生境高异质性与高连通性双驱动促进稻田捕食性天敌多样性保护*

刘雨芳** 杨光梅 赵文华 阳 菲 谢美琦 田滕滕

（湖南科技大学生命科学学院，湘潭 411201）

摘 要 【**目的**】探索自然状态下生境的高异质性对稻田捕食性节肢动物多样的保护与水稻害虫的自然防治，以及生境的连通性是否有助于提高异质性生境在保护天敌节肢动物方面的作用或存在正关联。【**方法**】应用群落生态学方法，调查湖南中部丘陵区 20 个具有不同边缘生境异质性与连通性的自然稻田的捕食性节肢动物多样性，分别以生境异质性与连通性为分组依据，各获得 10 对高异质性边缘生境稻田（RHH）-低异质性边缘生境稻田（RLH）与 10 对高连通性性生境稻田（RHGC）-连通性差的生境稻田（RHPC），并比较各组的天敌多样性与控害效果。【**结果**】以生境的异质性为依据的 10 个配对中，6 对早稻期和 7 对晚稻期 RHH 的物种丰富度高于 RLH，且总体 RHH 中的物种丰富度均为 RLH 物种丰富度的 1.13 倍，但无显著差异（$P>0.05$）。早稻期和晚稻期均有 8 对 RHH 的单位面积的个体数量高于 RLH，且早稻期总体上 RHH 的单位面积的个体数量明显高于 RLH，但无显著差异（$P>0.05$）；晚稻期 RHH 的单位面积的个体数量显著高于 RLH（$P<0.05$）；通过比较捕食性天敌与水稻主要害虫的数量益害比（*Npi*）值发现：10 对早稻期和 8 对晚稻 RHH 的益害比高于 RLH，但总体均无显著差异（$P>0.05$）。以生境的连通性为依据的 10 个配对中，早稻期与晚稻期均有 9 对 RHGC 的物种丰富度比高于 RHPC；早稻期与晚稻期均为 10 对 RHGC 的单位面积的个体数量均高于 RHPC，且总体上 RHGC 极显著高于 RHPC（$P<0.01$）。比较 *Npi* 值结果表明，早稻期 10 个 RHGC 与 RHPC 的 *Npi* 值均高于 1；晚稻期有 8 个 RHGC 的 *Npi* 值>1，6 个 RHPC 的 *Npi* 值>1。【**结论**】具有高异质性边缘生境的稻田，其单位面积中的捕食性天敌个体数量明显高于或显著高于低异质性边缘生境的稻田。具有高异质性同时具有生境良好连通性特性，则能够显著或极显著提高稻田捕食性天敌的个体数量，其生态控害潜能明显优于生境异质性低与连通性较差稻田。生境的异质性与连通性双驱动更有利于稻田捕食性天敌的保护与生态控害效能发挥。

关键词 生境异质性；生境连通性；稻田；捕食性天敌

High habitat heterogeneity and connectivity promote the diversity and survival of predatory natural enemies in paddy fields

LIU Yu-Fang** YANG Guang-Mei ZHAO Wen-Hua YANG Fei
XIE Mei-Qi TIAN Teng-Teng

(College of Life Sciences, Hunan University of Science and Technology, Xiangtan 411201, China)

Abstract **[Objectives]** To investigate whether habitat heterogeneity is beneficial to predatory arthropods in rice fields and thereby the natural control of rice pests, and whether habitat connectivity can help conserve predatory arthropod populations. **[Methods]** The diversity and abundance of predatory arthropods in 20 natural paddy fields with different levels of marginal habitat heterogeneity and connectivity in a hilly region of central Hunan province were investigated using community ecology methods. The diversity and abundance of predatory arthropods was compared between 10 pairs of relatively high heterogeneity (RHH) and low heterogeneity (RLH) marginal habitat rice fields, and 10 pairs of relatively high connectivity (RHGC) and

*资助项目 Supported projects：国家重点研发计划（2017YFD0200400）

**通讯作者 Corresponding author，E-mail：yfliu2011@126.com

收稿日期 Received：2021-02-14；接受日期 Accepted：2021-04-25

relatively poor connectivity (RHPC) paddy fields. **[Results]** Species richness in 6 and 7 pairs of fields was higher in RHH fields than in RLH fields in the early and late rice growing periods, respectively. Total species richness in RHH fields was 1.13 times higher than that in RLH fields, but this difference was not significant (P>0.05). The number of individuals per unit area in 8 pairs of fields was higher in RHH than in RLH fields both in the early and late rice growing periods. The total number of individuals in RHH fields was higher than in RLH fields in early rice crops, although this difference was not significant (P>0.05) it was significantly different to the number measured in late rice (P<0.05). In 10 and 8 pairs of fields, the ratio of predatory natural enemies to main rice pests (*Npi*) was higher in RHH than in RLH fields in both early and late rice crops but these differences were not significant (P>0.05). Species richness in 9 pairs of fields was higher in RHGC than in RHPC fields in both early and late rice crops. The number of individuals per unit area in all 10 pairs of fields was significantly higher in RHGC than RHPC fields in both early and late rice crops (P<0.01). In the early rice season, the *Npi* values of all 10 RHGC and RHPC fields were>1, whereas in the late rice season the *Npi* values of 8 RHGC fields and 6 RHPC fields were>1. **[Conclusion]** The number of predatory natural enemies in RHH fields was significantly higher than in LHH fields. Habitat heterogeneity and connectivity significantly increases the number of predatory natural enemies in rice fields, and the potential for ecological control in such fields is obviously better than in fields with low habitat heterogeneity and poor connectivity. High habitat heterogeneity and connectivity increase the numbers of predatory natural enemies in rice fields, thereby facilitating the natural control of rice pests.

