

蜂花粉对高脂血症大鼠肠道菌群的调节作用*

李震^{1,2**} 刘志勇³ 张永^{1,2} 曾志将^{1,2***}

(1. 江西农业大学蜜蜂研究所, 南昌 330045; 2. 江西省蜜蜂生物学与饲养重点实验室, 南昌 330045;
3. 江西中医药大学实验动物科技中心, 南昌 330006)

摘要 【目的】 本实验旨在探究蜂花粉是否对高脂血症大鼠的肠道菌群具有调节作用。【方法】 设置 80、400 和 800 mg/kg 3 个蜂花粉剂量组, 另外设置高脂模型组和空白对照组, 对高脂血症大鼠持续灌胃 60 d 后, 利用 16S rDNA 测序技术测定大鼠直肠内容物中的菌群结构及多样性。【结果】 高脂血症大鼠肠道中的细菌多样性相比空白对照组有下降趋势, 且经过蜂花粉灌胃后并不能逆转这种趋势。从门水平上分析, 5 个组的大鼠肠道中厚壁菌门 Firmicutes、拟杆菌门 Bacteroidetes 和疣微菌门 Verrucomicrobia 占总细菌的 95.8% 以上。从属水平上分析, 与空白对照组相比, 3 个蜂花粉剂量组的大鼠肠道中拟杆菌属 *Bacteroides*、粪球菌属 *Coprococcus* 和副普雷沃氏菌属 *Paraprevotella* 丰度显著下降 ($P < 0.05$); 与高脂模型组相比, 3 个蜂花粉组大鼠肠道中阿克曼菌属 *Akkermansia* 丰度上升 ($P > 0.05$), 而蜂花粉中剂量组大鼠肠道中拟杆菌属 *Bacteroides* 丰度显著上升 ($P < 0.05$)。【结论】 蜂花粉对高脂血症大鼠肠道微生物结构具有一定的调节作用。

关键词 蜂花粉; 大鼠; 高脂血症; 肠道菌群

Effect of bee pollen on the gut microbiota of hyperlipidemic rats

LI Zhen^{1,2**} LIU Zhi-Yong³ ZHANG Yong^{1,2} ZENG Zhi-Jiang^{1,2***}

(1. Honeybee Research Institute, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China;
2. Jiangxi Province Key Laboratory of Honeybee Biology and Beekeeping, Nanchang 330045, China;
3. Laboratory Animal Science and Technology Center, Jiangxi University of Traditional Chinese Medicine, Nanchang 330006, China)

Abstract 【Objectives】 To investigate whether bee pollen regulates the gut flora of hyperlipidemic rats (*Rattus norvegicus*). 【Methods】 Hyperlipidemic rats were given three doses of bee pollen (80, 400 and 800 mg/kg) over 60 days, after which the structure and diversity of their gut bacteria was determined using 16S rDNA high-throughput sequencing. 【Results】 The alpha diversity index (Shannon, Simpson) and richness index (Chao, Ace) indicate that the diversity of the rats' gut bacteria declined, and that this was not reversed by bee-pollen gavage. The Firmicutes, Bacteroidetes and Verrucomicrobia accounted for more than 95.8% of all bacteria found in all three treatment groups. The abundance of Firmicutes in the high fat model group, and in the low and medium dose bee pollen groups, decreased significantly ($P < 0.05$), compared to the control group. At the genus level, the abundance of *Bacteroides*, *Coprococcus* and *Paraprevotella* decreased significantly in all three pollen-treatment groups compared to the control group ($P < 0.05$). *Bacteroides* abundance in the medium pollen-dose group increased significantly ($P < 0.05$) and the abundance of *Akkermansia* in all three pollen-treatment groups increased ($P > 0.05$) compared to the high-fat model group. 【Conclusion】 The gut bacteria of hyperlipidemic rats can be altered by bee pollen.

