

向日葵螟幼虫的空间分布型及抽样技术*

张总泽^{1, 2} 刘双平³ 张 静³ 罗礼智^{1**} 江幸福¹

(1. 中国农业科学院植物保护研究所 植物病虫害生物学国家重点实验室 北京 100193;
2. 华中农业大学植物科技学院 武汉 430070; 3. 内蒙古巴彦淖尔市植保植检站 临河 015000)

Spatial distribution pattern and sampling technique of the larvae of European sunflower moth, *Homoeosoma nebulellum*. ZHANG Zong-Ze^{1, 2}, LIU Shuang-Ping³, ZHANG Jing³, LUO Li-Zhi^{1**}, JIANG Xing-Fu¹ (1. State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, CAAS, Beijing 100193, China; 2. College of Plant Science and Technology of HuaZhong Agricultural University, Wuhan 430070, China; 3. The Plant Protection and Quarantine Station of Bayannur, Linhe 015000, China)

Abstract The European sunflower moth, *Homoeosoma nebulellum* Denis et Schiffermüller is a serious pest of sunflower crops. Six aggregation indexes were used to identify the spatial distribution pattern of *H. nebulellum* larvae. The results show that this pest has an aggregated distribution pattern. The formula of the logarithm of the mean (m) and variance (S^2) was: $\lg S^2 = \lg 0.2130 + 0.5639 \lg m$, which meant that the distribution pattern of the larvae became progressively more even with increasing density. According to Iwao's regression: $m^* = 8.1177 + 0.1447m$, the basic element of distribution was an individual colony in the field, individuals attract each other and individual colonies are evenly distribution. The aggregation mean λ ($\lambda < 2$) indicated that the cause for the aggregated distribution was the environment. A theoretical sampling formula for the larvae of *H. nebulellum* was established as followed. $n = 911.77/m - 85.53$ ($D = 0.1$) and $n = 227.94/m - 21.38$ ($D = 0.2$). The sequential sampling formula were $T_{1(n)}, T_{0(n)} = 7.40n \pm 4.54 \sqrt{n}$ (Confection sunflower) and $T_{1(n)}, T_{0(n)} = 10.05n \pm 2.29 \sqrt{n}$ (Oil sunflower).

Key words sunflower, sunflower moth, *Homoeosoma nebulellum*, *Homoeosoma electellum*, spatial distribution pattern, sampling technique

摘 要 欧洲向日葵螟 *Homoeosoma nebulellum* Denis et Schiffermüller 是向日葵上的主要害虫, 本文利用 6 种聚集指标对向日葵螟幼虫的空间分布型进行了测定, 结果表明其呈现聚集分布。样本平均数(m)与方差(S^2)的对数值的关系式为: $\lg S^2 = \lg 0.2130 + 0.5639 \lg m$, 显示向日葵螟幼虫的空间分布随密度的升高而趋向均匀分布。Iwao 的 $m^* - m$ 回归方程为: $m^* = 8.1177 + 0.1447m$, 显示该虫在田间分布的基本成分是个体群, 个体间相互吸引, 个体群的空间分布型为均匀分布。对聚集原因进行分析, 得出 $\lambda < 2$, 表明向日葵螟幼虫的聚集是由于环境作用所引起的。用 Iwao 的理论抽样数模型计算出向日葵螟幼虫的理论抽样数模型为: $D = 0.1$ 时, $n = 911.77/m - 85.53$, $D = 0.2$ 时, $n = 227.94/m - 21.38$ 。采用 $m^* - m$ 关系的序贯抽样模型制定出食葵田间的序贯抽样模型为: $T_{1(n)}, T_{0(n)} = 7.40n \pm 4.54 \sqrt{n}$, 油葵田间的序贯抽样模型为: $T_{1(n)}, T_{0(n)} = 10.05n \pm 2.29 \sqrt{n}$ 。

关键词 向日葵, 向日葵螟, 欧洲向日葵螟, 美洲向日葵螟, 空间分布型, 抽样技术

向日葵螟(sunflower moth)是世界范围内向日葵上的重要害虫, 包括欧洲向日葵螟 *Homoeosoma nebulellum* Denis et Schiffermüller 和美洲向日葵螟 *Homoeosoma electellum* Hulst。在

