

# 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<sup>#</sup>, 王金花<sup>\*</sup>, 曹起源, 彭德顺, 吴佩霏

(海南大学, 热带农林学院, 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、中华按蚊、尖音库蚊和三带喙库蚊, 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(*Acremonium asperulatum*)、土曲霉(*Aspergillus terreus*)和犬小孢子菌(*Microsporum canis*)等真菌及埃及伊蚊病毒(*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其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.rdswwb.20250013](https://doi.org/10.15886/j.cnki.rdswwb.20250013) CSTR: [32425.14/j.cnki.rdswwb.20250013](https://cstr.cn/32425.14/j.cnki.rdswwb.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<sup>[1]</sup>。蚊子能够携带并传播多种病原体, 包括疟原虫(*Plasmodium spp.*)<sup>[2]</sup>、班氏丝虫(*Wuchereria bancrofti*)、马来丝虫(*Brugia malayi*)<sup>[3]</sup>、乙型脑炎病毒(Japanese encephalitis virus, JEV)<sup>[4]</sup>、登革热病毒(Dengue virus, DENV)、寨卡病毒(Zika virus, ZIKV)<sup>[5]</sup>及基孔肯雅热病毒(Chikungunya virus, CHIKV)<sup>[6]</sup>等。全球已知蚊子种类约3500种, 而在中国, 已记录的种类超过

400种<sup>[7]</sup>。在这些众多种类中, 伊蚊属(*Aedes*)<sup>[8]</sup>、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<sup>[9]</sup>。

海南岛位于北纬18°10'至20°10', 东经108°37'至111°03'<sup>[10]</sup>, 属于热带季风海洋性气候区, 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<sup>[11]</sup>。蚊子的活动不仅通过叮咬吸血和骚扰人类和动物, 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<sup>[12]</sup>。蚊子体内寄居着众多共生微生物, 包括细菌、真

菌、古菌、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<sup>[13]</sup>。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<sup>[14]</sup>。对这些共生关系的深入研究有助于开发新型生物杀虫剂<sup>[15]</sup>,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.<sup>®</sup> 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; 2X 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产品; 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 月至 2024 年 9 月,在海南文昌市、定安县、白沙县、乐东县 4 个不同市县的猪场,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 95% 乙醇中,置于 -20 ℃ 环境。

**1.2.2 分类测序** 收集的蚊虫通过体视显微镜观察形态进行分组,参照《中国重要医学昆虫分类与鉴别》进行形态学鉴定。随后按照分组,每组取出 2 只蚊子,使用 DNA 提取试剂盒(上海生物工程股份有限公司)提取 DNA,对提取的 DNA 的 COI 基

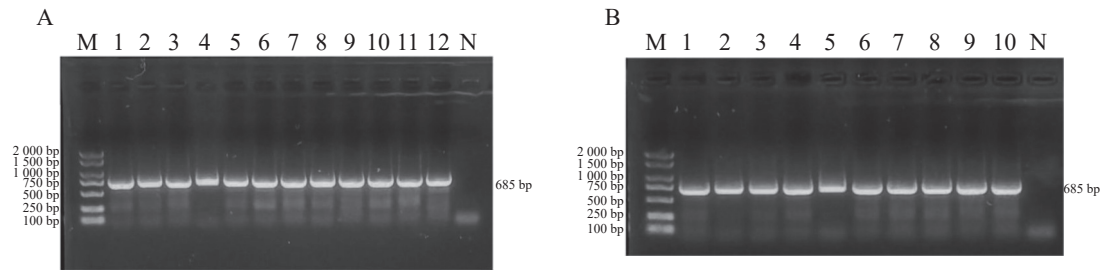
因进行 PCR 扩增,使用 1% 的琼脂糖凝胶电泳,胶回收产物送至上海生物工程股份有限公司测序,测序结果与 NCBI 数据库比对,最终确定蚊子的种类及数量。

**1.2.3 宏基因组学测序** 分别对 4 个不同猪场收集到的蚊子采用 95% 的乙醇和 ddH<sub>2</sub>O 进行清洗,去除表面的微生物。清洗过后的蚊子置于超净台中风干水分,每个猪场各称量 20 mg 蚊子(约 10 只)使用 E.Z.N.A.<sup>®</sup> Soil DNA Kit(Omega Bio-Tek 公司,美国)提取试剂盒提取总 DNA,使用 NanoDrop2000 检测 DNA 纯度,使用 TBS-380 检测 DNA 浓度,使用 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 PE 文库和上机测序。