Key words bee pollen; rats; hyperlipidemia; gut microbiota

蜂花粉是蜜蜂从粉源植物上采集的花粉粒, 并混合了花蜜和自身的唾液腺分泌物所形成的

*资助项目 Supported projects: 国家蜂产业技术体系 (CARS-44-kxj15)

**第一作者 First author, E-mail: 3080717121@qq.com

***通讯作者 Corresponding author, E-mail: bees1965@sina.com

收稿日期 Received: 2020-07-10; 接受日期 Accepted: 2020-08-18

不规则椭圆团状物(王开发等, 2009)。采集有花植物花粉是蜜蜂的一种自发行为, 因为蜂花粉是蜂群繁殖后代所必需的营养物质, 且在采集的同时可以起到植物授粉作用(曾志将, 2020)。蜂花粉也是人类食用花粉的主要来源之一, 其营养非常丰富, 包含蛋白质、氨基酸、脂类、脂肪酸、酶类、多种维生素和微量元素等(杨开, 2011; Kieliszek *et al.*, 2018)。

肠道菌群是一个由数万亿微生物组成的复杂生态系统, 它自宿主出生起就共同发育, 依赖于宿主的基因组、营养和生活方式(Nicholson *et al.*, 2012)。肠道菌群的平衡有利于宿主的健康生长和发育, 肠道菌群的紊乱与宿主体内慢性代谢紊乱有关(Ehlers and Kaufmann, 2010; Wu and Lewis, 2013; Vaiserman *et al.*, 2017)。近十几年来, 由于生活水平的提高, 人们的饮食结构发生了极大的变化。高脂高糖的饮食模式造成越来越多的人患有慢性疾病, 例如肥胖、高脂血症和糖尿病等(Mokdad *et al.*, 2001; Harding *et al.*, 2019; Taghizadeh *et al.*, 2019)。然而, 吃同样食物和拥有同样运动量的人患慢性疾病程度不同, 或者不患有慢性疾病。这很可能与肠道微生物的组成结构不同有关, 人体肠道内的某些食物组分只能被肠道微生物前处理后才能被正常吸收, 有益菌的代谢产物会维持人体身体健康, 而有害菌代谢产物积累则会导致人体患有慢性疾病的概率大幅上升(Bäckhed *et al.*, 2004)。当前, 利用天然活性成分来治疗慢性疾病是一个研究热点。而大量证据表明在使用多糖、黄酮类化合物、多酚等活性物质治疗慢性疾病时也会影响肠道微生物的组成(Zhang *et al.*, 2018; Radhika *et al.*, 2019; Santangelo *et al.*, 2019)。

最新的研究表明五味子蜂花粉能显著增加肥胖小鼠肠道内乳酸菌和双歧杆菌的丰度, 同时也能抑制假单胞菌这一致病菌的生长, 并且具有抑制肝脏细胞中脂质沉积功效(Cheng *et al.*, 2019)。为了进一步评价蜂花粉对高脂血症动物肠道菌群的影响, 本研究采用白莲蜂花粉来灌胃高脂血症大鼠, 收集其肠道内容物后利用 16S rDNA 测序技术来研究蜂花粉对肠道菌群多样性

的调节作用, 以期为蜂花粉的生物学活性提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 白莲蜂花粉的生产

白莲花粉的生产参照江武军等(2018)的生产方法。

1.2 实验动物

雄性实验大鼠饲养在江西中医药大学动物实验科技中心的屏障实验室内, 大鼠均为雄性, 体重 87-96 g。

1.3 主要实验仪器

电子台秤、全自动生化仪。

1.4 高脂饲料配方

饲料配方参照李震等(2019)的方法。

1.5 大鼠造模

将 24 只高脂血症大鼠分为 4 个实验组。参照人推荐用量 20 g/d·50 kg (即人用量 400 mg/d·kg)(李震等, 2019)。实验设置高脂模型组(High fat model group, 缩写为 M)、蜂花粉低剂量组(Pollen with low dose group, 缩写为 PL)(80 mg/d·kg); 蜂花粉中剂量组(Pollen with middle dose group, 缩写为 PM)(400 mg/d·kg)和蜂花粉高剂量(Pollen with high dose group, 缩写为 PH)(800 mg/d·kg)。同时设置饲喂正常饲料的大鼠作为空白对照组(Blank control, 缩写为 C), 该组大鼠数量为 8 只。