* 资助项目: 中国农科院院所基本科研专项(2008YW16)。

** 通讯作者, E-mail: lzluo@ippcaas.cn

收稿日期: 2009-12-03, 修回日期: 2010-01-27

我国向日葵主产区:内蒙古^[1]、黑龙江^[2]、新疆^[3]、吉林^[4]为害的是欧洲向日葵螟(下文所指向日葵螟即为欧洲向日葵螟)。该虫以幼虫为害向日葵筒状花和葵花籽。在危害的花盘表面可见到许多颗粒状虫粪,幼虫将花盘籽粒底部蛀成纵横交错的孔道,并吐丝将虫粪及取食后的碎屑粘连,被害花盘遇雨后腐烂,严重降低产量和品质。

内蒙古巴彦淖尔市是我国重要的向日葵产区,2006年向日葵螟突然暴发成灾,发生面积9.40万hm²,约占总播面积的72.07%,大部分地块的花盘被害率在30%~50%,籽实被害率在15%~20%。严重地块的花盘被害率竟达70%以上,籽实被害率超过30%,许多农田几乎绝产,经济损失极为惨重。

国内外尚无关于向日葵螟空间分布型的研究报道。为了解其空间分布特性,为田间抽样调查提供科学依据,从而制定合理的防治措施,提高防治效果,本文对该虫的空间分布型和抽样技术进行了研究。

1 材料与方法

1.1 调查地点

2009年7月31日—8月1日在内蒙古杭锦后旗蛮会镇红星二社(N41.06°,E107.24°)向日葵田进行调查,种植品种为食葵135,种植面积约1.4hm²,选择5块长势一致的田块进行调查,每块田面积约1000~1500m²。

1.2 调查方法

选择田块中心10行10列共100株向日葵进行调查,记录每株向日葵上的向日葵螟幼虫数量,绘制坐标图。

1.3 空间分布型测定方法

1.3.1 聚集指标法 计算每块田的向日葵螟幼虫平均密度 m (头/株)和样本方差 S^2 。利用以下几种常用指标测定向日葵螟幼虫的空间分布型。平均拥挤度(m^*): $m^* = m + S^2/m - 1$, $m^* < 1$ 为均匀分布, $m^* = 1$ 为随机分布, $m^* > 1$ 为聚集分布。扩散系数(C): $C = S^2/m$, $C < 1$ 时为均匀分布, $C = 1$ 时为随机分布, $C > 1$ 时为

聚集分布。丛生指标(I): $I = S^2/m - 1$, $I = 0$ 为随机分布, $I > 0$ 为聚集分布, $I < 0$ 为均匀分布。 m^*/m 指数: $m^*/m = 1 + S^2/m^2 - 1/m$, $m^*/m < 1$ 为均匀分布, $m^*/m = 1$ 时为随机分布, $m^*/m > 1$ 时为聚集分布。 Ca 指标: $Ca = (S^2 - m)/m^2$, $Ca < 0$ 为均匀分布, $Ca = 0$ 为随机分布, $Ca > 0$ 为聚集分布。负二项分布的 k 值: $k = m^2/(s^2 - m)$, $k < 0$ 为均匀分布,当 $k > 0$ 为聚集分布, $k \rightarrow +\infty$ 为随机分布^[5~7]。

1.3.2 回归分析法

1.3.2.1 Taylor 幂法则 Taylor发现样本平均数与方差的对数值之间存在如下回归关系: $\lg S^2 = \lg a + b \lg m$,当 $\lg a > 0$, $b > 1$ 时,种群在一切密度下均是聚集的,但聚集度对密度的依赖性; $\lg a < 0$, $b < 1$ 时,种群密度越高分布越均匀^[5]。

