

任向辉,赵庆杰,崔建新,等. 春芝麻娇驼跷蜻的发生与分布指标[J]. 江苏农业科学,2022,50(7):118-123.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.07.018

春芝麻娇驼跷蜻的发生与分布指标

任向辉¹, 赵庆杰^{1,2}, 崔建新¹, 余 昊¹, 时文举¹

(1. 河南科技学院资源与环境学院/新乡市农作物重大有害生物防控重点实验室,河南新乡 453003;

2. 陕西省农业广播电视学校富平县分校,陕西富平 711700)

摘要:对 3 块春芝麻地的娇驼跷蜻进行 2 年不同月份密度、终花期空间分布以及寄主植物的株高、穗长、蒴果数、叶片均长等生态因子的调查,对该害虫 6 月发生量数据进行分布型指标计算与序贯抽样研究,结合相关环境因子数据进行了对应分析(CA)、R 语言随机森林(RF)模型分析与发生因素的加权列联表分析。结果表明,此虫在春芝麻田为弱聚集分布型, $M-M^*$ 回归方程为 $M^*=4.71+1.52M(r=0.92)$,其密度与月平均气温、降水量的二元线性回归方程为 $y(\text{密度})=14.82x_1(\text{均温})+4.31x_2(\text{降水量})-227.66(R=0.99)$ 。对应分析与随机森林模型分析表明娇驼跷蜻在春芝麻植株上的个体数与植株株高负相关而与叶片长度呈正相关,借助软件绘出 CA 和 RF 分析的各因子二维效应图。此外加权列联表分析表明株高与叶长指标深度影响此虫发生水平,结合泡桐数据可看出此虫发生与环境关联度高,可借助其芝麻发生数据预测乔木发生密度。此虫食性杂、春季增长率惊人,特殊生境应警惕暴发性流行。

关键词:春芝麻;娇驼跷蜻;分布型;随机森林模型;加权列联表分析

中图分类号: S433.3;S435.653

文献标志码: A

文章编号: 1002-1302(2022)07-0118-06

娇驼跷蜻 [*Gampsocoris pulchellus* (Dallas)] 系危害兰考泡桐 (*Paulownia elongata* S. Y. Hu)、木槿 (*Hibiscus syriacus* Linn.)、蔷薇科 (Rosaceae) 果木、

芝麻 (*Sesamum indicum* Linn.) 与大豆 [*Glycine max* (Linn.) Merr.] 等寄主的全国广布性刺吸式害虫,其喜在芝麻果穗上聚集,木槿较多的蓉城成都春季它是随处可见的“城市害虫”^[1]。该虫生活史短、食性杂、春季增长率高且迁移距离远,体型细小、飞行快且天敌较多,种群年际动态规律复杂,所以它一般不被关注,近 20 年国内外研究文献几乎空白,笔者没查到它在寄主植物丰富且气候很适宜其生存的江苏地区的近期文献^[2-4]。该虫是多种植病传播的媒介,试验表明其携带泡桐丛枝病类菌体后侵

收稿日期:2021-06-27

基金项目:国家现代农业产业技术体系建设专项(编号:CARS-45-SYZ10);国家自然科学基金面上项目(编号:31272103);河南省大学生创新创业项目(编号:S201810467010);国家大学生创新创业项目(编号:20130515403)。

作者简介:任向辉(1967—),男,河南温县人,硕士,讲师,从事昆虫生理生态与害虫综合防治研究。E-mail:renxianghui@sina.com。

究[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2014:71-73.

[14] 蓝波沙. 斜纹夜蛾肠道细菌多样性及其功能研究[D]. 福州:福建农林大学,2016:1-4.

[15] 陆 芳. 稻水象甲体内细菌多样性及其和生殖的关系[D]. 杭州:浙江大学,2014:43-44.

[16] 钟俊鸿,李丽英,戴自荣,等. 抗生素对家白蚁的毒效试验[J]. 昆虫天敌,1991,13(1):43-50.

[17] 张 静,张 博. 昆虫肠道微生物研究进展[J]. 科技创新与应用,2017(5):50.

[18] 黄 云,詹先进,蓝家祥,等. 昆虫肠道微生物的研究进展[J]. 湖北农业科学,2009,48(11):2888-2890.

[19] 王金华,李 彪,张武先,等. 五龄思茅松毛虫幼虫的肠道好氧细菌多样性分析[J]. 应用昆虫学报,2013,50(1):230-234.