1.6 大鼠肠道菌群细菌 16S rDNA 测序分析

第 60 天取大鼠直肠粪便放入液氮中保存, 每组取 3 份样品, 用干冰寄往华大基因公司测序。

1.7 数据分析

数据用平均值±标准误表示, 实验数据利用 Statview 5.01 统计软件进行比较分析($P < 0.05$), 采用 LSD 进行多重比较。

2 结果与分析

2.1 蜂花粉对大鼠肠道菌群多样性的影响

2.1.1 OUT 数比较 从图 1 可以知道, 5 个试验组 (C、M、PL、PM、PH) 大鼠直肠粪便样本中分别检测到 OTU 数为 587、535、593、565 和 568 个, 其中 5 个组相同的 OTU 数为 423 个。5 个处理组各自特有的 OTU 为 28 个 (占 C 总 OTU 的 4.77%)、10 个 (占 M 总 OTU 的 1.87%)、9 个 (占 PL 总 OTU 的 1.52%)、6 个 (占 PM 总 OTU 的 1.06%) 和 6 个 (占 PH 总 OTU 的 1.05%)。

2.1.2 Alpha 多样性分析 通过分析直肠粪便样品的多样性 (Alpha diversity) 来检测大鼠肠道中细菌物种的丰富度以及多样性 (表 1)。与高脂模型组相比, 蜂花粉低剂量组和高剂量组的 Chao 指数和 Ace 指数增加 ($P > 0.05$), 表明高脂血症大鼠在灌胃蜂花粉后, 其肠道群落丰度会上升。

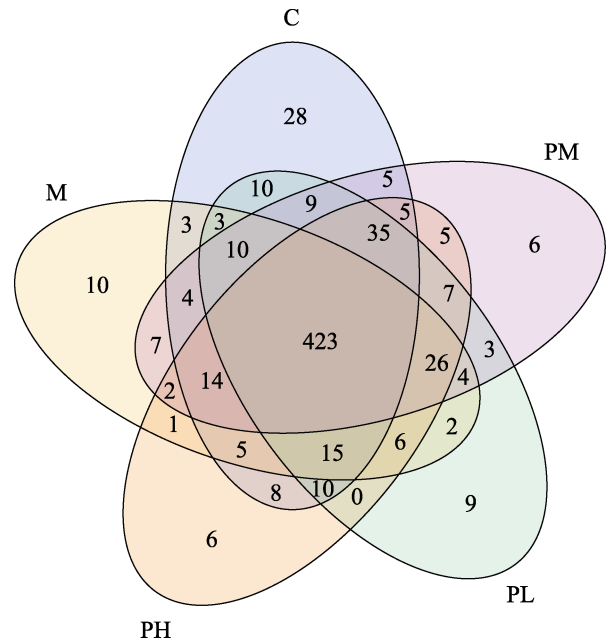


图 1 5 组大鼠肠道粪便中的 OTU 韦恩图
Fig. 1 OTU venn figure in the gut feces of 5 groups of rats

表 1 5 组大鼠肠道粪便样品 Alpha 多样性指数统计

Table 1 Alpha diversity index statistics of 5 groups of gut fecal samples

项目 Items	空白对照组 Blank control group	高脂模型组 High fat model group	蜂花粉低剂量组 Pollen with low dose group	蜂花粉中剂量组 Pollen with middle dose group	蜂花粉高剂量组 Pollen high with dose group
查奥指数 Chao index	524.397±15.364a	472.772±6.607a	499.806±31.274a	477.665±18.293a	507.186±27.322a
艾斯指数 Ace index	519.527±11.211a	471.291±7.518a	495.101±30.801a	475.355±19.414a	501.746±20.133a
香农指数 Shannon index	4.211±0.163a	4.204±0.081a	4.142±0.223a	4.068±0.065a	4.084±0.250a
辛普森指数 Simpson index	0.052±0.015a	0.039±0.008a	0.055±0.018a	0.043±0.006a	0.062±0.022a
覆盖率 Coverage	99.89%	99.90%	99.89%	99.90%	99.90%

表中同行数据后标有相同小写字母表示不同处理间差异不显著 ($P > 0.05$), 不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。下表同。
The data followed by the same lowercase letters indicate no significant difference at the 0.05 level between different treatments, while followed by the different letters indicate significant difference at the 0.05 level. The same below.