Key words habitat heterogeneity; habitat connectivity; rice field; predatory natural enemies

在过去 1 万年里，全球人口总量从 100 万增长到 78 亿（Wangner *et al.*，2021），为满足不断增长的世界人口对粮食、饲料与燃料的需求，提高农业生产力，集约化农业生产实践与改革得以迅速发展（González *et al.*，2017；Landis，2017），地球上的大部分耕地已被用于农业生产（Wangner *et al.*，2021），与农业集约化相关的干扰降低了我们实现可持续作物生产的能力（Tooker *et al.*，2020），农业成为生物多样性丧失的主要驱动力，30%的物种丰富度和 31%的物种丰度可能因亚马逊和非洲热带地区的农业扩张而丧失（Kehoe *et al.*，2017）。大自然已被围困（Wangner *et al.*，2021）。作为食物网运作基础的生物多样性（Savary *et al.*，2012），包括昆虫多度、生物量、物种丰富度和分布范围等在下降，这些问题已引起人们的广泛关注（Ellwood *et al.*，2020；Wangner *et al.*，2021）。大米是全球最重要的主食，它涉及世界上最大的消费者群体。全球水稻产量因为害虫等的为害损失 20%-30%，通过改进害虫管理，可实现至少 10%-20%的潜在产量收益。因此，在确保持续水稻生产方面取得的任何进展都具有重大的全球政策和政治影响，水稻害虫管理的任何可持续改进都可能代表着人类福祉的巨大进步（Savary *et al.*，2012）。

稻田生态系统中蕴藏着丰富的天敌（陈常铭等，1980；刘雨芳，2019；刘雨芳等，2020），所有半自然景观元素的配置形成一个功能贯通的生态网络，为天敌的生存提供各种资源，来增强天敌对害虫的捕食和寄生，加强对害虫的控制，减少害虫对作物的破坏（Steingröver *et al.*，2010）。目前普遍认为空间异质性可以支持高水平的生物多样性，然而，我们对农业景观中大多数相嵌元素的生物多样性价值及其在农田斑块中的作用的理解依然有限（Gaigher *et al.*，2016）。在不同的农业地貌中，如平原与山区间，空间异质性程度可能存在很大差异。在生产实践中，稻田及其边缘生境中被大量施用除草剂，以及为了便于水利与减少杂草，将田埂、水圳与稻田边缘等生境用水泥硬化，使稻田与其周边非稻生境间即使有较高的生境异质性，可能因为缺乏生态走廊，生境间连通性较差，影响天敌物种的扩散，从而降低稻田生态系统中天敌生物多样性的保护及生态调控功能的发挥。

尽管已有研究表明，人工构建稻田高异质性边缘生境后，稻田捕食性天敌的数量显著增加、控害能力加强（刘雨芳等，2019），但这种边缘生境与稻田间没有阻隔，生境间的连通性强。自然条件下的稻田与周边生境，除生境异质性差异

外，还有连通性的差异(刘雨芳等，2021)。自然状态下生境的高异质性是否均对稻田捕食性节肢动物生存及水稻害虫的自然防治有利？生境的连通性是否有助于提高异质性生境在保护天敌节肢动物方面的作用或存在正关联？对这些问题的理解与认识依然有限。本研究通过调查湖南中部丘陵区稻田生态系统中 20 个具有不同边缘生境异质性与连通性的自然稻田，对以上问题展开探索。为合理科学规划山区农业生态景观及生境配置提供理论依据，并指导利益相关者（农民）更好地利用自然环境条件防治水稻害虫，降低人力与生产成本，减少农药用量，提高产品品质，获得最大生态效益。

1　材料与方法

1.1　调查区域与采样点的确定方法

利用 BIGEMAP 全能版地图软件，以 Google Earth 卫星地图影像作为数据源查找合适的调查区域，并确定湖南省湘潭市、湘潭县与湘乡市三地接壤的农业区为调查区域（112°32′28″-112°48′27′E，27°46′55′-27°52′41″N）。该区域水资源丰富、以种植水稻为主，区域沿线 320 国道从东向西贯通，交通便利。区域内耕作历史基本相同、耕作时间与种植品种相同，种植习惯相近。

在选定区域内再利用 Google Earth 卫星地图影像，初步选择好调查点位置。

1.2　不同异质性边缘生境稻田的选择及配对方法

通过 1.1 方法确定调查点位置后，按图索骥，逐一实地调查。根据稻田边缘生境的异质性情况，选择符合条件的生境采样。稻田边缘有较高的植物多样性（如有非稻作物、或杂草较多、或有其他植物或低矮灌木丛等）、或与山地、草地邻近的稻田，确定为具自然高异质性边缘生境的稻田，简称高异质性稻田（Rice field with high heterogeneity marginal habitat，RHH）。稻田边缘不具有以上高异质性边缘生境特征、在连片稻田中、具水泥田埂或简单土田埂上杂草较少的稻田，确定为具自然低异质性边缘生境的稻田，简称低异质性稻田（Rice field with low heterogeneity marginal habitat，RLH）（刘雨芳等，2019）。每个调查点分别调查 1 个 RHH 与 1 个 RLH 生境并配为 1 对 RHH-RLH，共调查 10 个点 20 个生境，并配成 10 对 RHH-RLH，采集稻田节肢动物。以采样点为中心，以半径 250 m 为尺度，调查点的水稻面积平均 11.81 hm^2，最大面积 16.79 hm^2，最小面积 5.7 hm^2；调查点之间的最小距离大于 2 km，同一点的两个配对生境最小距离大于 500 m。

1.3　稻田边缘生境连通性等级的确定方法

在选定的生境中，以是否存在物理阻隔与人为干扰产生物理阻隔判定生境连通性。当周围杂草或其它植被生境直接与稻田相连，没有水沟、水圳、堤等物理阻隔及人为清除植被等干扰，或成片稻田间比较平坦，田块间无明显高度落差，则定义为具良好生境连通性（Rice habitat with good connectivity，RHGC），相反则定义为较差生境连通性（Rice habitat with poor connectivity，RHPC），采样时实地调查、确定并记录其生境连通性特征。

1.4　稻田捕食性天敌调查方法

2018 年，调查分早稻期与晚稻期两季，每季均在水稻的生长发育中期，即分蘖后期至孕穗期。早稻期在 6 月 9-10 日完成采样，晚稻期在 8 月 21 日、25 日完成采样。采用吸虫器+样框法采集每个 RHH 与 RLH 稻田中捕食性天敌（刘雨芳等，2019，阳菲等，2020），每个 RHH 与 RLH 稻田中生境均设置 3 个采集样点，每个样点 1 m^2。采用 Z 型线路随机采样，使样方不在同一直线上，且样方间距≥10 m。将所得样品浸泡于 75% 的乙醇中，并带回室内完成清样、分类、鉴定。常见种类鉴定到种或属，稀少且鉴定困难的幼虫种类鉴定到科（刘雨芳等，2019）。

1.5　捕食性天敌群落生物特征参数及影响群落的主成分分析

以群落物种丰富度（S）、个体数量（N）、Shannon-Winner 多样性指数（H'）、均匀性指数（J）、优势集中性指数、优势种丰富度、优势种重要度为群落生物参数，对数（LN）转换后采

