗传信息处理（genetic information processing）、环境信息处理（environmental information processing）、细胞过程（cellular processes）、有机系统（organismal systems）和人类疾病（human diseases）通路。其中基因功能注释热图（图 9）显示 BS 除人类疾病通路之外的其余 5 个

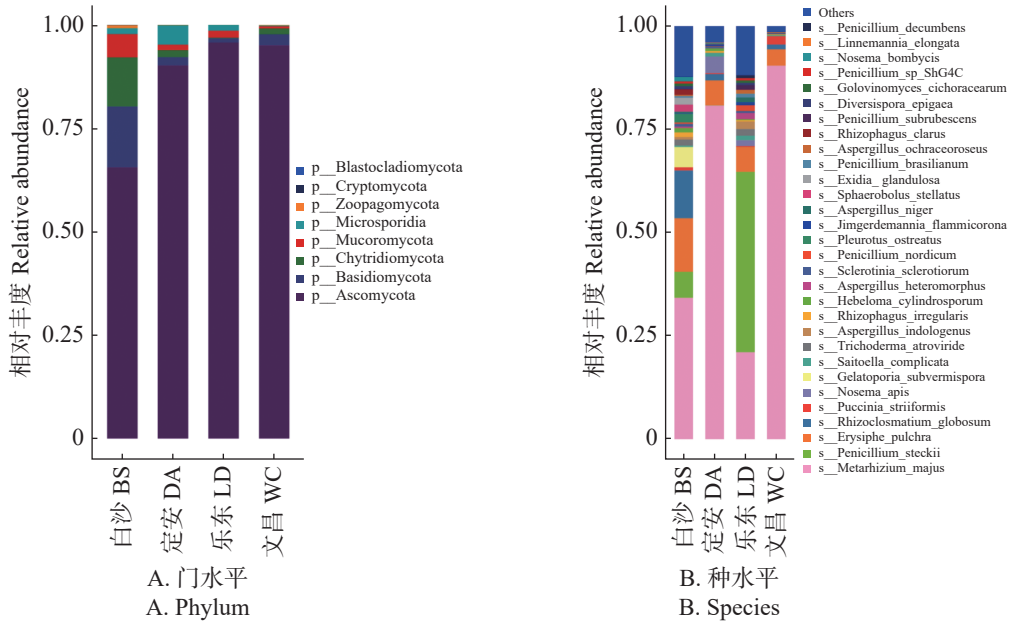
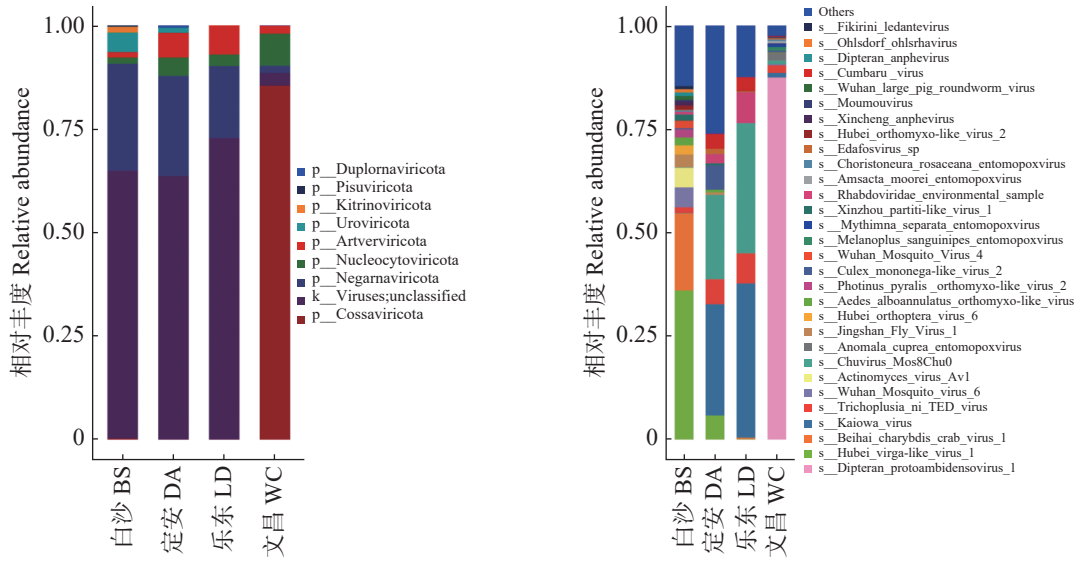