结合 Shannon 和 Simpson 2 种指数可以看出, 与高脂模型组相比, 3 个蜂花粉剂量组肠道菌落多样性有下降的趋势 ($P > 0.05$)。

2.2 蜂花粉对大鼠肠道菌群结构的影响

2.2.1 大鼠肠道菌群门水平结构分析 5 组大鼠肠道粪便中共检测到包括厚壁菌门 Firmicutes、拟杆菌门 Bacteroidetes、疣微菌门 Verrucomicrobia、

变形菌门 Proteobacteria、柔膜菌门 Tenericutes、放线菌门 Actinobacteria、蓝细菌门 Cyanobacteria 和 TM7 细菌在内的 8 中菌门。5 组粪便样品中所含的细菌门主要为 Firmicutes、Bacteroidetes 和 Verrucomicrobia, 总丰度达 95.8% (表 2)。从表 2 可知: 高脂模型组和蜂花粉低、中剂量组大鼠肠道中 Tenericutes 丰度显著低于空白对照组 ($P < 0.05$)。蜂花粉高剂量组大鼠肠道中

表 2 蜂花粉对大鼠肠道菌群门水平的影响
Table 2 Effect of bee pollen on the phylum level of gut flora in rats

门 Phylum	空白对照组 Blank control group	高脂模型组 High fat model group	蜂花粉低剂量组 Pollen with low dose group	蜂花粉中剂量组 Pollen with middle dose group	蜂花粉高剂量组 Pollen with high dose group
厚壁菌门 Firmicutes	0.429±0.029a	0.554±0.118a	0.460±0.077a	0.469±0.051a	0.533±0.044a
拟杆菌门 Bacteroidetes	0.506±0.046a	0.361±0.131ab	0.305±0.020ab	0.397±0.060ab	0.268±0.040b
疣微菌门 Verrucomicrobia	0.048±0.028a	0.070±0.065a	0.193±0.052a	0.095±0.047a	0.176±0.084a
变形菌门 Proteobacteria	0.012±0.003a	0.013±0.003a	0.039±0.006a	0.038±0.022a	0.019±0.004a
柔膜菌门 Tenericutes	0.003±0.001a	2.424×10 ⁻⁴ ±7.558×10 ⁻⁵ b	0.001±0.001b	0.001±2.936×10 ⁻⁴ b	0.002±8.460×10 ⁻⁴ ab
放线菌门 Actinobacteria	0.001±4.656×10 ⁻⁴ a	0.001±4.517×10 ⁻⁴ a	0.001±8.300±10 ⁻⁵ a	0.001±1.852×10 ⁻⁴ a	0.001±3.952×10 ⁻⁴ a
蓝细菌门 Cyanobacteria	-	-	-	-	-
TM7 菌门 TM7	-	-	-	-	-

- 代表细菌含量太低。

- indicates that the bacterial content is too low.

Tenericutes 丰度下降 ($P > 0.05$), 与空白对照组相比无统计学差异; 3 个蜂花粉剂量组大鼠肠道中 Bacteroidetes 丰度低于空白对照组 ($P > 0.05$), 差异无统计学意义。3 个蜂花粉剂量组大鼠肠道中 Verrucomicrobia 丰度高于高脂模型组, 但差异未达到显著水平 ($P > 0.05$)。

2.2.2 大鼠肠道细菌属水平结构分析 将粪便样品中的细菌进一步分化到属水平上分析, 未注释菌属 Others、艾克曼菌属 *Akkermansia*、颤螺菌属 *Oscillospira* 和副普雷沃氏菌属 *Parabacteroides* 共 4 个菌属丰度占比达 64.5% (表 3)。与空白对照组相比, 高脂模型组蜂花粉低、中剂量组的大鼠肠道中拟杆菌属 *Bacteroides* 丰度显著下降 ($P < 0.05$); 高脂模型组和 3 个蜂花粉剂量组大鼠肠道中 *Oscillospira* 丰度均显著下降; 蜂花粉低剂量组大鼠肠道中 rc4-4 菌的丰度显著上升 ($P < 0.05$)。蜂花粉中剂量组大鼠肠道中拟杆菌属 *Bacteroides* 丰度显著高于高脂模型组 ($P < 0.05$)。3 个蜂花粉剂量组大鼠肠道中艾克曼菌属 *Akkermansia* 丰度与高脂模型组相比均呈上升趋势 ($P > 0.05$), 但差异