**1.2.4 生物信息学分析** 使用软件 fastp(version 0.20.0)去除剪切后长度小于 50 bp、平均碱基质量值低于 20 及含 N 碱基的原始序列数据。同时使用软件 BWA(version 0.7.9a)将原始序列数据比对蚊子宿主 DNA 序列,并去除比对相似性高宿主序列。利用拼接软件 MEGAHIT(version 1.1.2)对优化序列进行拼接组装,使用 Prodigal 软件(<http://metagene.cb.k.u-tokyo.ac.jp/>)对拼接结果中 ≥500 bp 的连续序列进行预测,之后使用软件 CD-HIT(version 4.6.1)对所有样品预测出来的基因序列进行聚类(参数设置为相似度 ≥95%,覆盖度 ≥90%),去除冗余,构建非冗余基因集。使用软件 Diamond(version 0.8.35)将非冗余基因集的氨基酸序列与 NR 数据库进行比对(BLASTP 比对参数设置期望值 e-value 为 1e-5),获得物种注释。然后与 KEGG 数据库进行比对,获得基因对应的 KEGG 功能。

## 2 结果与分析

**2.1 海南不同地区猪场蚊媒种类** 2024 年 7 月至 2024 年 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,定安采集的优势蚊种为中华按蚊,乐东采集的优势蚊种为尖音库蚊,文昌采集的优势蚊种为三带喙库蚊,占比分别为 58.43%、55.46%、88.65% 和 57.84%(图 2)。



注: M 为 2000 bp 的 DNA Marker, N 为阴性对照。A 图中的 1~6 为白沙样本, 7~12 为定安样本, B 图中的 1~6 为乐东样本, 7~10 为文昌样本。

Note: ?