1.3.2.2 Iwao的 $m^* - m$ 回归分析法 Iwao建立了检验分布型的公式: $m^* = \alpha + \beta m$,关系式中 α 与 β 两参数揭示了种群的分布特征。 α 为分布基本成分的平均拥挤度:当 $\alpha = 0$ 时,分布的基本成分为单个个体; $\alpha > 0$ 时,个体间相互吸引,分布的基本成分是个体群; $\alpha < 0$ 时,个体间相互排斥。 β 为基本成分的空间分布型:当 $\beta = 1$ 时,为随机分布; $\beta > 1$ 时,为聚集分布; $\beta < 1$ 时,为均匀分布^[5]。

1.4 聚集原因分析

应用Blackith的种群聚集均数(λ)分析向日葵螟幼虫的聚集原因。 $\lambda = mr/2k$, r 为 x^2 分布表中自由度等于 $2k$ 时0.5概率值所对应的 x^2 值。当 $\lambda < 2$ 时,其聚集可能是由于环境作用所引起,而不是由于昆虫本身的聚集习性;当 $\lambda \geq 2$ 时,聚集原因是由于上述两个原因或其中一个原因所引起的^[5]。

1.5 理论抽样数模型

采用Iwao的理论抽样数模型确定不同虫口密度时的最适理论抽样数^[5,6]。

$$n = (t^2/D^2)[(\alpha + 1)/m + \beta - 1]$$

其中: n 为最适抽样数, m 为平均密度, t 为一定置信度下的 t 分布值,取 $t = 1$, α 、 β 为 $m^* - m$ 回归模型中的参数, D 为允许误差值,取 $D =$

0.1,0.2。

1.6 序贯抽样模型

采用 m^*-m 关系的序贯抽样模型^[5, 6]：
$$T_{1(n)}, T_{0(n)} = nm_0 \pm t\{n[(\alpha + 1)m_0 + (\beta - 1)m_0^2]\}^{1/2}$$
其中： n 为抽样数， m_0 为防治指标， t 为一定置信度下的 t 分布值，取 $t = 1, \alpha, \beta$ 为 m^*-m 回归模型中的参数。

1.7 抽样方法

将调查结果绘制成坐标图，分别用对角线式、棋盘式、分行式、平行线式和“Z”字形式进行抽样，其中对角线式、“Z”字形式抽取 9 点，每点 4 株，共 36 株，棋盘式抽取 8 点，每点 4 株，共 32 株，分行式抽取 4 行，每行 9 株，共 36 株，平行线式抽取 4 行，每行 10 株，共 40 株。

将抽样结果与实际密度比较，利用 t 检验进行差异显著性测定。

1.8 数据的统计分析

实验所获数据均由统计分析软件 SPSS (16.0) 处理。

2 结果与分析

2.1 向日葵螟幼虫的空间分布型

2.1.1 聚集度指标 向日葵螟幼虫空间分布型的聚集度指标见表 1。从表中可看出，平均拥挤度 m^* 大于 1，扩散系数 C 大于 1，丛生指标 I 大于 0， m^*/m 指数大于 1， Ca 指标大于 0，负二项分布的 k 值大于 0，表明向日葵螟幼虫的空间分布型呈聚集分布。

表 1 向日葵螟幼虫的聚集度指标

样本田块	均值 m	方差 S^2	平均拥挤度 m^*	扩散系数 C	I 指标	m^*/m 指标	Ca 指标	K 指标
1	1.46	11.4226	8.2837	7.8237	6.8237	5.6738	4.6738	0.2140
2	0.93	7.7627	8.2770	8.3470	7.3470	8.9000	7.9000	0.1266
3	1.98	14.7067	8.4076	7.4276	6.4276	4.2463	3.2463	0.3080
4	2.11	15.4726	8.4430	7.3330	6.3330	4.0014	3.0014	0.3332
5	2.09	15.3151	8.4178	7.3278	6.3278	4.0276	3.0276	0.3303

2.1.2 回归分析法

2.1.2.1 Taylor 幂法则 利用样本平均数 (m) 与方差 (S^2) 的对数值计算出的 Taylor 幂法则方程为： $\lg S^2 = \lg 0.2130 + 0.5639 \lg m$ ，相关系数 $r = 0.9879$ ，相关关系极显著 ($P < 0.01$)。 $\lg a < 0, b < 1$ ，表明向日葵螟幼虫的空间分布随密度的升高而趋向均匀分布。