无统计学意义。同时 3 个蜂花粉剂量组大鼠肠道中普雷沃氏菌属 *Prevotella* 丰度与高脂模型组相比均呈下降趋势 ($P > 0.05$), 差异无统计学意义。

3 讨论

幼体哺乳动物的肠道在母体中可能是无菌的, 其肠道菌群主要来自于母体的定殖和后天的摄入 (Lynch and Pedersen, 2016)。其中, 饮食环境对机体肠道微生物的影响最为巨大。相关动物实验证明, 饮食结构发生调整后的 1 d 内即可诱导小鼠肠道菌群微生物环境发生变化 (David et al., 2013)。以动物脂肪为主要能量来源的个体肠道中拟杆菌属 *Bacteroides* 含量会增加, 而以碳水化合物为主食的个体肠道中含有较多的普雷氏菌属 *Prevotella* (张晶等, 2015)。本研究发现大鼠在饲喂高脂饲料后, 在门水平上, 肠道菌群中的拟杆菌门 Bacteroidetes 丰度显著下降, 这与 Turnbaugh 等 (2006) 的研究结果相一致。且灌胃蜂花粉对大鼠肠道中 Bacteroidetes 的丰度不会造成显著影响。高脂模型组大鼠肠道中

表 3 蜂花粉对大鼠肠道菌群在属水平的影响
Table 3 Effect of bee pollen on the genus level of gut flora in rats

属 Genus	空白对照组 Blank control group	高脂模型组 High fat model group	蜂花粉低剂量组 Pollen with low dose group	蜂花粉中剂量组 Pollen with middle dose group	蜂花粉高剂量组 Pollen with high dose group
未注释菌属 Others	0.522±0.039a	0.547±0.024a	0.452±0.040a	0.493±0.017a	0.488±0.035a
艾克曼菌属 <i>Akkermansia</i>	0.048±0.028a	0.070±0.065a	0.193±0.052a	0.095±0.047a	0.176±0.084a
异杆菌属 <i>Allobaculum</i>	0.008±0.004a	0.004±0.003a	0.005±0.001a	0.002±0.001a	0.016±0.011a
拟杆菌属 <i>Bacteroides</i>	0.014±0.004a	0.004±0.002b	0.005±0.003b	0.014±0.003a	0.004±0.002b
粪球菌属 <i>Coprococcus</i>	0.032±0.008a	0.008±0.003b	0.009±0.002b	0.005±0.002b	0.015±0.006b
脱硫弧菌属 <i>Desulfovibrio</i>	0.006±0.003a	0.001±4.749×10 ⁻⁴ a	0.011±0.004a	0.011±0.005a	0.006±0.005a
乳杆菌属 <i>Lactobacillus</i>	0.013±0.010a	0.004±0.001a	0.014±0.004a	0.003±0.001a	0.004±0.003a
颤螺菌属 <i>Oscillospira</i>	0.069±0.016a	0.171±0.052a	0.153±0.012a	0.166±0.056a	0.131±0.039a
副普雷沃氏菌属 <i>Parabacteroides</i>	0.006±0.003a	0.019±0.008a	0.016±0.006a	0.020±0.008a	0.011±0.002a
帕拉普氏菌属 <i>Paraprevotella</i>	0.180±0.055a	0.029±0.010b	0.042±0.022b	0.078±0.038ab	0.044±0.021b
普雷沃氏菌属 <i>Prevotella</i>	0.043±0.010a	0.087±0.052a	0.035±0.021a	0.051±0.042a	0.041±0.022a
rc4-4 菌属 <i>rc4-4</i>	0.009±0.002a	0.010±0.003a	0.024±0.003b	0.011±0.006a	0.011±0.003a
瘤胃球菌属 <i>Ruminococcus</i>	0.043±0.010a	0.021±0.004ab	0.022±0.011ab	0.017±0.004b	0.018±0.010ab
萨特菌属 <i>Sutterella</i>	0.004±0.001a	0.006±0.002a	0.006±0.001a	0.005±0.002a	0.008±0.003a
罗斯氏菌属 <i>Roseburia</i>	2.366×10 ⁻⁴ ±1.874×10 ⁻⁴ c	0.012±0.004b	0.009±0.003bc	0.008±0.002abc	0.004±0.001ac
螺旋杆菌属 <i>Helicobacteraceae</i>	0.002±0.001a	0.005±0.002a	0.002±0.002a	0.023±0.009a	0.024±0.009a