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

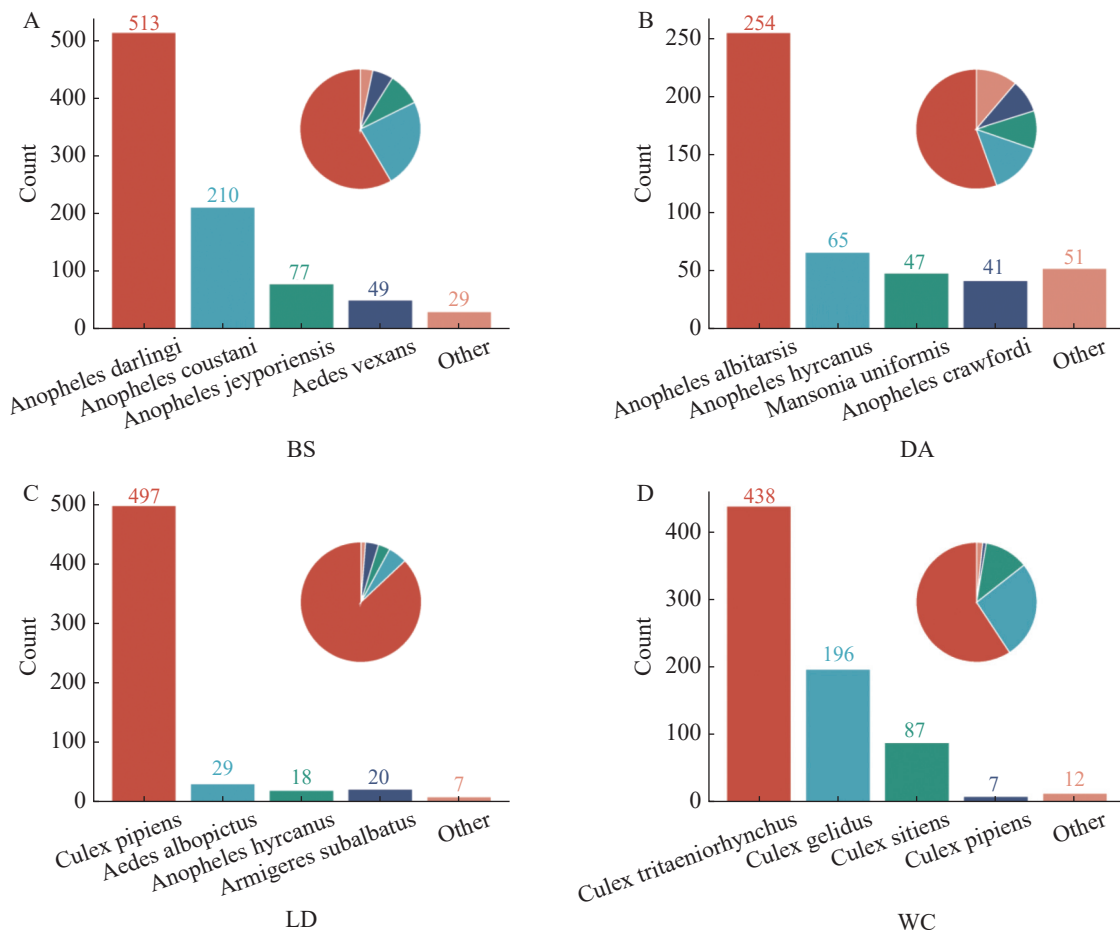


图 2 4 个猪场蚊子种类分类

Fig. 2 Classification of mosquito species in 4 pig farms

注: 图 A 为白沙(BS)样本; 图 B 为定安(DA)样本; 图 C 为乐东(LD)样本; 图 D 为文昌(WC)样本。

**2.2 蚊媒宏基因组测序数据统计结果** 4 个蚊子样本宏基因组测序共得到原始数据 48.3G, 有效数据 47.97G, 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(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 Candidatus Geothermarchaeota archaeon、Candidatus 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

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                                                                                                           | 原始数据(G) | 有效数据(G) | 有效数据率/% | GC/%  | Q30/% |
| BS                                                                                                             | 12.03   | 11.95   | 99.33   | 30.73 | 97.86 |
| DA                                                                                                             | 12.06   | 11.98   | 99.34   | 37.51 | 98.09 |
| LD                                                                                                             | 11.79   | 11.70   | 99.24   | 37.85 | 97.88 |
| WC                                                                                                             | 12.42   | 12.34   | 99.36   | 38.65 | 97.99 |

注: BS为白沙采集的样本; DA为定安采集的样本; LD为乐东采集的样本; WC为文昌采集的样本。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%)。