图 5 不同猪场的蚊子携带的真菌在不同水平上的相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of fungi carried by mosquitoes in different pig farms at different levels



A. 门水平　　B. 种水平
A. Phylum　　B. Species

图 6　不同猪场的蚊子携带的病毒在不同水平上的相对丰度

Fig. 6　Relative abundance of mosquito-borne viruses at different levels in different pig farms

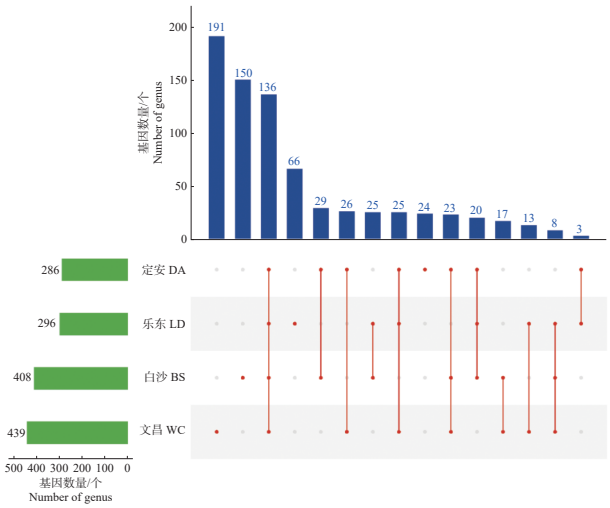


图 7　2024 年 4 个不同市县 4 个不同猪场的蚊子的微生物多样性分析

Fig. 7　Analysis of microbial diversity of mosquitoes in 4 different pig farms in 4 different cities and counties in 2024

注: 左侧柱状图表示各样本含有属的数量。下方矩阵的单个点代表各样本特有的属, 连线表示样本间共有属。右上方柱状图显示不同样本组合中共有属的数量。

Note: The left bar chart shows the number of genera contained in each sample. The single point of the matrix below represents the specific genus of each sample, and the connection represents the common genus between samples. The bar chart on the upper right shows the number of common genera in different sample combinations.

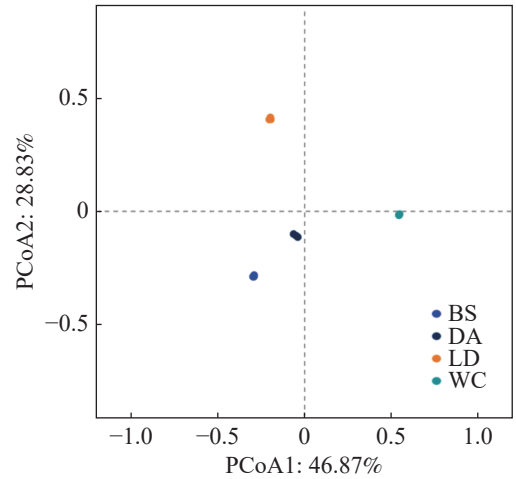


图 8　2024 年 4 个不同市县 4 个不同猪场的蚊子属水平的主坐标分析

Fig. 8　Principal coordinate analysis of mosquitoes at the genus level in the four pig farms in four different cities and counties in 2024

注: 样本点之间的距离越近, 表明它们在属水平上的物种组成越相似。轴标签的百分比表示各坐标轴占菌群结构总变异的解释度, 这两个轴的解释度越高, 表明模型具有更好的效果, 能够更好地展示样本间的菌群结构差异。

Note: The closer the distance between the sample points, the more similar their species composition at the genus level. The percentage of the axis label indicates the degree of interpretation of each axis in the total variation of the bacterial community structure. The higher the degree of interpretation of the two axes, the better the effect of the model and the better display of the differences in the bacterial community structure between the samples.