[20] 黄秀梨,辛明秀. 微生物学实验指导[M]. 2 版. 北京:高等教育

出版社,2008:48-50.

[21] 东秀珠,蔡妙英. 常见细菌系统鉴定手册[M]. 北京:科学出版社,2001:364-397.

[22] 朱旭芬. 现代微生物学实验技术[M]. 杭州:浙江大学出版社,2011:269-275.

[23] 周德庆,徐德强,胡宝龙. 微生物学实验教程[M]. 3 版. 北京:高等教育出版社,2013:350-352.

[24] 马艳芳,陈升富,王金华,等. 思茅松毛虫 7 龄幼虫肠道好氧细菌的筛选及毒力测定[J]. 中国森林病虫,2012,31(1):1-4.

[25] Wooley J C, Godzik A, Friedberg I A. A primer on metagenomics[J]. PLoS Computational Biology, 2010, 6(2): e1000667.

[26] Long L L, Guo J J, Li P, et al. Bacterial diversity in *Bercaea cruentata* gut described using high-throughput sequencing[J]. Forensic Science International (Genetics Supplement Series), 2015, 5: e479-e481.

染辣椒 (*Capsicum annuum* L.) 苗致病时间达 31 d^[5-7]。为充分利用空闲地和采收保健蔬菜芝麻叶菜,现在小片种植的春芝麻很多,将来随着中叶芝 1 号等叶用芝麻品种的推广春芝麻将更常见,此害虫的关注度将会提高。这些分散分布的春芝麻植株上娇驼跷蜡地面聚集点是研究该虫理想的数量生态学调查点,可开展增长型、分布格局、分布因素排序、序贯抽样以及预测建模等方面的研究。笔者针对这些内容在 3 块系统田进行了 2 年的相关数据调查,利用 DPS 平台计算了娇驼跷蜡最适抽样数以及该地田间防治指标,并进行了生态学对应分析 (CA)、R 语言随机森林 (RF) 建模分析和加权列联表预测,结合泡桐调查数据探讨了此虫暴发性发生的可能性以及利用芝麻地面调查数据预测乔木寄主发生量的技术可行性。

1 材料与方法

1.1 调查场地和试虫数据采集

调查场地选择河南科技院校新东校区中被小麦 (*Triticum aestivum* L.) 与玉米 (*Zea mays* L.) 轮作大田分隔开来的有代表性的 3 块不相邻的春芝麻试验田,3 块地光照和水肥条件比较好,面积为 5 000 m² 左右,栽培的品种为当地最常见的郑芝 12 号白芝麻。每年这些地块不套种其他作物,开春不打农药。3 个地块周围的大田混有苘麻 (*Abutilon theophrasti* Medicus)、牛筋草 [*Eleusine indica* (L.) Gaertn.] 等杂草,便于娇驼跷蜡不同时间从 1 000 m 以外乔木寄主迁移过来栖息,此外每年各试验地块 4 月初不进行间苗操作且不打顶,所以 6 月芝麻植株丛较大且各个芝麻丛高度与成熟程度差异较大,适合做该虫相同生态背景下针对寄主植株不同生长指标的系统调查田^[8-10]。

通过 2020 年 4 月初以来对新乡东郊方圆 6 000 m 内路边小块春芝麻地的调查,发现此虫迁移能力强所以各个地块密度近似,6 月与 7 月初的发生高峰百株虫量都是 4 000 头左右。将 3 块地采用棋盘格取样法分散取 30 个点,于 2020 年 4—7 月的 1 个春芝麻完整生长期与 2021 年 4—6 月的 1 个与泡桐正比例同步增长阶段,分别进行每月 1 次 100 株 1 点的百株虫量调查,以推算每株发生均值。春季调查时此虫为外迁而来的第 1 代新发个体或越冬复苏个体,因此统计寄主植株上附着的成虫与极少量稚虫数。该虫对芝麻有强趋性所以可对芝麻