Tenericutes 含量显著高于空白对照组, 这表明 *Tenericutes* 可能具有作为临床诊断高脂血症菌群标志物的潜质, 但是仍需进一步临床试验来证明。

在属水平上, 与高脂模型组相比, 灌胃中剂量蜂花粉能显著增加大鼠肠道中拟杆菌属 *Bacteroides* 含量, 而且含量与空白对照组持平, 表明蜂花粉能够调节因高脂饮食诱导的肠道菌群失衡趋于正常。值得注意的是低、高剂量蜂花粉组大鼠肠道中艾克曼菌属 *Akkermansia* 丰度大幅度提高, 增幅分别为 175.7% 和 151.4%。*Akkermansia muciniphila* 是人体肠道中一种新发现的益生菌, 它发挥益生作用的机制是可以通过调节肠道内黏液厚度来维持肠道屏障完整性, 高脂饮食和大量饮酒则会减少肠道内 *Akkermansia* 的丰度 (Zhou, 2017)。这可能是蜂花粉中含有的多酚类物质发挥了作用, 多酚类物质可以促进肠道益生菌增殖, 同时抑制致病菌活性 (Cheng *et al.*, 2019)。本研究结果表明, 蜂花粉能够增加大鼠肠道中 *Akkermansia* 的丰度。但与高脂模型组相比差异并不显著, 这可能是大鼠个体肠道中的微生物含量差异和微生物互作所导致的, 后续可用无菌花粉灌胃单菌定殖大鼠来验证这一结论。

综上所述, 蜂花粉对大鼠肠道的菌群结构具有调节作用, 但具体机理还待于进一步研究。

参考文献 (References)

- Bäckhed F, Ding H, Wang T, Hooper LV, Young GK, Nagy A, Semenkovich CF, Gordon JI, 2004. The gut microbiota as an environmental factor that regulates fat storage. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(44): 15718–15723.
- Cheng N, Chen SN, Liu XY, Zhao HN, Cao W, 2019. Impact of schisandrachinensis bee pollen on nonalcoholic fatty liver disease and gut microbiota in high fat diet induced obese mice. *Nutrients*, 11(2): 346.
- David LA, Maurice CF, Carmody RN, Gootenberg DB, Button JE, Wolfe BE, Ling AV, Devlin AS, Varma Y, Fischbach MA, Biddinger SB, Dutton RJ, Turnbaugh PJ, 2013. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*, 505(7484): 559–563.
- Ehlers S, Kaufmann SHE, 2010. Infection, inflammation, and chronic diseases: Consequences of a modern lifestyle. *Trends in Immunology*, 31(5): 184–190.
- Harding JL, Pavkov ME, Magliano DJ, Shaw JE, Gregg EW, 2019. Global trends in diabetes complications: A review of current evidence. *Diabetologia*, 62(1): 3–16.
- Kieliszek M, Piwowarek K, Kot AM, 2018. Pollen and bee bread as new health-oriented products: A review. *Trends in Food Science & Technology*, 71: 170–180.
- Li Z, Liu ZY, Jiang WJ, He XJ, Yan WY, Zhang LZ, Zeng ZJ, 2019. Effects of natural bee bread on blood lipid, antioxidant and immunity in rats with hyperlipidemia. *Scientia Agricultura Sinica*, 52(16): 2912–2920. [李震, 刘志勇, 江武军, 何旭江, 颜伟玉, 张丽珍, 曾志将, 2019. 天然蜂粮对高脂血症大鼠血脂、抗氧化及免疫功能的影响. *中国农业科学*, 52(16): 2912–2920.]
- Lynch SV, Pedersen O, 2016. The human intestinal microbiome in health and disease. *New England Journal of Medicine*, 375 (24): 2369–2379.
- Mokdad AH, Ford ES, Bowman BA, Dietz WH, Vinicor F, Bales VS, Marks JS, 2001. Prevalence of obesity, diabetes, and obesity-related health risk factors. *JAMA: The Journal of the American Medical Association*, 289(1): 76–79.
- Nicholson JK, Holmes E, Kinross J, Burcelin R, Gibson G, Jia W, Pettersson S, 2012. Host-gut microbiota metabolic interactions. *Science*, 336(6086): 1262–1267.
- Radhika G, Nicolas P, Benjamin JM, Hanief SM, Robert B, Quan SH, Karumuthil-Melethil S, Chenthamarakshan V, 2019. Complex dietary-polysaccharide modulates gut immune function and microbiota, and promotes protection from autoimmune diabetes. *Immunology*, 157(1): 70–85.
- Santangelo R, Silvestrini A, Mancuso C, 2019. Ginsenosides, catechins, quercetin and gut microbiota: Current evidence of challenging interactions. *Food and Chemical Toxicology*, 123: 42–49.
- Taghizadeh E, Mardani R, Rostami D, Taghizadeh H, Bazireh H, Hayat SMG, 2019. Molecular mechanisms, prevalence, and molecular methods for familial combined hyperlipidemia disease: A review. *Journal of Cellular Biochemistry*, 6(120): 8891–8898.
- Turnbaugh PJ, Ley RE, Michael MA, Magrini V, Mardis ER, Gordon JI, 2006. An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest. *Nature (London)*, 444(7122): 1027–131.
- Vaiserman AM, Koliada AK, Marotta F, 2017. Gut microbiota: A player in aging and a target for anti-aging intervention. *Ageing Research Reviews*, 35(Complete): 36–45.