一级通路相较于其他样本的相对丰度更高, 其中代谢通路在 BS 中相对丰度最高。而 WC 的人类疾病通路的相对丰度更高, DA 和 LD 各通路的相对丰度水平类似。

而从 KEGG 数据库可以注释到的二级通路相对应基因数量图(图 10)来看, 一共可以注释到 45 个二级通路。在一级通路中, 人类疾病通路含有的二级通路最多, 为 12 个; 代谢通路含有的基因数目最多, 有 44 164 个基因; 环境信息处理通路

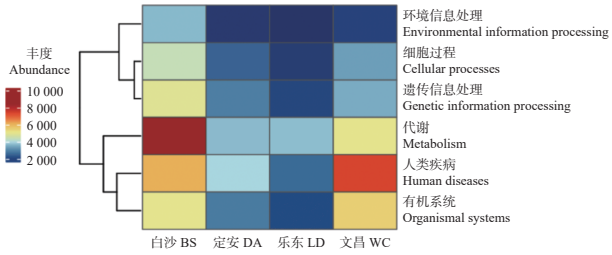


图 9　2024 年 4 个不同市县 4 个不同猪场的蚊子基因功能注释热图

Fig. 9　Heatmap of mosquito gene function annotation in 4 different pig farms in 4 different cities and counties in 2024

注：横坐标为各样本，纵坐标为 6 个一级通路的相对丰度，图中颜色深浅代表相对丰度的大小。

Note: The abscissa is the relative abundance of each sample, and the ordinate is the relative abundance of the six first-order pathways. The color depth in the graph represents the relative abundance.

含有的二级通路最少，相应的基因数量也最少，分别为 3 个二级通路和 13 446 个基因。信号转导（Signal transduction）通路含有的基因数目在二级通路中最多，有 9 423 个基因；其次为糖代谢通路（Carbohydrate metabolism），有 9 008 个基因；最少的为感受系统通路（Sensory system），有 639 个基因。

3　讨　论

昆虫及其微生物的研究对于理解生态系统、控制害虫、开发新药物等领域至关重要[21]。然而由于蚊子及其共生微生物的数量和种类繁多，且存在难以培养的种类，所以本研究采用了宏基因组学的方法探究海南不同地区猪场的蚊子及其微生物。

此次采样的 4 个地区分别位于海南的东部、西部和中部，东部的文昌和西部的乐东地区处于沿海，中部的定安和白沙地区植被较为茂密，且白沙地区的自然环境更为原始，海拔相对于其他 3 处更高，所以各个地区的样本具有独特的生态特征和生物多样性。4 个猪场的优势蚊种各不相同，白沙、定安、乐东和文昌采样猪场的优势蚊种分别为达氏按蚊、白斑按蚊、尖音库蚊和三带喙库蚊。