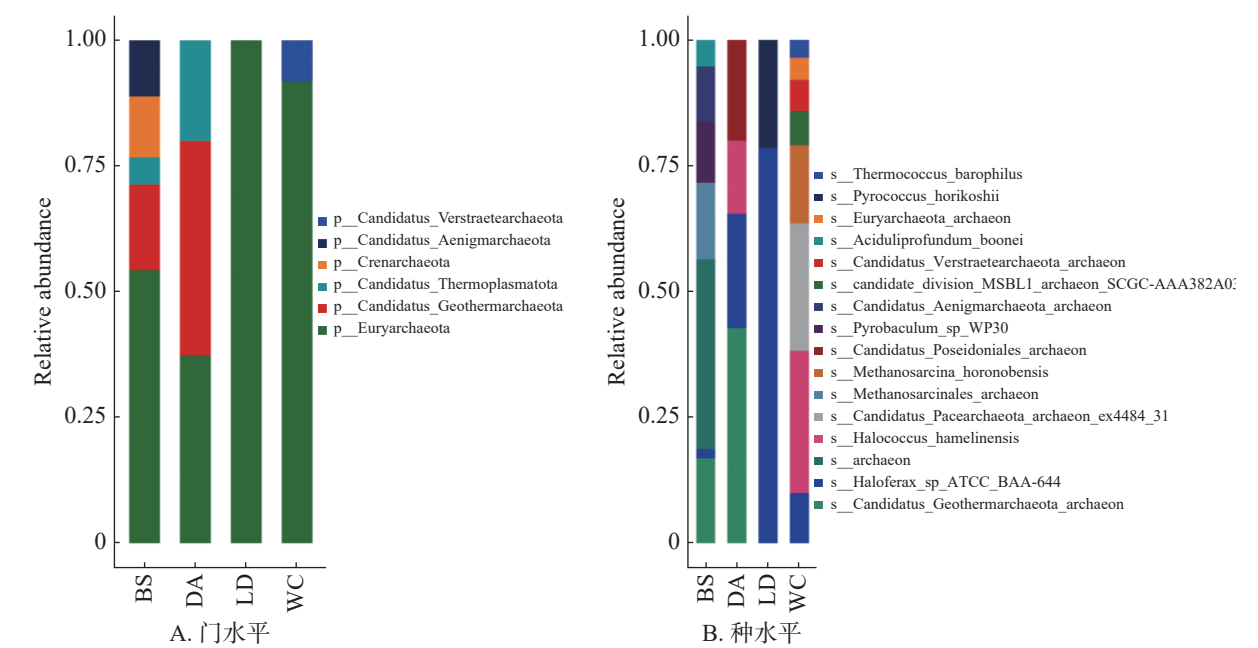


图 3 不同猪场的蚊子携带的古生菌不同水平上的相对丰度  
Fig. 3 Relative abundance of archaea carried by mosquitoes in different pig farms at different levels

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 1357 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<sup>[16]</sup>。布鲁氏菌<sup>[17]</sup>、流产衣原体<sup>[18]</sup>和软骨滑液菌<sup>[19]</sup>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*)、蜡样芽孢杆菌(*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