- Wang KF, 2009. Nutritional Value of Pollen and Diet Ootherapy. Beijing: Chemical Industry Press. 8–13. [王开发, 2009. 花粉营养价值与食疗. 北京: 化学工业出版社. 8–13.]
- Wu GD, Lewis JD, 2013. Analysis of the human gut microbiome and association with disease. *Clinical Gastroenterology & Hepatology the Official Clinical Practice Journal of the American Gastroenterological Association*, 11(7): 774–777.
- Yang K, 2011. Chemical characterization, bioactivity substance, extraction and evaluation *in vitro* of bee pollen. Doctoral dissertation. Hangzhou: Zhejiang University. [杨开, 2011. 蜂花粉成分分析、功能物质提取和体外活性研究. 博士学位论文. 杭州: 浙江大学.]
- Zeng ZJ, 2020. Advances in honeybee biology in China over the past 70 years. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 57(2): 259–264. [曾志将, 2020. 中国 70 年来蜜蜂生物学研究进展. 应用昆虫学报, 57(2): 259–264.]
- Zhang J, Qin XL, Liu X, 2015. A review of the influence of major dietary macronutrients on the gut microbiota. *Food Science*, 36(5): 305–309. [张晶, 覃小丽, 刘雄, 2015. 膳食主成分对肠道微生物的影响研究进展. 食品科学, 36(5): 305–309.]
- Zhang NN, Guo WH, Hu H, Zhou AR, Liu QP, Zheng BD, Zeng SX, 2018. Effect of a polyphenol-rich *Canarium album* extract on the composition of the gut microbiota of mice fed a high-fat diet. *Molecules*, 23(9): 2188.
- Zhou KQ, 2017. Strategies to promote abundance of, *Akkermansia muciniphila*, an emerging probiotics in the gut, evidence from dietary intervention studies. *Journal of Functional Foods*, 33: 194–201.



草地贪夜蛾 *Spodoptera frugiperda* (Smith) 幼虫

草地贪夜蛾隶属于鳞翅目 (Lepidoptera) 夜蛾科 (Noctuidae) 原产地为美洲热带和亚热带气地区。2016 年入侵非洲, 2018 在亚洲的印度首先发现并在南亚和东南亚快速扩散到周边国家, 2019 年 1 月入侵中国云南并迅速扩散到 20 多个省区。

草地贪夜蛾幼虫有 6 个龄期, 6 龄幼虫体长可达 35-40 mm, 老熟幼虫的面部有白色倒“Y”型条纹, 腹部末节背面有呈正方形排列的 4 个黑斑。幼虫期的长短受温度影响很大, 温度越高发育越快, 通常为 14-30 d 就可以完成从卵孵化只幼虫化蛹。

(张润志, 中国科学院动物研究所)