古细菌是一类单细胞微生物，属于古菌域，与

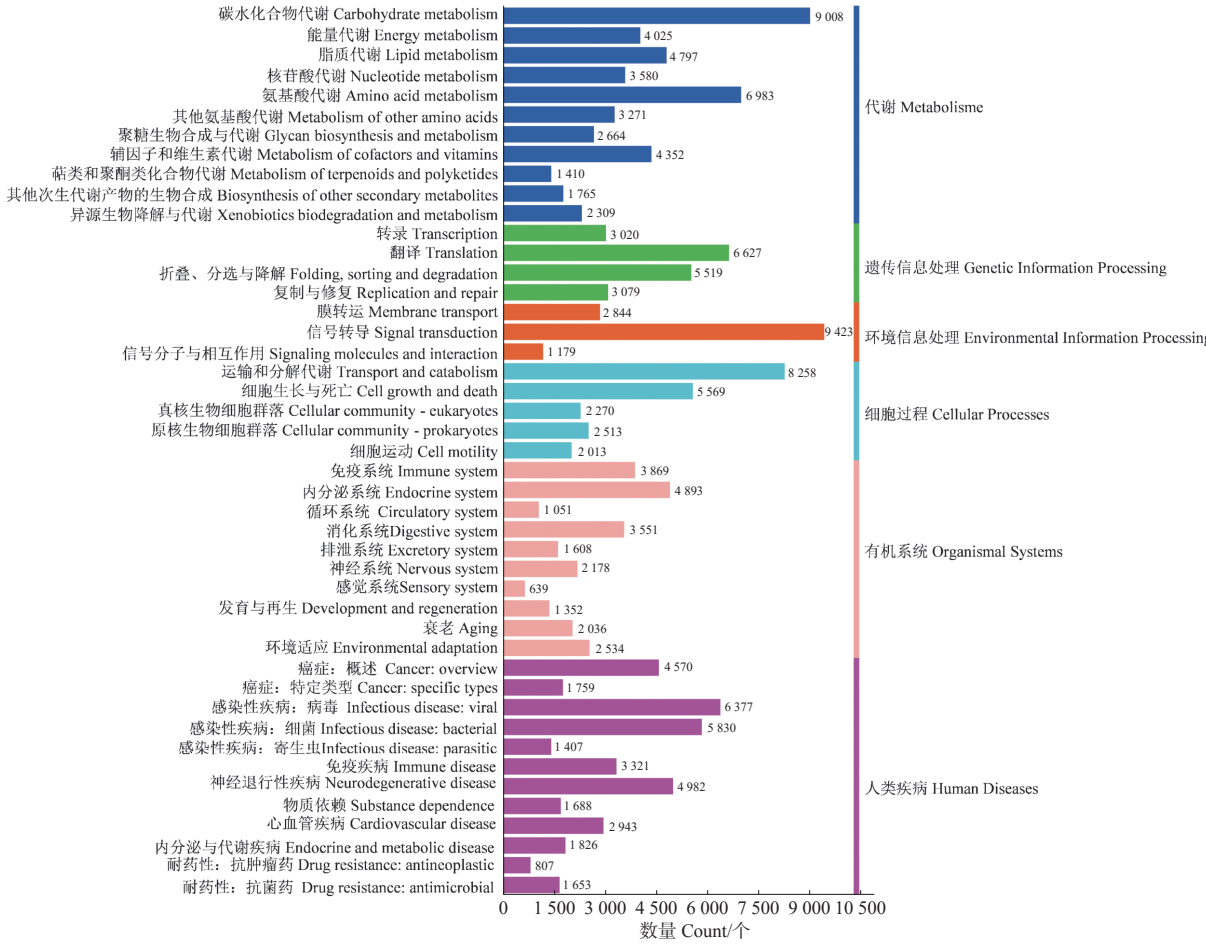


图 10　2024 年 4 个不同市县 4 个不同猪场的蚊子样本的代谢通路注释基因数目统计

Fig. 10　Statistics of the number of annotated genes in the metabolic pathways of mosquito samples from four different pig farms in four different cities and counties in 2024

细菌域和真核生物域共同构成生物分类学中的三大域[22]。古细菌与细菌在形态上有许多相似之处，如都是单细胞、没有细胞核等[23]，但在分子水平上，它们与真核生物更为接近[24]。广古菌门包含了古细菌中的大多数种类，它们可以在多种不同的极端环境中生存，包括产甲烷菌、嗜盐古菌、极端嗜热的好氧和厌氧古菌[25]。

变形菌门为样本中的第一大细菌门，其在微生物学中具有重要作用，在污水处理系统中，大多数脱氮细菌隶属于变形菌门，它们在反硝化中起着主导作用[26]。此外，变形菌门中的一些成员能够吞噬细菌和其他有机物[27]，显示出其在自然界中的捕食者角色。然而，变形菌门也存在一些潜在的危害，它们中包括一些病原菌，如大肠杆菌、沙门氏菌、志贺氏菌[28] 等，这些细菌可引起人类和动物的疾病。继变形菌门之后的优势细菌门为厚壁菌门，在昆虫的肠道微生物群落中，厚壁菌门是主要的组成部分之一，可协助宿主昆虫进行营养代谢，提供食物中缺乏的养分，促进昆虫的生长和繁殖[29]。同时厚壁菌门的细菌能通过分泌抗菌肽[30]、毒素等增强昆虫对寄生物的防御能力和抗病性。4 个样本中含有的毛肠短状螺旋体、流产衣原体、软骨滑液菌、钩端螺旋体和毛肠短状螺旋体对人和动物的健康存在严重威胁，主要表现为流产、不孕[18−20]、器官损伤、脑膜炎和致命的出血性疾病等[17]，需要重点关注防范，做好疾病预防治疗工作。