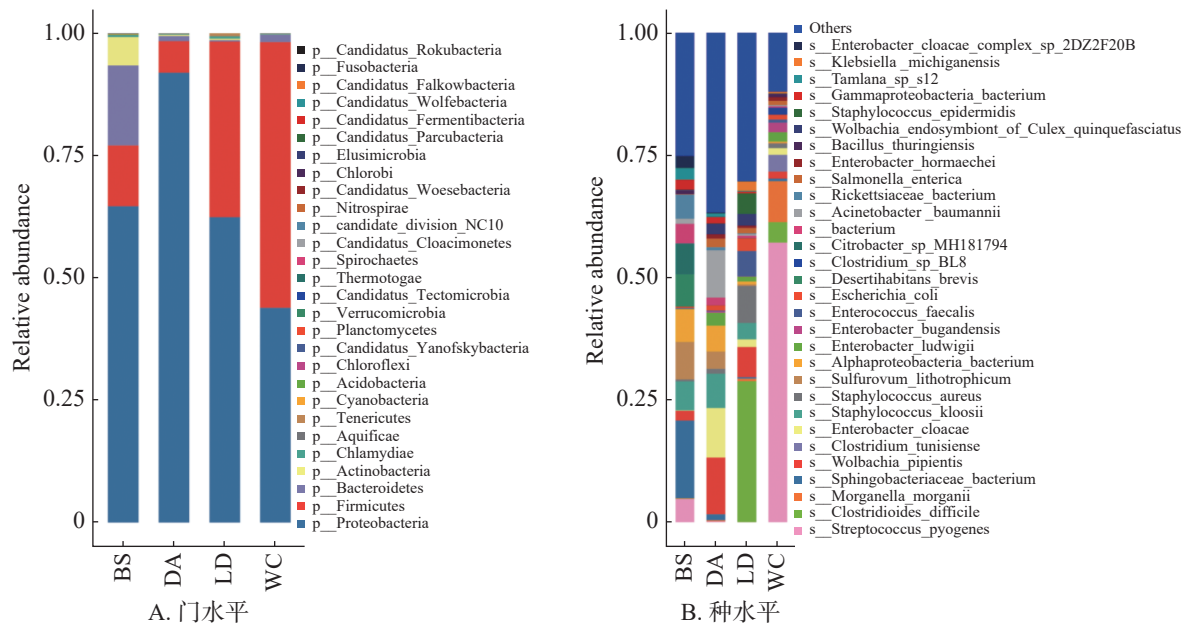


图 4 不同猪场的蚊子携带的细菌不同水平上的相对丰度

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

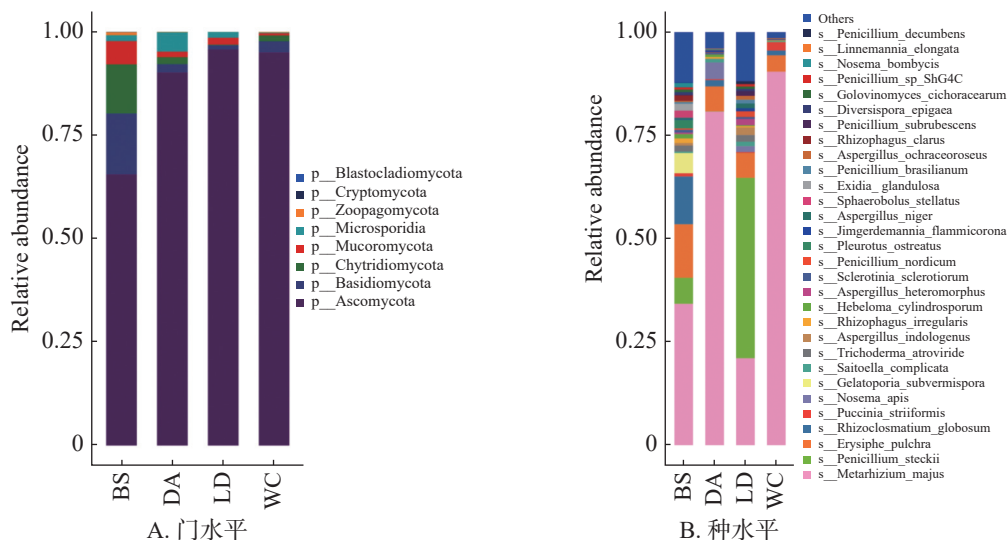


图 5 不同猪场的蚊子携带的真菌不同水平上的相对丰度

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

会对人类和动物产生危害,如枝顶孢霉(*Acremonium 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,双翅目病毒 1(Dipteranprotoambidensovirus1)为 WC 的优势病毒,占比超过 87%。