植株各部分直接准确计数,但因该虫飞行快且泡桐植株高大,对泡桐只能采用细眼捕虫网快速对个别低矮枝梢罩头的方法计数,约 1/4 虫子逃逸所以所得数据为枝梢的发生量局部数据,每次取统计学大样本 40 个低矮枝梢进行调查。淇县北阳镇史庄近千亩 (1 hm² = 15 亩) 连片桐麦间作的国道附近泡桐枝梢 3 次计数与 2020 年 9 月校东区夏芝麻的娇驼跷蜡均值调查也进行对比分析。害虫发生与寄主生长指标关系的调查选择在春芝麻株形较大且叶、花、果俱现的 2021 年 6 月上旬终花期进行,共进行了 12 个样方 60 个点的调查,1~4、5~8、9~12 号样方所在的 3 块地各 20 个点^[9-11]。调查时发现极少量绿色的锤胁跷蜡 [*Yemma signatus* (Hsiao)] 与娇驼跷蜡混合危害,计数时对其不予统计^[9]。

由于 6 月上旬初步调查时发现生长高度与花序成熟程度相似的芝麻株发生量十分接近,为进一步保证数据的稳定性,每个计数点芝麻丛选取 10 株高低、枝叶色泽与花序形态相似的相邻芝麻植株进行。取这 10 株芝麻的株高、穗长、蒴果数、叶片平均长度、所附着的娇驼跷蜡等 5 个因素数据的平均数作为以后排序分析时 1 个调查点的 5 个变量值。每个样方中心点取 1 个芝麻丛,在此调查点周围采用五点取样法再选取 4 个沿 90° 角度方向延伸 3 m 处的 5 个植株丛的调查点^[11-13]。

1.2 各月百株虫量与气候相关度计算

查阅中国天气网、新乡市气象局官网的 2020 年农业气象周报与月报,用 Excel 绘制春芝麻完整生长期 4 个月的发生量数据与月均温、月降水量等因素柱形图,利用 SigmaPlot 软件进行二元线性回归计算与 3 - D 回归效果图绘制并计算相关度 R 值^[11-13]。

1.3 聚集度指标计算与理论抽样数确定

利用 DPS 18.1 的单因素方差分析模块判断 2021 年 6 月上旬 3 田块发生量数据的差异性,将各样方因变量数值均值与方差输入 DPS 18.1 进行分布型参数与相关回归方程的计算,采用 DPS 分布格局模块的默认有效数字位数。分析指标为 DPS 自动生成的平均拥挤度 (M^* 指标)、聚集度指数 (M^*/M 指标)、丛生指数 (I 指标)、 K 指标与 CA 指标等聚集度指标,其含义见相关文献^[11]。此外 DPS 还给出了 Taylor 幂法则回归方程和 $M^* - M$ 回归 IWAO 方程。根据 IWAO 方程的 α 与 β 确定序贯抽样模型不同允许误差与不同虫口密度条件下的最适抽样数 Q ,利用防治

阈值 x_0 、 α 与 β 这 3 个参数采用 IWA0 提出的序贯抽样模型 ($D = nx_0 \pm t\sqrt{n[(\alpha+1)x_0 + (\beta-1)x_0^2]}$) 确定抽样数 n 时的防治界限^[11-13]。

1.4 CA 分析与随机森林建模分析方法

利用生态学软件 CONOCO 对 2021 年终花期调查得到的 4 个环境因子自变量和 1 个害虫发生数量因变量进行 CA 分析(对应分析),分析前将 4 个自变量数据的每个数值进行减平均值并除方差的常规无量纲化转换,所有相关关系计算采用 CONOCO 默认算法。环境因子与生物因子之间的二维排序图由 CONOCO 根据 CA 分析所得到的各个变量的相关矩阵自动绘出^[11-13]。将无量纲转换后的环境变量与发生量数据作 CSV 格式 Excel 输入 R 软件后运行美国加州大学伯克利分校 Andy Liaw 和 Matthew Wiener 开发的 randomForest 程序包进行 RF 回归分析模型建模,模型决策树数目设定为 1 000,运行 varImpPlot 与 partialPlot 命令进行环境因素的排序图与偏效应图绘制^[14-15]。

1.5 加权列联表预测

初步分析表明,对于迁飞性微小害虫娇驼蛱蝶来说,栖息环境条件就大致决定了其分布密度,对 15%~85% 的本次调查点在终花期此虫数量为每株 30~40 头数值的中间水平级别。应用 DPS 软件的 scale 命令与 ffx 命令对终花期调查的所有变量数据进行分布样本数在 [0~15%]、(15%~85%)、[85%~100%] 等 3 个级别的分级分类数据变换,然后输入 DPS 加权列联表分析模块进行发生级别预测。将第 1 个样方的 1~5 号样点数据做预测样本,对 6~60 号样点数据进行 5 因素 3 水平的加权列联表分析。计算得到的 4 个自变量的随机系数矩阵与预测样本的自变量数据矩阵相乘,则可以得到预测值与四舍五入后的具体预测水平。运行 SigmaPlot 软件绘制出这 55 个样点带 95% 置信区间的发生水平与预测值的线性相关图^[11-13,15]。