子囊菌门是 4 个样本共有的优势真菌门，其中包含的一些真菌物种是昆虫病原真菌[31]，它们能够抑制昆虫种群，这些真菌可以作为生物控制手段，用于控制害虫数量。然而某些真菌在适宜条件下会产生次级代谢产物，即真菌毒素[32]，如样本中含有的土曲霉可以产生土曲霉毒素。真菌毒素的产生受到产毒菌自身因素、宿主、环境的影响，产毒菌基因组中存在真菌毒素合成基因簇是真菌毒素产生的根本原因，而环境因素如光照、温度、水活度等可作为环境信号，通过细胞转导途径传递到产毒菌，激活或抑制真菌毒素合成基因簇的表达，从而影响真菌毒素的合成[33]，进而对宿主健康产生影响。

负链 RNA 病毒门为三个样本（BS、DA、LD）的共有优势病毒门，科萨特病毒门为 WC 样本的优势门。对 102 种病毒分析得知，不同地区的蚊子携带的病毒具有一定的差异性，BS 样本中含有病毒数量最多，对人和猪有威胁性的病毒占比也更高。这可能与白沙采样点位于高山丛林地区、猪场采用放养模式有关。病毒分析提示，白沙和文昌两处猪场蚊子携带病毒致病风险较高。

不同猪场的蚊子具有各自特征性的微生物群落结构，这主要由蚊子种类组成和生存环境共同塑造。蚊子种类组成和生存环境越相似，其共生微生物群落的相似度越高。

从基因注释数据分析，白沙样本除人类疾病通路之外的其余 5 个一级通路相较于其他样本的相对丰度更高，其中代谢通路在白沙样本中相对丰度最高。而文昌样本的人类疾病通路的相对丰度更高，定安和乐东各通路的相对丰度水平类似。研究结果表明，不同的环境对于蚊子共生微生物有较大的影响，同时还会影响其基因表达。根据 KEGG 数据统计分析，一级通路中的代谢通路为第一大通路，包括碳水化合物代谢、氨基酸代谢、脂质代谢、辅因子和维生素代谢通路等二级通路，这与蚊子的营养获取、能量产生、代谢[34] 和自噬—溶酶体信号通路密切相关。这些代谢通路在蚊子的生理过程中发挥着重要作用，影响着它们的生长、繁殖和对病原体的防御能力。一级通路中的第二大通路为人类疾病通路，包括病毒感染、细菌感染、癌症和神经退行性疾病通路等二级通路，而蚊子作为多种疾病的传播媒介，其肠道微生物群与这些疾病的传播密切相关[13]。蚊子通过吸食感染者的血液来获取病原体，而肠道微生物群的组成和稳定性直接影响蚊子对病原体的易感性和传播能力[35]。例如，研究发现肠道菌群通过参与色氨酸代谢，影响蚊子对疟原虫的抵抗力[36]。此外，某些肠道菌如粘质沙雷氏菌（*Serratia marcescens*）能通过分泌增效因子蛋白增强蚊子对病毒的易感性，从而调控蚊虫传播病毒的能力[37]。这些研究结果表明，蚊子的肠道微生物群不仅参与了代谢过程，还可能影响人类疾病的传播，这为蚊媒传染病的防控提供了新的干预靶点。

本研究采用宏基因组学方法探究海南不同地区猪场蚊子及其微生物，发现各地区蚊子样本微生物群落组成独特，与蚊子种类和生态环境密切相关。细菌、真菌和病毒分析表明，存在部分对哺乳动物健康产生危害的物种，需要重点防范。基因注释分析显示，代谢通路和人类疾病通路为蚊