用主成分分析法，以平方欧氏距离为测量，分析影响稻田捕食性天敌生物群落结构特征的主要因子。在主成分分析的基础上，分别以生境异质性或生境连通性为分组依据，以 S、N、H'、J 为生物参数，对采样生境进行系统聚类分析。利用个体数量益害比 *Npi*（刘雨芳等，2019），比较 RHH-RLH 及 RHGC-RHPC 稻田中捕食性天敌的生态控害潜能效益。

1.6 数据统计与分析

利用 BIGEMAP 全能版地图软件，以 Google Earth 卫星地图影像作为数据源获取地图与地类特征资源，利用 Excel 2016 进行数据计算与作图，利用 SPSS 23.0 Version 完成主成分分析、系统聚类、独立样本 *T*-检验与差异显著性分析等。

2 结果与分析

2.1 群落特征主要因子分析

2.1.1 主成分分析合适性检验与公因子方差 经过 KMO（Kaiser-Meyer-Olkin）和巴特利特球形度检验，早稻期的 KMO = 0.503>0.5，P = 0<0.05，晚稻期的 KMO = 0.540>0.5，P = 0<0.05，2 个数据集均适合做主成分分析。假定物种丰富度（X_1）、个体数量（X_2）、优势种丰富度（X_3）、优势种重要度（X_4）、多样性指数（X_5）、均匀性指数（X_6）、优势集中性（X_7）7 个变量均包含信息量为 1，通过主成分提取，早稻期每个变量被提取的信息量分别为 X_1 = 0.995，X_2 = 0.993，X_3 = 0.980，X_4 = 0.981，X_5 = 0.986，X_6 = 0.978，X_7 = 0.965，晚稻期每个变量被提取的信息量分别为 X_1 = 0.995，X_2 = 1.000，X_3 = 0.998，X_4 = 0.998，X_5 = 0.993，X_6 = 0.986，X_7 = 0.972，即每个变量的信息提取效果均较好。

2.1.2 主成分数及总方差解释 基于特征值>1，可以解释总变异≥90%，设定提取 4 个主成分的标准，对群落的 7 个变量进行主成份分析。结果表明：提取 3-4 个主成分可分别解释早稻期总变异的 93.26%（3 个主成分）或 98.27%（4 个主成分）、晚稻期总变异的 95.22%（3 个主成分）或 99.17%（4 个主成分）（表 1），并均得到成分矩阵（表 2）。

表 1 主成分及总方差解释

Table 1 Principal component and total variance explanation

采样期 Sampling period	成分 Components	特征值 Proper value			提取载荷平方和 Extract the square sum of the load		
		总计 Total	方差（%） Variance (%)	累积（%） Cumulative (%)	总计 Total	方差（%） Variance（%）	累积（%） Cumulative（%）
早稻期 Early rice period	1	3.558	50.831	50.831	3.558	50.831	50.831
	2	1.863	26.610	77.441	1.863	26.610	77.441
	3	1.107	15.819	93.260	1.107	15.819	93.260
	4	0.351	5.013	98.273	0.351	5.013	98.273
	5	0.079	1.128	99.402	0.079	1.128	99.402
	6	0.040	0.567	99.968	0.040	0.567	99.968
	7	0.002	0.032	100.000	0.002	0.032	100.00
晚稻期 Late rice period	1	3.342	47.745	47.745	3.342	47.745	47.745
	2	1.955	27.922	75.667	1.955	27.922	75.667
	3	1.368	19.548	95.215	1.368	19.548	95.215
	4	0.277	3.956	99.171	0.277	3.956	99.171
	5	0.045	0.648	99.819	0.045	0.648	99.819
	6	0.010	0.138	99.958	0.010	0.138	99.958
	7	0.003	0.042	100.000	0.003	0.042	100.000

表 2　主成分矩阵

Table 2　Matrix of principal component

群落变量 Community variables	成分（早稻期）Component (early rice)				成分（晚稻期）Component (late rice)			
	1	2	3	4	1	2	3	4
物种丰富度 Species richness	- 0.242	0.831	0.330	0.366	0.601	0.739	0.125	- 0.269
个体数量 Individual number	- 0.377	0.508	0.672	- 0.368	0.217	0.872	0.187	0.398
优势种丰富度 Dominant species richness	0.659	- 0.447	0.584	0.041	0.314	- 0.222	0.922	- 0.035
优势种重要度 Dominant value	- 0.364	- 0.643	0.632	0.204	- 0.729	- 0.137	0.669	0.014
多样性指数 Diversity index	0.909	0.346	0.074	0.178	0.992	0.046	0.043	- 0.065
均匀性指数 Even index	0.984	0.008	- 0.063	0.027	0.651	- 0.717	- 0.092	0.199
优势集中性 Dominant concentration	- 0.929	- 0.142	- 0.186	0.206	- 0.946	0.257	- 0.105	- 0.033

2.1.3　影响群落生物特征因子分析　利用主成分载荷与各变量自身的特征值，计算主成分系数后，再用主成分系数乘以标准化后的各变量 X，计算得到各主成分的影响因子方程如下：