2 结果与分析

2.1 百株虫量与气候相关度分析结果

2020 年 30 个样点百株虫量 4 个月的调查结果依次为 199.0、2 520.7、4 112.7、4 643.4 头,换算为每株虫量为 1.99、25.21、41.13、46.43 头。4 个月的每株虫量及其误差范围以及月均温(℃)与降水量(mm)用 Excel 绘制带折线的柱形图见图 1。

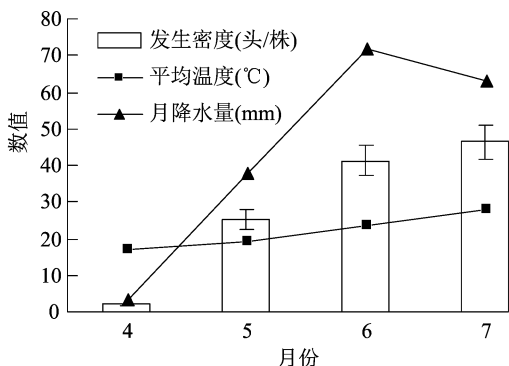


图1 娇驼蛱蝶4个月发生密度与气候因子的影响结果

由图1可知,4个调查月的发生密度成直线关系增长,这和文献中春夏季泡桐苗圃娇驼蛱蝶发生密度的月增长比例是一致的^[6]。将温度与降水量分别与发生量进行一元线性回归发现 R 值都大于 0.85。将 3 列数据输入 SigmaPlot 软件进行发生量与环境因子的二元线性回归可以得到更精准的回归结果,计算得回归方程为

$$y = 1.48x_1 + 0.43x_2 - 22.77 (R = 0.99)。(1)$$

式中: y 为发生密度,头/株; x_1 为月平均温度,℃; x_2 为月降水量,mm。SigmaPlot 软件绘出的二元线性回归 3-D 效果图见图 2。

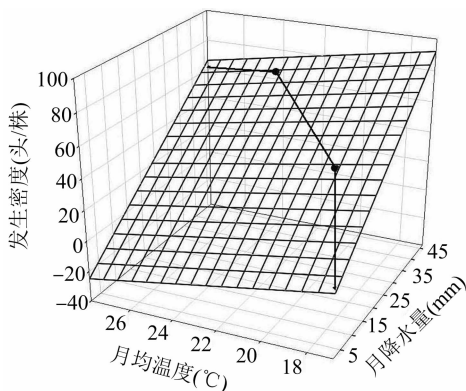


图2 二元线性回归 3-D 效果图

由图2可知,5、6月数据点紧贴拟合方程平面上方而4、7月紧贴下方,SigmaPlot 给出的拟合相关度为 0.992,拟合效果很好。说明春芝麻娇驼蛱蝶的发生量与温度及降水量在理想生存条件下呈典型的正比例关系。2020 年由于倒春寒的影响 4、5、6 月等 3 个月试验田平均发生密度为 0.08、12.39、38.87 头/株,史庄平均枝梢调查结果 0.09、8.81、18.87 头/株。2 组数直线回归相关度 R 为 0.986,未来完全可利用泡桐林旁的春芝麻娇驼蛱蝶发生密度的线性变换值测报泡桐密度,其数据较捕虫网罩头法调查的数据稳定可靠。

由于气候湿热与天敌较多,系统田周围夏芝麻田的百株虫量调查点数据差异颇大,2020 年 9 月夏芝麻试验田 30 个调查点百株虫量均值高达 4 932.07 头。由于迁移新寄主后其种群将出现世代重叠,之后该虫有呈指数增长型暴发性发生的可能性。