检测出的病毒以蚊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*

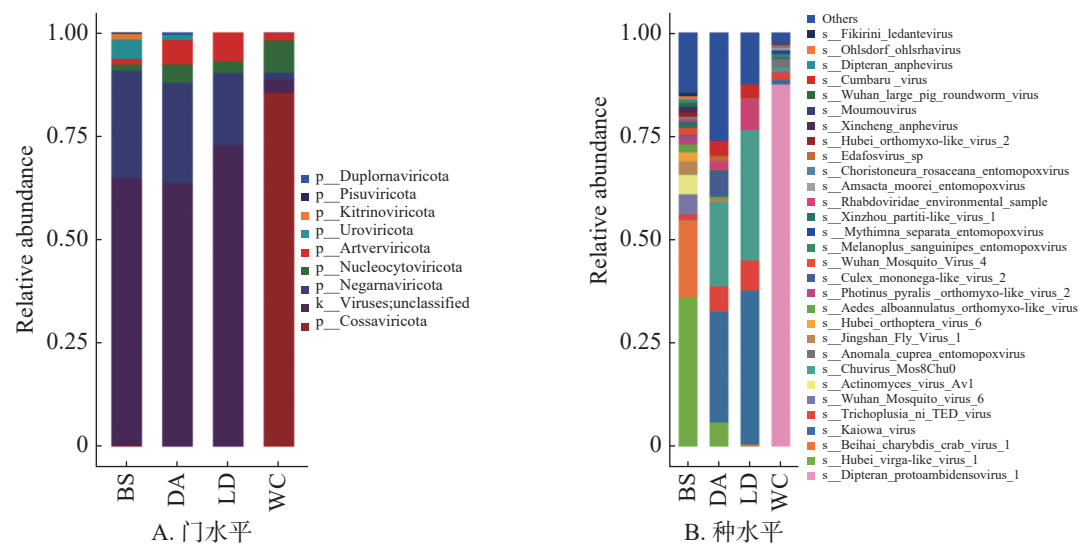


图 6 不同猪场的蚊子携带的病毒不同水平上的相对丰度

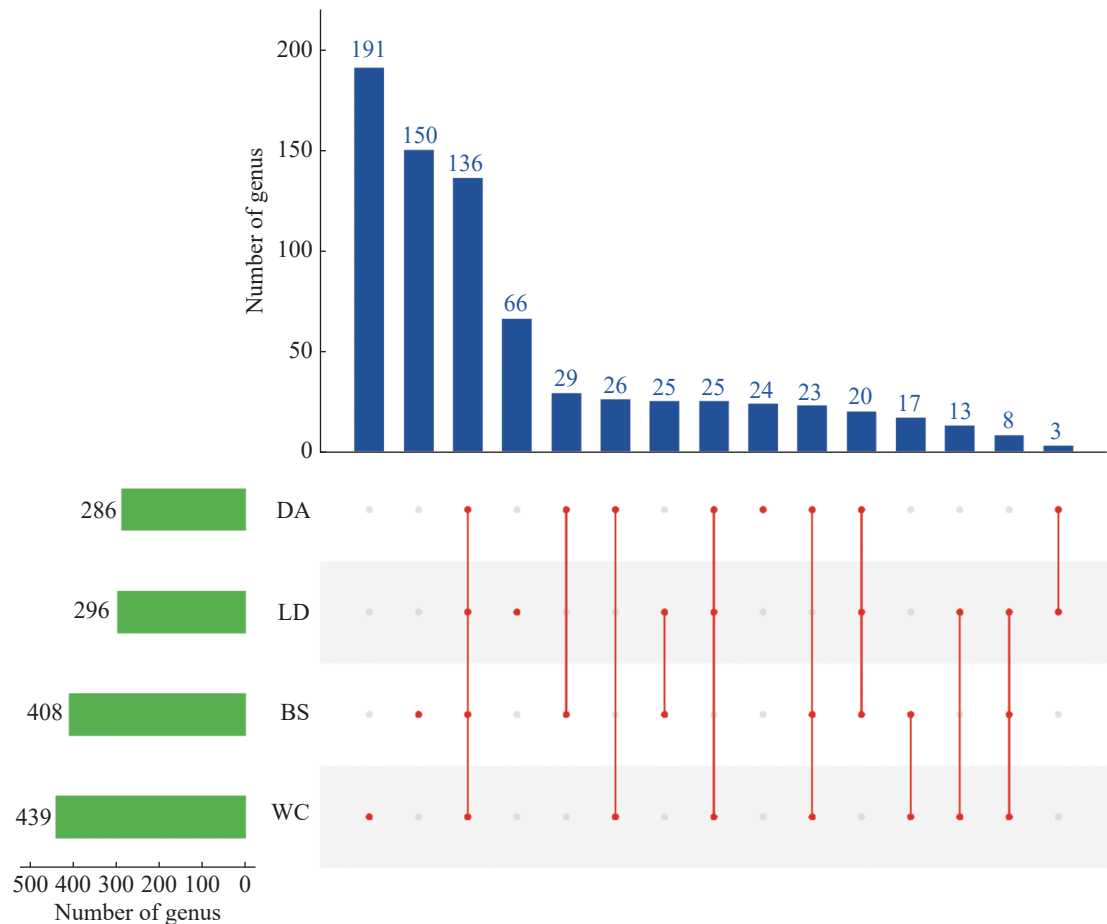
Fig. 6 Relative abundance of mosquito-borne viruses at different levels in different pig farms

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。



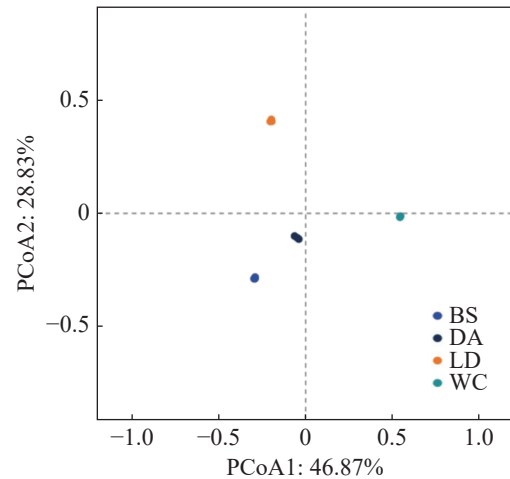
注: BS、DA、LD 和 WC 分别表示白沙、定安、乐东和文昌的蚊子样本。左侧柱状图表示各样本含有属的数量。下方矩阵的单个点代表各样本特有的属,连线表示样本间共有属。右上方柱状图显示不同样本组合中共有属的数量。

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

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 个一级通路相较于其他样本的相对丰度更高, 其中代谢通路