早稻期：$Z_1 = -0.091 Z_{X1} - 0.316 Z_{X2} + 0.204 Z_{X3} - 0.300 Z_{X4} + 0.491 Z_{X5} + 0.524 Z_{X6} - 0.495 Z_{X7}$

$Z_2 = -0.575 Z_{X1} - 0.159 Z_{X2} + 0.569 Z_{X3} + 0.531 Z_{X4} - 0.188 Z_{X5} + 0.027 Z_{X6} - 0.038 Z_{X7}$

$Z_3 = 0.462 Z_{X1} + 0.634 Z_{X2} + 0.451 Z_{X3} + 0.262 Z_{X4} + 0.201 Z_{X5} + 0.027 Z_{X6} - 0.241 Z_{X7}$

$Z_4 = 0.565 Z_{X1} - 0.614 Z_{X2} + 0.106 Z_{X3} + 0.414 Z_{X4} + 0.216 Z_{X5} - 0.022 Z_{X6} + 0.272 Z_{X7}$

晚稻期：$Z_1 = 0.329 Z_{X1} + 0.119 Z_{X2} + 0.172 Z_{X3} - 0.399 Z_{X4} + 0.543 Z_{X5} + 0.356 Z_{X6} - 0.517 Z_{X7}$

$Z_2 = 0.529 Z_{X1} + 0.624 Z_{X2} - 0.159 Z_{X3} - 0.098 Z_{X4} + 0.033 Z_{X5} - 0.513 Z_{X6} + 0.184 Z_{X7}$

$Z_3 = 0.107 Z_{X1} + 0.160 Z_{X2} + 0.788 Z_{X3} + 0.572 Z_{X4} + 0.037 Z_{X5} - 0.079 Z_{X6} - 0.09 Z_{X7}$

$Z_4 = -0.511 Z_{X1} + 0.756 Z_{X2} - 0.067 Z_{X3} + 0.027 Z_{X4} - 0.124 Z_{X5} + 0.378 Z_{X6} - 0.063 Z_{X7}$。

分析上述方程可知，早稻期成分 Z_1 主要依赖变量 X_6，成分 Z_2 主要依赖变量 X_3，成分 Z_3 主要依赖变量 X_2，成分 Z_4 主要依赖变量 X_1；晚稻期成分 Z_1 主要依赖变量 X_5，成分 Z_2 主要依赖变量 X_2，成分 Z_3 主要依赖变量 X_3，成分 Z_4 主要依赖变量 X_2。即早稻期的主要成分依赖的参数是物种丰富度、个体数量、均匀性指数与优势种的物种丰富度，晚稻期的主要成分依赖的参数是个体数量、多样性指数与优势种的物种丰富度。特别是个体数量有 3 次成为主要依赖变量。

2.1.4　主要群落参数的相关性分析　多样性指数与均匀性指数是基于物种丰富度与各物种个体数量的分布情况（包括优势种的厘定度与个体数量情况）计算而来的衍生数据，是一对同向关联的联动参数，相关性高，从另一个方面反映物种的多样性与分布的情况。物种丰富度与个体数量间呈现显著（早稻期）或极显著（晚稻期）正相关，多样性指数与个体数量间呈显著负相关（早稻期），多样性指数与均匀性指数呈极显著正相关；均匀性指数与个体数量间呈现极显著（早稻期）或显著（晚稻期）负相关（表 3）。

2.2　生境聚类分析

以生境异质性结合群落的主要生物参数的系统聚类显示：早稻期的一级有 7 个 RHH、6 个 RLH、2 个 RHH 与 4 个 RLH 生境各聚成一类，再进一步聚成两类时，一类含有 14 个生境，其中 RHH 占 57.14%；另一类含 6 个生境，RLH 占 66.67%（图 1：A）。晚稻期聚成 3 类时，9 个 RHH 与 1 个 RLH 聚成一类，9 个 RLH 聚成一类，一个 RHH 自成一类（图 1：B）。提示以生境异质性为分组依据，早稻期的群落特征基本符合 RHH 与 RLH 的生境类别，晚稻期的符合度达到 90%。

以生境连通性结合群落的主要生物参数的系统聚类显示：早稻期的 10 个 RHGC 与 10 个 PHPC 各自聚成一类（图 2：A）。晚稻期的聚成 3 类时，9 个 RHGC 与 1 个 PHPC 聚成一类，1

表 3 群落主要参数的相关性与显著性分析矩阵

Table 3 Matrix of correlation and significance analysis of key parameters of community

采样期 Sampling period	参数 Parameters	相关性 Correlation				显著性 Significance			
		S	*N*	*H′*	*J*	*S*	*N*	*H′*	*J*
早稻期 Early rice period	*S*	1.000	0.475	0.180	- 0.198		0.017	0.223	0.201
	N	0.475	1.000	- 0.390	- 0.561	0.017		0.045	0.005
	H′	0.180	- 0.390	1.000	0.926	0.223	0.045		0.000
	J	- 0.198	- 0.561	0.926	1.000	0.201	0.005	0.000	
晚稻期 Late rice period	*S*	1.000	0.691	0.653	- 0.195		0.000	0.001	0.205
	N	0.691	1.000	0.238	-0.420	0.000		0.156	0.032
	H′	0.653	0.238	1.000	0.600	0.001	0.156		0.003
	J	- 0.195	- 0.420	0.600	1.000	0.205	0.032	0.003	

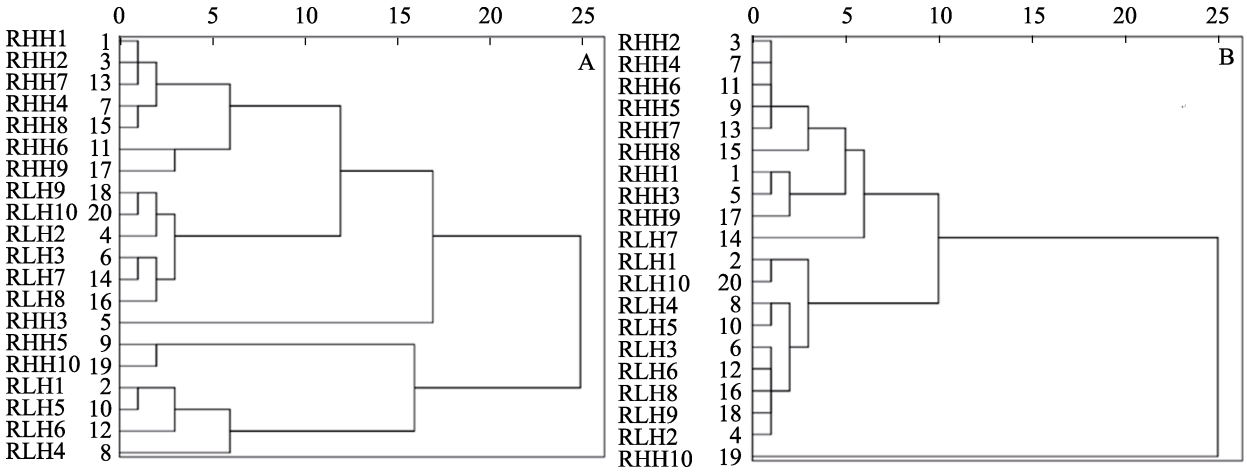

图 1 基于生境异质性分组的群落特征聚类图

Fig.1 Cluster diagram of community characteristics based on habitat heterogeneity