2.2 聚集度指标计算与理论抽样数确定

2021 年 6 月上旬分布规律调查的 12 个调查样方娇驼跷螨发生头数均值与方差如表 1 所示。

表 1 12 个样方娇驼跷螨的密度均值与方差

样方号	发生密度(头/株)		样方号	发生密度(头/株)	
	均值	方差		均值	方差
1	23.50	338.07	7	14.83	161.63
2	14.50	165.08	8	26.00	492.25
3	21.50	445.32	9	26.67	658.17
4	5.33	38.57	10	14.00	155.47
5	30.33	460.46	11	14.50	261.32
6	24.33	318.99	12	23.83	655.64

由表 1 可以看出,娇驼跷螨在春芝麻植株上分布的聚集程度差别较大。将 3 块试验田的每株发生量均值数据输入 DPS18.10 进行 3 组数据的单因素方差分析,3 地块平均每株发生量依次为 16.21、23.87、19.75,置信度 $P_{0.05}$ 与 $P_{0.01}$ 等 2 水平 LSD 检验的结果均为差异不显著。所以 3 块地虽被大田隔开,但娇驼跷螨发生的生态学特征是一致的。将表 1 数据输入 DPS 分布型数据处理模块得到了每个调查样方各个聚集度指标的具体值,12 个样方 M^* 指标、 I 指标、 M^*/M 指标、Kuno 模型 CA 指标、扩散系数 C 、负二项分布 K 指数等各分布型参数的均值与变化区间依次为 35.04 ± 15.31 、 15.10 ± 11.41 、 1.80 ± 0.37 、 0.80 ± 0.37 、 16.10 ± 11.41 、 1.37 ± 0.77 。由于调查地块间苗时间较晚且没有打顶,导致田间芝麻植株丛生生长状况差异性较大,所以各分布型指数数据差异性较大。12 个样方 CA 指标全部大于 0,因此娇驼跷螨在芝麻大田呈现弱聚集分布型,一般密度大聚集度略大,平均扩散系数 C 为 16 左右^[11-13]。

DPS 还给出了 IWA0 平均拥挤度-密度($M^* - M$)回归方程: $M^* = 4.71 + 1.52M(r = 0.92)$ 。此方程的 α 与 β 值依次为 4.71 与 1.52,说明该虫为弱聚集分布型且个体之间是相互吸引的,这可能是昆虫信息激素的作用以及喜吸食芝麻幼嫩的叶与蒴果等原因造成的。将 IWA0 方程的 α 与 β 值(4.71 与 1.52)代入 IWA0 最适抽样数公式可得到序贯抽样中该害虫最适抽样数公式(2):

$$Q = \frac{4}{d^2} \left(\frac{5.71}{m} + 0.52 \right) \quad (2)$$

式中: d 为允许误差; m 为虫口密度; t 为在一定置信度 p 下的 t 分布值,当 $p = 95\%$ 时, $t = 1.96 \approx 2$ 。如果允许误差为 0.3,害虫平均密度为 20 头/株,式(2)计算可得 Q 为 35.8,所以本次调查设计合理。式(2)为这种春芝麻田春季新发害虫在我国中部地区的发生密度可靠性调查确定了一个标准。在河南省 6 月上旬发生密度 20 头/株以下时,每张叶片平均不到 1 头虫,将 α 与 β 值以及 20 头/株防治阈值代入序贯抽样累计虫数公式进行绘图,结果见图 3。