子共生微生物的主要功能，影响蚊子的生长、繁殖和疾病传播能力。研究结果为理解蚊子共生微生物群落及其功能提供新见解，对蚊媒传染病防控具有重要意义。

参考文献：

[1] Lippi C A, Mundis S J, Sippy R, et al. Trends in mosquito species distribution modeling: insights for vector surveillance and disease control[J]. Parasites & Vectors, 2023, 16(1): 302. https://doi.org/10.1186/s13071-023-05912-z

[2] Carrillo-bustamante P, Costa G, Lampe L, et al. Evolutionary modelling indicates that mosquito metabolism shapes the life-history strategies of *Plasmodium* parasites[J]. Nature Communications, 2023, 14(1): 8139. https://doi.org/10.1038/s41467-023-43810-1

[3] Gleave K, Cook D, Taylor M J, et al. Filarial infection influences mosquito behaviour and fecundity[J]. Scientific Reports, 2016, 6: 36319. https://doi.org/10.1038/srep36319

[4] Krambrich J, Akaberi D, Lindahl J F, et al. Vector competence of Swedish *Culex pipiens* mosquitoes for Japanese encephalitis virus[J]. Parasites & Vectors, 2024, 17(1): 220. https://doi.org/10.1186/s13071-024-06269-7

[5] Olmo R P, Todjro Y M H, Aguiar E R G R, et al. Mosquito vector competence for dengue is modulated by insect-specific viruses[J]. Nature Microbiology, 2023, 8(1): 135−149. https://doi.org/10.1038/s41564-022-01289-4

[6] Higgs S, Vanlandingham D. Chikungunya virus and its mosquito vectors[J]. Vector-Borne and Zoonotic Diseases, 2015, 15(4): 231−240. https://doi.org/10.1089/vbz.2014.1745

[7] Atoni E, Zhao L, Hu C, et al. A dataset of distribution and diversity of mosquito-associated viruses and their mosquito vectors in China[J]. Scientific Data, 2020, 7(1): 342. https://doi.org/10.1038/s41597-020-00687-9

[8] Li Y P, An Q, Sun Z, et al. Distribution areas and monthly dynamic distribution changes of three *Aedes* species in China: *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus* and *Aedes vexans*[J]. Parasites & Vectors, 2023, 16(1): 297. https://doi.org/10.1186/s13071-023-05924-9

[9] Bhuvaneswari A, Shriram A N, Raju K H K, et al. Mosquitoes, lymphatic filariasis, and public health: a systematic review of *Anopheles* and *Aedes* surveillance strategies[J]. Pathogens, 2023, 12(12): 1406. https://doi.org/10.3390/PATHOGENS12121406

[10] Zhong R, Liu S L, Chen S Q, et al. Satellite observations reveal anthropogenic pressure significantly affects the suspended particulate matter concentrations in coastal waters of Hainan Island[J]. Journal of Environmental Management, 2024, 365: 121617. https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2024.121617

[11] Li Y J, Zhou G F, Zhong S F, et al. Spatial heterogeneity and temporal dynamics of mosquito population density and community structure in Hainan Island, China[J]. Parasites & Vectors, 2020, 13(1): 444. https://doi.org/10.1186/s13071-020-04326-5

[12] Stelder J J, Mihalca A D, Olesen A S, et al. Potential mosquito vector attraction to- and feeding preferences for pigs in Romanian backyard farms[J]. Frontiers in Veterinary Science, 2022, 9: 1046263. https://doi.org/10.3389/fvets.2022.1046263

[13] Gao H, Cui C L, Wang L L, et al. Mosquito microbiota and implications for disease control[J]. Trends in Parasitology, 2020, 36(2): 98−111. https://doi.org/10.1016/j.pt.2019.12.001

[14] Milanese A, Mende D R, Paoli L, et al. Microbial abundance, activity and population genomic profiling with mOTUs2[J]. Nature Communications, 2019, 10(1): 1014. https://doi.org/10.1038/s41467-019-08844-4

[15] Şengül demirak M Ş, Canpolat E. Plant-based bioinsecticides for mosquito control: impact on insecticide resistance and disease transmission[J]. Insects, 2022, 13(2): 162. https://doi.org/10.3390/insects13020162

[16] 陆宝麟、吴厚永. 中国重要医学昆虫分类与鉴别[M]. 郑州：河南科学技术出版社, 2003.