A. 早稻期；B. 晚稻期。

A. Early rice period; B. Late rice period.

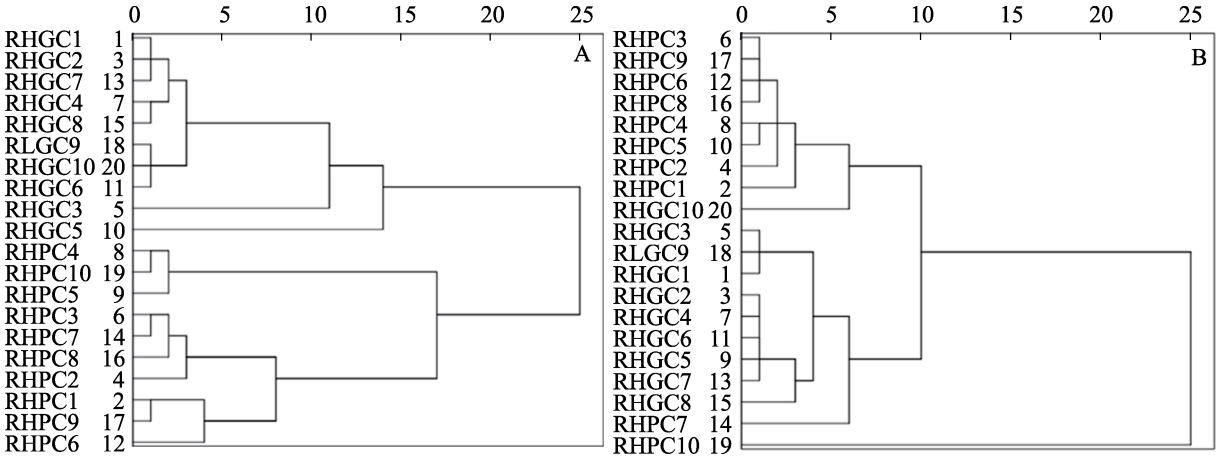

图 2 基于生境连通性分组的群落特征聚类图

Fig. 2 Cluster diagram of community characteristics based on habitat connectivity

A. 早稻期；B. 晚稻期。

A. Early rice period; B. Late rice period.

个 RHGC 与 8 个 PHPC 聚成一类，有 1 个 PHPC 自成一类（图 2：B）。提示以生境连通性为分组依据，早稻期的群落特征完全符合 RHGC 与 PHPC 的生境类别，晚稻期的符合度约 90%。

2.3　以生境异质性组配的群落特征比较

10 对 RHH-RLH 配组结果表明，早稻期的物种丰富度有 6 对组配是 RHH 高于 RLH，2 个组配为 RHH=RLH，仅 1 对组配为 RHH 低于 RLH（图 3：A）；晚稻期的物种丰富度有 7 对组配是 RHH 高于 RLH，3 对组配为 RHH 低于 RLH（图 3：B）。早稻期的单位面积里的个体数量有 8 个组配 RHH 高于 RLH，且 RHH/RLH 大于 1.5 倍与 2 倍以上的分别有 6 对与 2 对组配，仅 2 对组配为 RHH 低于 RLH（图 4：A）；晚稻期的单位面积里的个体数量有 8 个组配为 RHH 高于 RLH，且 RHH/RLH 大于 1.5 倍与 2 倍以上的分别有 6 对与 5 对组配，有 1 对组配 RHH/RLH 大于 3，仅 2 对组配为 RHH 低于 RLH（图 4：B）。从总体分析，早稻期与晚稻期，RHH 中的物种丰富度均为 RLH 物种丰富度的 1.13 倍，但无显著差异（$P>0.05$）。早稻期 RHH 中单位面积的个体数量为 RLH 的 1.29 倍，即 RHH 明显高于 RLH，但尚未达到统计学意义上的显著差异（$P>0.05$）；晚稻期 RHH 中单位面积的个体数量为 RLH 的 1.68 倍，RHH 显著高于 RLH（$P<0.05$）（表 4）。

早稻期的多样性指数有 7 对组配是 RHH 高

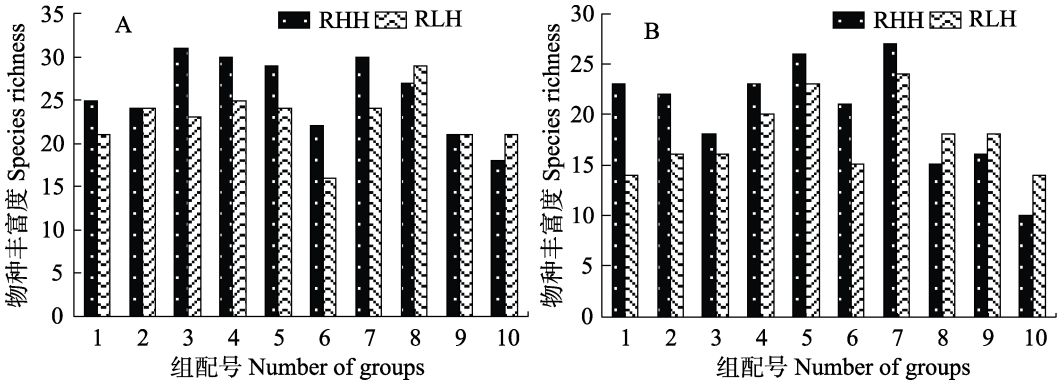

图 3　RHH 与 RLH 的物种丰富度比较

Fig. 3　Comparison of species richness in RHH with RLH

A.　早稻期；B. 晚稻期。

A. Early rice period; B. Late rice period.

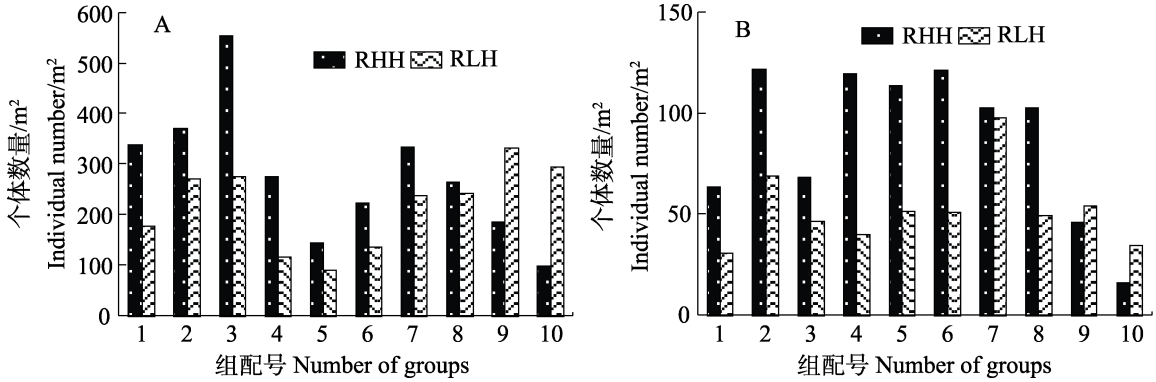

图 4　RHH 与 RLH 的个体数量比较

Fig. 4　Comparison of number of individual in RHH with RLH

A.　早稻期；B. 晚稻期。

A. Early rice period; B. Late rice period.

表 4 RHH 与 RLH 的物种丰富度与个体数量总体比较

Table 4 Total comparison of species richness and number of individuals in RHH with RLH