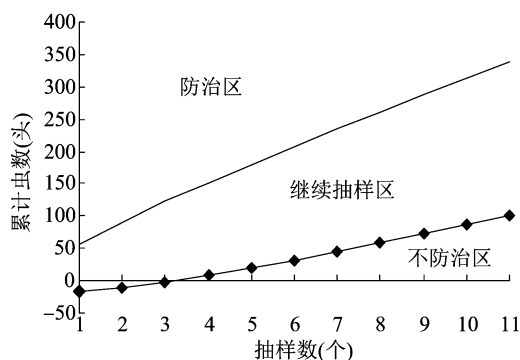


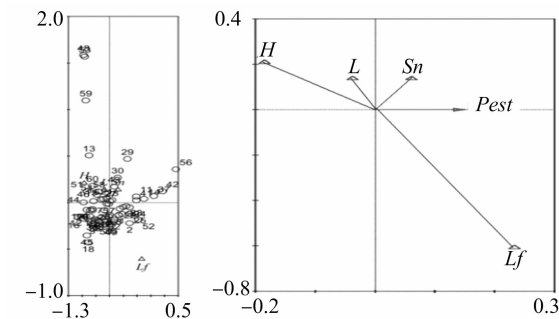
图 3 娇驼跷螨在春芝麻田的序贯抽样情况

一种农田害虫对不同地理条件下的不同寄主作物有着不同的分布格局特征和为害特点,图 3 为娇驼跷螨的科学调查与有效防治提供了一个参考标准。

2.3 CA 分析结果

将 2021 年终花期调查的株高 (height)、穗长 (length)、蒴果数 (num. of *Sesamum indicum* capsule)、叶片均长度 (mean of foliage length)、所附着的娇驼跷螨虫数 (pest) 5 个变量依次命名为 H 、 L 、 Sn 、 Lf 与 $Pest$,将 60 个调查点的经过无量纲化变换的 4 列自变量数据与害虫发生密度因变量数据输入 CONOCO,进行 1 个生物因素 4 个环境因素的 CA 分析。CA 分析结果显示物种累计关联度百分率第 1 轴到第 4 轴依次为 4.2%、85.6%、96.2%、100.0%,因此此害虫在植株上分布与生境条件密切。CONOCO 绘图程序绘出 CA 分析的带调查点信息(图 4 左)与不带调查点信息(图 4 右)的生物因子与环境因子二维排序图。

由图 4 左图可知,60 个调查点针对各个环境因素与生物因素的关联度差异较大,所以各样点对应散点分布分散,说明该次调查取的样点有代表性,散点越分散越好。图 4 右图显示去掉调查点散点后 5 个变量的相关关系。生态学排序图中,2 个矢量之



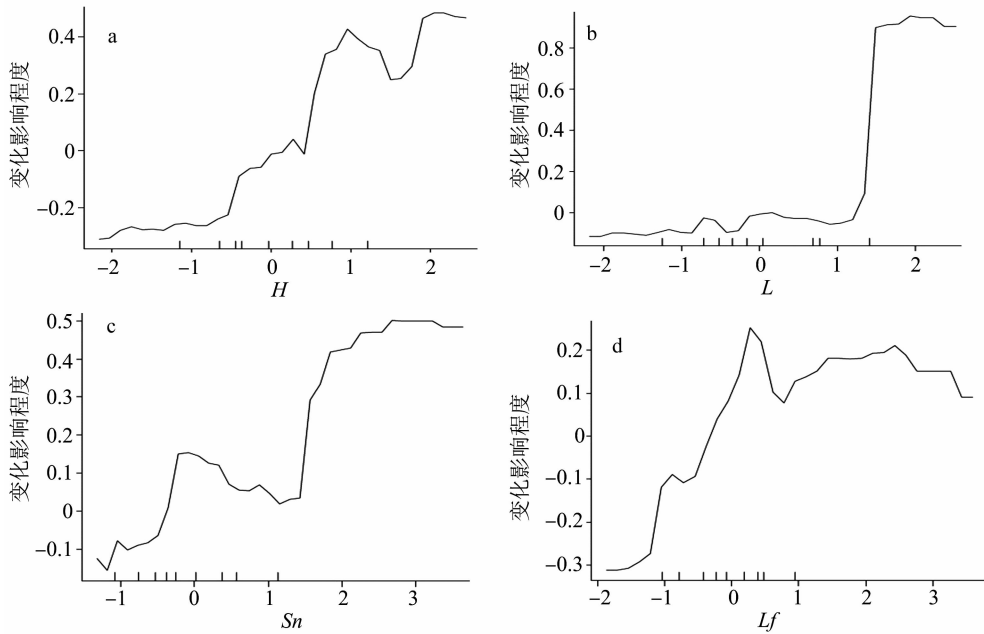
左图-显示样点;右图-不显示样点;横轴-第1轴;纵轴-第2轴
图4 CA 分析生物因子环境因子二维排序

间的相关度大小可以从一个矢量箭头在另一个矢量所在直线的垂直投影点距原点的距离直观看出^[13]。所以娇驼跷蜻虫量与芝麻植株高度呈现典型的负相关关系,即高而粗壮的植株虫子少。芝麻茎秆各节的叶片大小与娇驼跷蜻分布呈现典型的

正相关关系,即叶片较长便于虫体躲藏与吸食危害的植株虫子多。蒴果的数量与花穗的长度与因变量关联度不大但呈现一个呈正而一个呈负的关系,说明娇驼跷蜻喜在花穗短而蒴果多的、过早老熟一些的果穗上聚集。图 4 中 H 与 Lf 典型负相关的原因是这个季节青色蒴果开始快速生长,高的植株叶子并不茂密。