[17] Adler B, De la peña moctezuma A. *Leptospira* and leptospirosis[J]. Veterinary Microbiology, 2010, 140(3/4): 287−296. https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.03.012

[18] Głowacka P, Żakowska D, Naylor K, et al. *Brucella* – virulence factors, pathogenesis and treatment[J]. Polish Journal of Microbiology, 2018, 67(2): 151−161. https://doi.org/10.21307/pjm-2018-029

[19] Wen Y, Du Y J, Shi X Y, et al. Clinical diagnosis and treatment of seven patients diagnosed pneumonia caused by *Chlamydia abortus*: a case series report[J]. Frontiers in Medicine, 2024, 11: 1406737. https://doi.org/10.3389/fmed.2024.1406737

[20] Corsaro D, Venditti D. Emerging chlamydial infections [J]. Critical Reviews in Microbiology, 2004, 30(2): 75−106. https://doi.org/10.1080/10408410490435106

[21] Islam W, Adnan M, Shabbir A, et al. Insect-fungal-interactions: a detailed review on entomopathogenic fungi pathogenicity to combat insect pests[J]. Microbial Pathogenesis, 2021, 159: 105122. https://doi.org/10.1016/j.micpath.2021.105122

[22] Spang A, Caceres E F, Ettema T J G. Genomic exploration of the diversity, ecology, and evolution of the archaeal domain of life[J]. Science, 2017, 357(6351): eaaf3883. https://doi.org/10.1126/science.aaf3883

[23] Zillig W. Comparative biochemistry of *Archaea* and *Bacteria*[J]. Current Opinion in Genetics & Development, 1991, 1(4): 544−551. https://doi.org/10.1016/S0959-437X(05)80206-0

[24] Forterre P. Archaea: a goldmine for molecular biologists and evolutionists[M]//Ferreira-Cerca S. Archaea: Methods and Protocols. New York: Humana, 2022: 1−21. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2445-6_1

[25] Esser D, Hoffmann L, Pham T K, et al. Protein phosphorylation and its role in archaeal signal transduction[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2016, 40(5): 625−647. https://doi.org/10.1093/femsre/fuw020

[26] Broman E, Zilius M, Samuiloviene A, et al. Active DNRA and denitrification in oxic hypereutrophic waters[J]. Water Research, 2021, 194: 116954. https://doi.org/10.1016/j.watres.2021.116954

[27] Wu X Q, Wu L Y, Liu Y N, et al. Microbial interactions with dissolved organic matter drive carbon dynamics

and community succession[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 1234. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01234

[28] Baumgart S, Phan T, Mckew G. Epidemiology and antimicrobial resistance rates for *Shigella* species in a resource-rich setting[J]. Pathology, 2025, 57(1): 94−99. https://doi.org/10.1016/J.PATHOL.2024.07.004

[29] Li H W, Zhao C W, Yang Y, et al. The influence of gut microbiota on the fecundity of *Henosepilachna vigintioctopunctata* (Coleoptera: Coccinellidae)[J]. Journal of Insect Science, 2021, 21(4): 15. https://doi.org/10.1093/jisesa/ieab061

[30] Ganesan N, Mishra B, Felix L, et al. Antimicrobial peptides and small molecules targeting the cell membrane of *Staphylococcus aureus*[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2023, 87(2): e0003722. https://doi.org/10.1128/mmbr.00037-22

[31] Branine M, Bazzicalupo A, Branco S. Biology and applications of endophytic insect-pathogenic fungi[J]. PLoS Pathogens, 2019, 15(7): e1007831. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1007831