采样期 Sampling period	参数 Parameters	生境 Habitat		RHH/RLH	*P* 值 *P* value
		RHH	RLH		
早稻期 Early rice period	S	25.70±1.40a	22.80±1.07a	1.13	0.117
	N	278.03±41.22a	216.30±26.06a	1.29	0.222
晚稻期 Late rice period	S	20.10±1.68a	17.80±1.12a	1.13	0.269
	N	87.15±11.67a	52.04±6.08b	1.68	0.016

表中同行数据后标有相同小写字母表示不同生境间无显著差异（*P*>0.05），标有不同小写字母表示不同生境间有显著差异。

The data followed by same lowercase letters in same line indicate no significant difference (*P*>0.05), while followed by the different lowercase letters indicate significant difference (*P*<0.05). The same as table 6.

于 RLH（即 RHH/RLH>1），3 对组配为 RHH 低于 RLH（即 RHH/RLH<1）；晚稻期的多样性指数有 4 对组配为 RHH 高于 RLH，6 对组配为 RHH 略低于 RLH。早稻期的均匀性指数有 7 对组配为 RHH 高于 RLH，3 对组配为 RHH 低于 RLH；晚稻期的均匀性指数有 4 对组配为 RHH 高于 RLH，6 对组配为 RHH 低于 RLH。从总体分析，在早稻期，多样性指数表现为 RHH（1.68±0.07）略高于 RLH（1.57±0.07），均匀性指数也表现为 RHH（0.52±0.03）略高于 RLH（0.50±0.02）；晚稻期则相反，多样性指数表现为 RHH（2.15±0.08）略低于 RLH（2.20±0.07），均匀性指数也表现为 RHH（0.73±0.02）略低于 RLH（0.77±0.01），但均无显著差异（*P*>0.05）。

2.4 以生境连通性组配的群落特征比较

10 对 RHGC-RHPC 配组的结果为早稻期的物种丰富度有 9 对组配为 RHGC 高于 RHPC（即 RHGC/RHPC>1），仅 1 对组配为 RHGC 略低于 RHPC（RHGC/RHPC = 0.93<1）；晚稻期的物种丰富度有 9 对组配为 RHGC 高于 RHPC，仅 1 对组配为 RHGC 低于 RHPC（RHGC/RHPC = 0.83<1）。早稻期与晚稻期两季采样结果，单位面积里的个体数量均为 10 对组配的 RHGC 高于 RHPC（即 RHGC/RHPC>1），早稻期 RHGC/RHPC 的比值大于 1.5 的有 7 个，最高数量比值达到 2.98；晚稻期 RHGC/RHPC 的个体数量比值大于 1.5 的也为 7 个，且大于 2 倍的组配 6 个，最高比值达到 3.01；从总体分析，早稻期与晚稻期两季的物种丰富度为 RHGC 明显高于 RHPC，但未达到统计学意义上的显著性差异（*P*>0.05）（图 5：A）；早稻期与晚稻期两季的单位面积里的捕食性天敌个体数量均为 RHGC 极显著高于 RHPC（*P*<0.01）（图 5：B）。

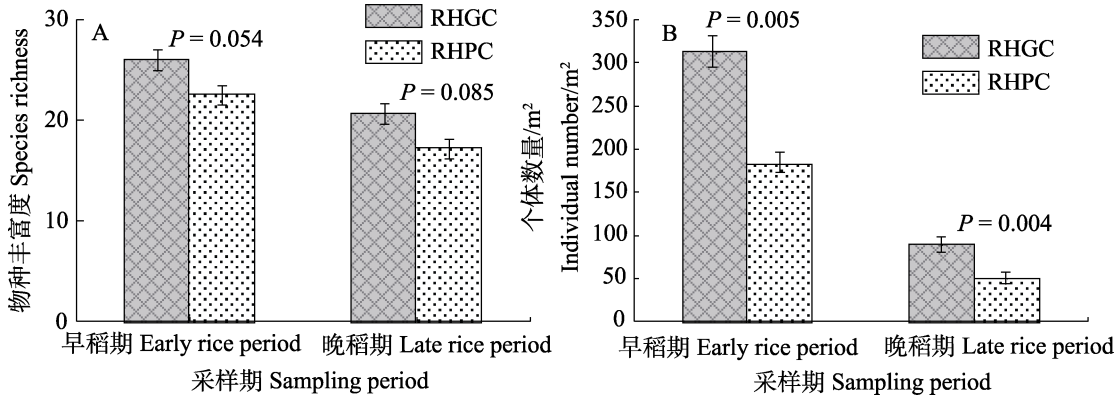

图 5 基于连通性分组的物种丰富度与个体数量比较

Fig. 5 Comparison of species richness and number of individuals based on connectivity grouping

A. 物种丰富度比较；B. 个体数量比较。

A. Comparison of species richness; B. Comparison of number of individuals.

早稻期的多样性指数有 5 个组配是 RHGC 高于 RHPC（即 RHGC/RHPC>1），5 个组配为 RHGC 低于 RHPC（即 RHGC/RHPC<1）；晚稻期的多样性指数有 6 个组配为 RHGC 高于 RHPC，4 个组配为 RHGC 低于 RHPC。从总体分析，多样性指数在早稻期（RHGC：1.65±0.08，RHPC：1.60±0.07，P=0.662）与晚稻期（RHGC：2.17±0.08，RHPC：2.18±0.07，P = 0.921）均为 RHGC 略低于 RHPC，但均无显著差异（P>0.05）。早稻期的均匀性指数有 5 个组配为 RHGC 高于 RHPC，5 个组配为 RHGC 低于 RHPC；晚稻期的均匀性指数有 4 个组配为 RHGC 略高于 RHPC，6 个组配为 RHGC 略低于 RHPC。总体分析，均匀性指数表现为：早稻期 RHGC（0.51±0.02）略低于 RHPC（0.52±0.02）无显著差异（P>0.05），晚稻期为 RHGC（0.72±0.02）显著低于 RHPC（0.77±0.01）（P<0.05）。