2.4 RF 建模分析结果

运行 R 软件 RF 建模的模型名称命令得模型总残差平方和仅为 0.63,拟合效果很好。运行 varImpPlot 得到均方误差增量与结点纯度 2 种算法的 4 个环境因子对因变量影响效应的重要值与排序图,重要性顺序为 $L > H > Sn > Lf$,可看出与 CA 分析结果一致。partialPlot 命令所绘制的环境因子对娇驼跷蜻发生的各个效应见图 5。



H 、 L 、 Sn 、 Lf 均为变量的均值
图5 环境因子效应

图 5 为 4 因子不同幅度的偏效应图,纵坐标为对因变量的影响值而横坐标为自变量标准化变换值,横坐标 0 点显示自变量均值对因变量的影响力。 H 变量偏效应图显示该地块高于均值的植株发生量远低于低矮植株; L 变量偏效应图显示穗长较均值略长的植株与略短于均值的发生量差别不大,但穗最长的一批健壮植株发生量变小; Lf 变量图说明叶越长虫子越多,但叶长高于均值一定程度虫子发生量差别不大。

2.5 加权列联表预测分析结果

将 55 个样点的分级后数据进行加权列联表分

析得到了 H 、 L 、 Sn 、 Lf 等 4 个环境因子变量的随机系数矩阵为 0.53、0.47、0.37、0.34,其对应的卡方值依次为 21.49、15.38、8.78、7.08。随机系数可以间接看出各个自变量对因变量的影响大小,因此可看出加权列联表分析结论和 CA、RF 分析相同,即前 2 个自变量对娇驼跷蜻发生量影响较大而后 2 个变量影响小^[11]。DPS 给出的 55 个训练样点预测级别,有 35 个完全正确,而且预测级别错误的 20 例预测值也全部接近正确的结果。5 个预测样点预测值如图 6 所示。

图 6 显示四舍五入虽然仅 3 例预测级别正确,

但 5 个预测值和实际级别有明显同步关系。对于娇驼跷蜡这样体积小迁移性强的外来害虫, 寄主植物提供的食物与躲避条件、微气候条件与害虫分布密切相关, 年度总体发生规模确定情况下单凭植物生长指标与小规模调查就可以大致预测其密度水平^[15-16]。

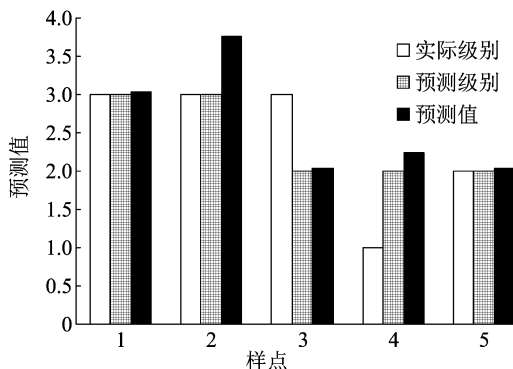


图6 预测样点加权列联表法预测效果

3 讨论与结论

目前我国夏芝麻产量远远大于春芝麻, 但一些小形地块春芝麻也较常见, 大田地边的春芝麻便于捕食螨与东亚小花蜡 (*Orius sauteri*) 等多种微小天敌昆虫栖息生存, 因而具害虫天敌植物支持系统的生物防治功效^[17-18]。栽培春芝麻采收菜用芝麻叶也是农民的增收手段, 以后中芝叶 1 号等叶用芝麻大规模推广将使得娇驼跷蜡在农业昆虫中的研究地位提高。根据江西、豫南、陕南、安徽等地以前的研究报告, 该害虫在亚热带地区春夏季可达很高的种群增长速度, 本研究表明豫北倒春寒情况下早春每月亦递增 10 倍以上^[4-6]。研究表明, 春芝麻娇驼跷蜡的密度与环境气象条件、寄主生长状况有对应关系, 可利用春芝麻数据线性变换后测报周围林木害虫密度, 克服乔木寄主对微小飞虫不易精确定量统计的缺点。