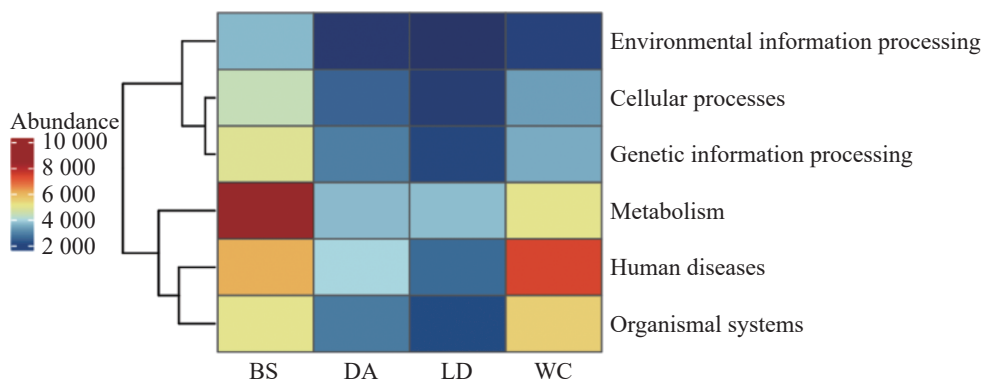


注: BS、DA、LD 和 WC 分别表示白沙、定安、乐东和文昌的蚊子样本。样本点之间的距离越近, 表明它们在属水平上的物种组成越相似。轴标签的百分比表示各坐标轴占菌群结构总变异的解释度, 这两个轴的解釋度越高, 表明模型具有更好的效果, 能够更好地展示样本间的菌群结构差异。

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

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。



注: BS、DA、LD 和 WC 分别表示白沙、定安、乐东和文昌的蚊子样本。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。

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

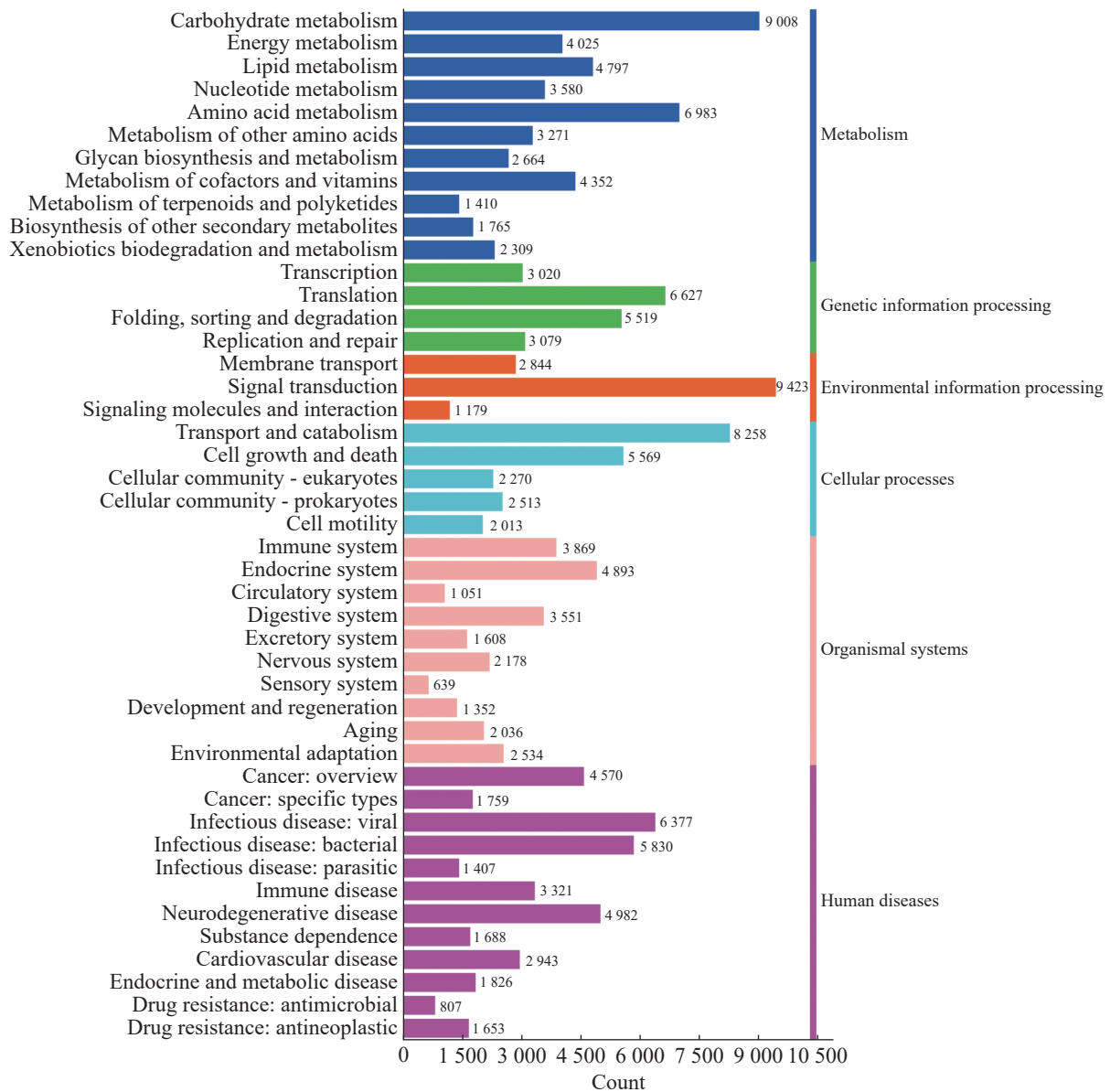
Fig. 9 Heatmap of mosquito gene function annotation in 4 different pig farms in 4 different cities and counties in 2024