[32] Liew W P P, Mohd-redzwan S. Mycotoxin: its impact on gut health and microbiota[J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2018, 8: 60. https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00060

[33] Caceres I, Khoury A A, Khoury R E, et al. Aflatoxin biosynthesis and genetic regulation: a review[J]. Toxins, 2020, 12(3): 150. https://doi.org/10.3390/toxins12030150

[34] Rivera-pérez C, Clifton M E, Noriega F G. How micronutrients influence the physiology of mosquitoes[J]. Current Opinion in Insect Science, 2017, 23: 112−117. https://doi.org/10.1016/j.cois.2017.07.002

[35] Dennison N J, Jupatanakul N, Dimopoulos G. The mosquito microbiota influences vector competence for human pathogens[J]. Current Opinion in Insect Science, 2014, 3: 6−13. https://doi.org/10.1016/j.cois.2014.07.004

[36] Feng Y B, Peng Y Q, Song X M, et al. *Anopheline* mosquitoes are protected against parasite infection by tryptophan catabolism in gut microbiota[J]. Nature Microbiology, 2022, 7(5): 707−715. https://doi.org/10.1038/s41564-022-01099-8

[37] Wu P, Sun P, Nie K X, et al. A gut commensal bacterium promotes mosquito permissiveness to arboviruses [J]. Cell Host & Microbe, 2019, 25(1): 101−112. e5. https://doi.org/10.1016/j.chom.2018.11.004

Survey and analysis of mosquito species and microbial metagenomics in the pig farms from different regions of Hainan

Xiang Hengtao[#], Wang Jinhua[*], Cao Qiyuan, Peng Deshun, Wu Peifei
（School of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China）

Abstract: An attempt was made to understand the mosquito species and their carrying pathogenic microorganisms in pig farms from different regions of Hainan Province, and to provide reliable data support for the scientific prevention and control of mosquito-borne diseases in pig farms. Light catalyst mosquito traps were used to collect mosquitoes from four different pig farms in Baisha Li Autonomous County (BS), Ding 'an County (DA), Ledong Li Autonomous County (LD) and Wenchang City (WC) in Hainan Province. The mosquito species collected were identified by using morphological characteristics and the PCR method, and the composition of mosquito-borne microbial community and gene function were analyzed by using metagenomic sequencing. The results showed that the dominant mosquito species in the pig farms of different regions of Hainan were different. The dominant mosquito species in BS, DA, LD and WC were *Anopheles dabryanus*, *A. sinensis, Culex pipiens pallens* and *C. tritaeniorhynchus*, accounting for 58.43 %, 55.46 %, 88.65 % and 57.84 %, respectively. The analysis of metagenomic microbial sequencing showed the mosquito-borne microorganisms in BS, LD, WC and other regions were at the phylum level. Euryarchaeota was the dominant archaea, while the dominant archaea in DA pig farm was Thermoarchaeota. Proteobacteria was the dominant phylum of mosquito vectors in the pig farms from the four regions. Ascomycota was the dominant phylum of mosquitoes in the 4 regions; negarnaviricota was the dominant virus phylum in BS, DA and LD, while Cossaviricota was the dominant virus phylum in WC. At the species level bacteria such as *Brachyspira pilosicoli*, *Brucella melitensis*, *Chlamydia abortus*, *Leptospira interrogans* and *Waddlia chondrophila*, fungi such as *Acremonium asperulatum*, *Aspergillus terreus* and *Microsporum canis*, and viruses such as *Aedes aegypti anphevirus* and *Anopheles annulipes orbivirus* pose a pathogenic threat to humans and pigs. Moreover, the mosquito-borne microorganisms from the pig farms in different regions of Hainan maintain high stability at the phylum level and diversity at the species level, and there is a high risk of pathogenicity. This study provides a scientific basis for the prevention and control of mosquitoes and mosquito-borne diseases in Hainan pig farms, and provides basic data for assessing the threat of mosquito-borne diseases in public health in this area.

Keywords: mosquito; macrogene; microorganisms; pig farms

(责任编辑:叶　静)