2.5　生态控害潜能比较分析

当以生境的异质性为分组标准，对捕食性天敌与水稻主要害虫的数量益害比 *Npi* 值进行比较分析，早稻期 10 个 RHH 与 RLH 的 *Npi* 值均高于 1；晚稻期 *Npi* 值有 8 个 RHH>1，2 个 RHH<1，6 个 RLH>1，5 个 RLH<1，总体分析，早稻期为 RHH 的 *Npi* 值略低于 RLH，晚稻期为 RHH 的 *Npi* 值略高于 RLH，但均无显著差异（P>0.05）。但不管是 RHH 还是 RLH，其 *Npi* 值均显著高于 1（图 6：A）。

当以生境的连通性为分组标准，对捕食性天敌与水稻主要害虫的数量益害比 *Npi* 值进行比较分析，早稻期 10 个 RHGC 与 RHPC 的 *Npi* 值均高于 1；晚稻期 *Npi* 值有 8 个 RHGC>1，2 个 RHGC<1；6 个 RHPC>1，5 个 RHPC<1，总体分析，早稻期的 RHGC 的 *Npi* 值略低于 RHPC，晚稻期 RHGC 的 *Npi* 值略高于 RHPC，均无显著差异（P>0.05），但不管是 RHGC 还是 RHPC，其 *Npi* 值均显著高于 1（图 6：B）。这也在一定程度上揭示生境的高异质性与高连通性，均能较好地控制害虫的密度。

3　结论与讨论

影响稻田捕食性节肢动物群落特征的生物参数主要是群落的物种丰富度（含优势种）、个体数量、多样性和均匀性指数。边缘生境的高异质性与良好连通性能明显提高捕食性天敌的物种丰富度，虽然未达到统计学意义上的显著影响，但这种差异不可忽视。具有高异质性边缘生境的稻田，其单位面积中的捕食性天敌个体数量明显高于或显著高于低异质性边缘生境的稻田。具有高异质性同时具有生境良好连通性特性，则能够显著或极显著提高稻田捕食性天敌的个体数量，从而具有更好的生态防控水稻害虫的关键物质基础。高异质性与较好连通性的稻田，其生

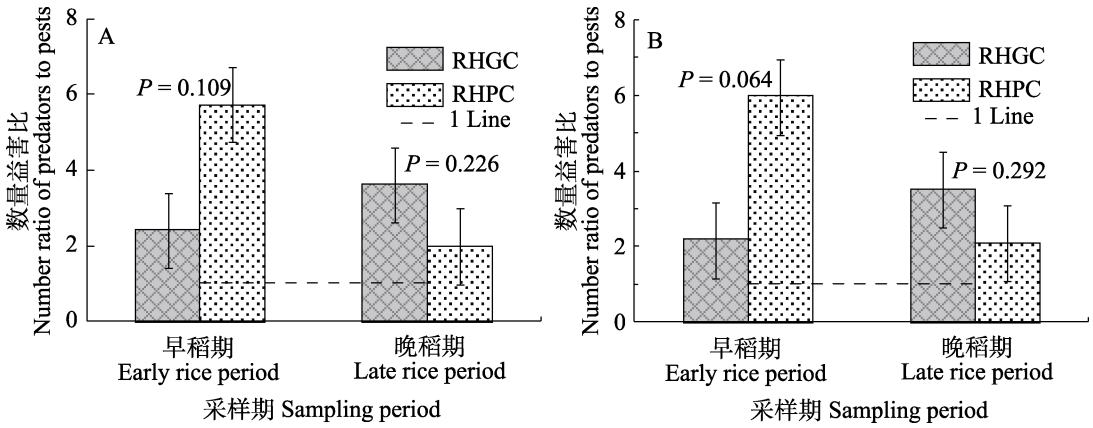

图 6　基于异质性组配与连通性组配的数量益害比

Fig. 6　Comparison of number ratio of predators to pests based on habitat heterogeneity and habitat connectivity

A.　以异质性组配；B. 以连通性组配。

A. Based on habitat heterogeneity; B. Based on habitat connectivity.

态控害潜能明显优于生境异质性低与连通性较差稻田。生境的异质性与连通性双驱动更有利于稻田捕食性天敌的保护与生态潜能发挥。

无论以异质性还是以连通性为配组进行比较，其数量益害比均显著高于 1，说明调查区域内的稻田生态系统中有足够数量的捕食性天敌可控制水稻的主要害虫，同时生境的高异质性与较好连通性引起水稻主要害虫种群密度增加的可能性很小，大量捕食性天敌的存在是开展生态控制水稻主要害虫的重要物质基础与保障。并在一定程度上揭示 RHH 稻田比 RLH 稻田、RHGC 稻田比 RHPC 稻田中天敌控制害虫有更好的物质基础，如果同时具备 RHH 与 RHGC 双特征，则其生态控害效能显著高于 LHR 与 RHPC。

同一区域或相近地理区域内，在不同的生境中捕食性节肢动物的物种丰富度差别不明显，但单位面积内的个体数量则因生境的异质性与连通性不同而产生较大的差异（刘雨芳等，2021）。稻田节肢动物捕食者主要由蜘蛛与捕食性昆虫组成，以蜘蛛占优势（刘雨芳等，2019）。蜘蛛是广捕食者群体，在农田中丰度和丰富度均较高，而它们宽广的食物谱使之能维持稳定的种群动态，即使是在它们比较喜欢的猎物种丰度较低的时候也如此，因此，保护农田蜘蛛对于害虫的生物防治具有重要意义（Betz and Tscharntke，2017）。

尽管农业集约化与生物多样性丧失有关，然而，也有越来越多的证据表明，在不同的空间和时间尺度上维持或重新建立生境异质性，可以有效防止农田生物多样性的下降。不同的土地用途提供了不同的生境异质性，保存着不同的生物群落组成，能提供不同资源，生境多样性还可以使需要利用互补生境的物种受益，因为它们在相嵌元素之间移动，并利用不同生境类型提供的资源，这种行为被认为是物种在破碎环境中持续存在的重要机制（Betz and Tscharntke，2017）。