春芝麻此害虫若为害较重达 30 头/株以上, 可用 20% 增效氯氰菊酯 3 000 倍液或 1.8% 阿维菌素乳油 3 000 倍液、3.5% 锐丹乳油 1 000 倍液等药剂防治。4—5 月此虫系杂草、枯枝落叶或泡桐等处迁移而来, 因此切断迁移途径对防治效果至关重要, 此外田间大草蛉 [*Chrysopa pallens* (Rambur)] 与寄生蜂等天敌昆虫抑制其发生亦有重要作用。

本研究表明娇驼跷蜡具典型的 r -生存策略特征, 必须警惕其暴发性发生的可能性, 对其测报与防治要考虑寄主生长指标、天敌与气候条件, 此虫

林业与农业 2 个方面数据可以实现相互测报。此外, 此虫为害夏芝麻与秋芝麻的发生规律、防治标准、防治技术与其他生态学的研究有待进一步进行。

致谢: 许蔓飞、陈静、陈静、李丹、陈小会等参与了部分试验与分析工作, 浙江大学应用昆虫研究所唐启义老师提供 DPS 正版注册号, 在此一并致谢。

参考文献:

- [1] 萧采瑜. 中国跷蜡科记述 (半翅目: 异翅亚目) [J]. 昆虫学报, 1974, 17(1): 56-66.
- [2] 李祉宣, 周钰, 陈赛赛, 等. 江苏省文化树种认知情况调查及园林应用建议 [J]. 江苏农业科学, 2020, 48(15): 170-175.
- [3] 唐桂梅, 姜卫兵, 翁忙玲. 蔷薇科树种在南京园林绿化中的应用与评价 [J]. 江苏农业科学, 2013, 41(7): 182-185.
- [4] 孙志强, 乔杰, 傅建敏, 等. 泡桐林内同翅目、半翅目昆虫种类及其动态研究 [J]. 林业科学研究, 1999, 12(5): 510-514.
- [5] 吴学萱, 陈绪山. 娇驼跷蜡的发生及其防治 [J]. 昆虫知识, 1991, 28(6): 344-345.
- [6] 张存立. 泡桐娇驼跷蜡生物学特性及防治研究 [J]. 安徽农业科学, 2007, 35(6): 1721-1731.
- [7] 孙志强. 泡桐枝病媒介昆虫传播植原体特点的研究 [D]. 北京: 北京林业大学, 2000: 20-22.
- [8] 韩俊梅, 吕伟, 任果香, 等. 200 份芝麻种质资源农艺性状遗传多样性分析 [J]. 江苏农业科学, 2019, 47(13): 95-99.
- [9] 孙路. 中国跷蜡科的分类 (异翅亚目: 长蜡总科) [D]. 北京: 中国农业大学, 1990: 2-11.
- [10] Aukema B, Reiger C. Catalogue of the Heteroptera of the Palaearctic Region. Vol. 1. Enicocephalomorpha, Dipsocoromorpha, Nepomorpha, Gerromorpha and Leptopodomorpha [M]. Amsterdam: The Netherlands Entomological Society, 1995: 2-221.
- [11] 唐启义, 冯明光. DPS 数据处理系统: 实验设计、统计分析 & 数据挖掘 [M]. 北京: 科学出版社, 2007.
- [12] 黄胜先, 李佳林, 范斌, 等. 思州柚园黑蚱蝉若虫羽化空间分布型及羽化过程 [J]. 江苏农业科学, 2020, 48(10): 121-124.
- [13] 张金屯. 数量生态学 [M]. 北京: 科学出版社, 2004: 131-192.
- [14] 张雷, 王琳琳, 张旭东, 等. 随机森林算法基本思想及其在生态学中的应用: 以云南松分布模拟为例 [J]. 生态学报, 2014, 34(3): 650-659.
- [15] 陈西亮, 张佳华, 艾天成. 基于支持向量机法提取江汉平原三湖农场棉蚜危害程度的空间分布 [J]. 江苏农业科学, 2016, 44(9): 157-162.
- [16] 殷茵, 龚卫良, 陆彦, 等. 张家港市不同测报工具对甜菜夜蛾的监测比较 [J]. 江苏农业科学, 2019, 47(24): 70-74.
- [17] 陈学新, 刘银泉, 任顺祥, 等. 害虫天敌的植物支持系统 [J]. 应用昆虫学报, 2014, 51(1): 1-12.
- [18] Blaauw B R, Isaacs R. Larger wildflower plantings increase natural enemy density, diversity, and biological control of sentinel prey, without increasing herbivore density [J]. Ecological Entomology, 2012, 37(5): 386-394.