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<sup>[20]</sup>。然而



注: 横坐标代表基因数目, 纵坐标代表二级通路名称。右侧图注代表二级通路对应的一级通路名称。

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

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、中华按蚊、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, 与细菌域和真核生物域共同构成生物分类学中的三大域<sup>[21]</sup>。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<sup>[22]</sup>, 但在分子水平上, 它们与真核生物更为接近<sup>[23]</sup>。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<sup>[24]</sup>。

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<sup>[25]</sup>。此外,变形菌门中的一些成员能够吞噬细菌和其他有机物<sup>[26]</sup>,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<sup>[27]</sup>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<sup>[28]</sup>。同时厚壁菌门的细菌能通过分泌抗菌肽<sup>[29]</sup>、毒素等增强昆虫对寄生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<sup>[17-19]</sup>、器官损伤、脑膜炎和致命的出血性疾病等<sup>[16]</sup>,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<sup>[30]</sup>,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<sup>[31]</sup>,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<sup>[32]</sup>,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,可能的原因是白沙采集地点为高山丛林且养殖模式为放养型。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。

通过分析可以得知不同的猪场蚊子都有其独特的微生物群落,这可能与蚊子种类和生活环境相关。蚊子种类组成和生存环境越相似,共生微生物群落越相似。

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<sup>[33]</sup>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<sup>[13]</sup>。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<sup>[34]</sup>。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<sup>[35]</sup>。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<sup>[36]</sup>。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,这对于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] 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>
- [17] 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>
- [18] 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>
- [19] Corsaro D, Venditti D. Emerging chlamydial infections [J]. *Critical Reviews in Microbiology*, 2004, 30(2): 75–106. <https://doi.org/10.1080/10408410490435106>
- [20] 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>
- [21] 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>
- [22] 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](https://doi.org/10.1016/S0959-437X(05)80206-0)
- [23] 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](https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2445-6_1)
- [24] 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>
- [25] 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>
- [26] 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>
- [27] 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>
- [28] Li H W, Zhao C W, Yang Y, et al. The influence of gut microbiota on the fecundity of *Henosepilachna vigintipunctata*

- octopunctata* (Coleoptera: Coccinellidae)[J]. *Journal of Insect Science*, 2021, 21(4): 15. <https://doi.org/10.1093/jisesa/ieab061>
- [29] 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/mmb.00037-22>
- [30] 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>
- [31] 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>
- [32] 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>
- [33] 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>
- [34] 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>
- [35] Feng Y B, Peng Y Q, Song X M, et al. *Anopheles* 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>
- [36] 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<sup>#</sup>, Wang Jinhua<sup>\*</sup>, 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*, *Anopheles sinensis*, *Culex pipiens pallens* and *Culex 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)