稻田生态系统中各种未耕作或其它作物相嵌生境的存在，如田间边缘和种植走廊，已被证明通过提供更多的可渗透的运动通道和提高栽培基质的质量，增加了一系列节肢动物分类群在生境间的扩散。即异质生境镶嵌有助于抵消生境破碎和隔离的负面影响，增加更广泛种类的物种的扩散机会（Betz and Tscharntke，2017），多样化种植调控稻田天敌功能团在生境间的移动（Yao *et al.*，2012；姚凤銮与尤民生，2017）。这与本文的研究结果一致。稻田捕食性天敌优势群落蜘蛛，它们在水稻生长中期相对稳定，遭遇农事活动干扰，也仅迁移到邻近稻田或生境，良好的生境连通性有利于蜘蛛迁移，并通过提供便利的空间避护、食物补充来促进有冲突的物种在强烈的相互作用中实现共存（Stephanie，2004）。农业集约化与扩张给生物多样性带来风险（Kehoe *et al.*，2017），寄生蜂比捕食者表现出更大的生境特异性，并且可能比捕食性天敌更多地受益于生境异质性的增加（Gaigher *et al.*，2016）。尽管仅限于在本研究区域里获得的结果，可能仅适合本区域的水稻害虫自然防治案例，但我们依然建议在农业土地利用、农业景观与生态文明建设规划中，一方面要考虑生境与景观的异质性，产生适量的相嵌生境元素，另一方面更要考虑生态廊道配置，强化生境间的连通性，如在农田水利设施建设中、在固化周边生境、建造水圳时，适当构建其他植被廊道，在山区田块间普遍存在高度落差时，构建或保留坡度连接植被廊道，帮助如蜘蛛等扩散能力较弱的稻田天敌类群在生境间迁移、避害，强化其生态控害效能。同时，在今后的进一步研究中，可深入探讨量化异质性和连通性与生态控害的量化关系。

参考文献 (References)

Betz L, Tscharntke T, 2017. Enhancing spider families and spider webs in Indian rice fields for conservation biological control, considering local and landscape management. *Journal of Insect Conservation*, 21(3): 495–508.

Chen CM, Song HY, Xiao TG, 1980. Insect resources of natural enemy in rice field in Hunan province. *Journal of Hunan Agricultural College*, (1): 35–46. [陈常铭, 宋慧英, 肖铁光, 1980. 湖南稻田天敌昆虫资源. 湖南农学院学报, (1): 35–46.]

Ellwood ER, Sessa JA, Abraham JK, Budden AE, Douglas N,

Guralnick R, Krimmel E, Langen T, Linton D, Phillips M, Soltis PS, Studer M, White LD, Williams J, Monfils AK, 2020. Biodiversity science and the Twenty-first century workforce. *BioScience*, 70(2): 119–121.

Gaigher R, Pryke JS, Samways MJ, 2016. Old fields increase habitat heterogeneity for arthropod natural enemies in an agricultural mosaic. *Agriculture*, *Ecosystems and Environment*, 230: 242–250.

González E, Salvo A, Valladares G, 2017. Arthropod communities and biological control in soybean fields: Forest cover at landscape scale is more influential than forest proximity. *Agriculture*, *Ecosystems and Environment*, 239: 359–367.

Kehoe L, Romero-Muñoz A, Polaina E, Estes L, Kreft H, Kuemmerle T, 2017. Biodiversity at risk under future cropland expansion and intensification. *Nature Ecology & Evolution*, 1(8): 1129–1135.

Landis DA, 2017. Designing agricultural landscapes for biodiversity-based ecosystem services. *Basic and Applied Ecology*, 18: 1–12.

Liu YF, Yang H, Yang F, Xie MQ, 2019. Ecological regulation effectiveness of habitat heterogeneity on predatory natural enemies and rice pests in rice paddy fields. *Acta Entomologica Sinica*, 62(7): 857–867. [刘雨芳, 杨荷, 阳菲, 谢美琦, 2019. 生境异质度对稻田捕食性天敌及水稻害虫的生态调节有效性. 昆虫学报, 62(7): 857–867.]

Liu YF, Yang F, Xie MQ, Tian TT, 2021. Correlations between the natural landscape heterogeneity and the conservation and ecological control efficiency of predatory natural enemies in rice fields in hilly regions of the central Hunan province. *Journal of Plant Protection*, 48(4): 862–871. [刘雨芳, 阳菲, 谢美琦, 田滕滕. 2021. 湘中丘陵区自然景观异质性与稻田捕食性天敌保护及生态控害效能的相关性. 植物保护学报, 48(4): 862–871.]

Liu YF, Zhao WH, Yang F, Xie MQ, Chen SY, 2020. An analysis of predatory insects in farmlands in China based on the CNKI database: Future potential and current application. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 57(1): 70–79. [刘雨芳, 赵文华, 阳菲, 谢美琦, 陈思源, 2020. 基于 CNKI 分析的我国农田捕食性昆虫资源与应用. 应用昆虫学报, 57(1): 70–79.]

Liu YF, 2019. A review of the diversity and ecological function of paddy field insect communities in China. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 56(2): 183–194. [刘雨芳, 2019. 中国稻田昆虫群落多样性及生态调控功能研究进展. 应用昆虫学报, 56(2): 183–194.]

Savary S, Horgan F, Willocquet L, Heong KL, 2012. A review of principles for sustainable pest management in rice. *Crop Protection*, 32: 54–63.

Steingröver EG, Geertsema W, van Wingerden WK, 2010. Designing agricultural landscapes for natural pest control: A transdisciplinary approach in the Hoeksche Waard (The Netherlands). *Landscape Ecology*, 25(6): 825–838.

Stephanie EH, 2004. Habitat overlap of enemies: Temporal patterns and the role of spatial complexity. *Oecologia*, 138(3): 475–484.

Tooker JF, O′Neal ME, Rodriguez-Saona C, 2020. Balancing disturbance and conservation in agroecosystems to improve biological control. *Annual Review of Entomology*, 65: 81–100.

Wagner DL, Grames EM, Forister ML, Berenbaum MR, Stopak D, 2021. Insect decline in the Anthropocene: Death by a thousand cuts. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(2): e2023989118.

Yang F, Yang H, Zhao WH, Liu YF, 2020. Impacts of organic manure on rice paddy arthropod communities. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 57(1): 153–165. [阳菲, 杨荷, 赵文华, 刘雨芳, 2020. 有机肥对稻田节肢动物群落的影响及其 Top-down 效应. 应用昆虫学报, 57(1): 153–165.]

Yao FL, You MS, 2017. Regulation of the movements of natural enemy guilds between different habitats in rice-based ecosystems by polycultural manipulation. *Journal of Plant Protection*, 44(6): 958–967. [姚凤銮, 尤民生, 2017. 多样化种植调控稻田天敌功能团在生境间的移动. 植物保护学报, 44(6): 958–967.]

Yao FL, You MS, Vasseur L, Yang G, Zheng TK, 2012. Polycultural manipulation for better regulation of planthopper populations in irrigated rice-based ecosystems. *Crop Protection*, 34: 104–111.