2.1.2.2 Iwao 的 m^*-m 回归分析法 将样本平均数 (m) 与平均拥挤度 (m^*) 进行线性回归，得出回归方程为： $m^* = 8.1177 + 0.1447m, r = 0.9366$ ，相关关系显著 ($P < 0.05$)。 a 大于 0，表明向日葵螟幼虫在田间分布的基本成分是个体群，个体间相互吸引， β 小于 1，表明向日葵螟幼虫个体群的空间分布型为均匀分布。

2.2 聚集原因分析

取 r 值为 0.45，计算出 5 个样本田块的 λ 值分别为 1.5353、1.6531、1.4462、1.4249、1.4237，均小于 2，表明向日葵螟幼虫的聚集是

由于环境作用所引起，而不是由于其本身的聚集习性。

2.3 理论抽样数模型

将 $t = 1, a = 8.1177, \beta = 0.1447, D = 0.1, 0.2$ 代入到 Iwao 的理论抽样数模型中，得出： $D = 0.1$ 时， $n = 911.77/m - 85.53, D = 0.2$ 时， $n = 227.94/m - 21.38$ 。计算出向日葵螟幼虫不同密度下的理论抽样数(表 2)。同一允许误差值下，随着幼虫密度的增高，抽样数逐渐减少。

表 2 向日葵螟幼虫不同密度下的理论抽样数

允许误差值 D	向日葵螟幼虫密度(头/株)							
	0.5	1	2	3	4	5	6	7
0.1	1738.0	826.2	370.4	218.4	142.4	96.8	66.4	44.7
0.2	434.5	206.6	92.6	54.6	35.6	24.2	16.6	11.2

2.4 序贯抽样模型

序贯抽样的目的是在一定允许误差水平

下,判断田间的害虫种群密度是否达到防治指标,从而是否对害虫进行控制。由于向日葵螟幼虫在食葵和油葵田间的防治指标不同(食葵防治指标为 7.40 头/盘,油葵防治指标为 10.05 头/盘,作者,未发表资料),所以本文对其分别建立序贯抽样模型。

将 $m_0 = 7.40$ 和 10.05 , $t = 1$, $a = 8.1177$, $\beta = 0.1447$, 带入到序贯抽样模型中,得出食葵田间的序贯抽样模型为: $T_{1(n)}, T_{0(n)} = 7.40n \pm 4.54 \sqrt{n}$, 油葵田间的序贯抽样模型为: $T_{1(n)}, T_{0(n)} = 10.05n \pm 2.29 \sqrt{n}$ 。根据序贯抽样模型建立检索表(表 3)。田间调查时,若累积虫口数超过 $T_{1(n)}$ 可定为防治对象田,若累积虫口数低于 $T_{0(n)}$ 可定为不防治田,若累积虫口数介于 $T_{1(n)}$ 和 $T_{0(n)}$ 之间,则应继续调查,直到抽样数达到理论抽样数模型中对应的 n 为止。

表 3 向日葵螟幼虫序贯抽样检索表

抽样数 (n)/株	食葵		油葵	
	$T_{1(n)}$	$T_{0(n)}$	$T_{1(n)}$	$T_{0(n)}$
10	88.4	59.6	107.7	93.3
20	168.3	127.7	211.2	190.8
30	246.9	197.1	314.0	289.0
40	324.7	267.3	416.5	387.5
50	402.1	337.9	518.7	486.3
60	479.2	408.8	620.7	585.3
70	556.0	480.0	722.7	684.3
80	632.6	551.4	824.5	783.5
90	709.1	622.9	926.2	882.8
100	785.4	694.6	1027.9	982.1

2.5 抽样方法

利用 5 种抽样方法对坐标图进行抽样,计算出对角线式、棋盘式、分行式、平行线式和“Z”字形式抽样结果的平均密度为:1.62、1.67、1.74、2.10、1.82 头/株。利用 t 检验将各抽样结果与实际平均密度(1.71 头/株)进行差异比较,均未达显著水平($P > 0.05$)。表明这 5 种抽样方法均可用于田间抽样调查。

3 结论与讨论

利用 6 种聚集指标对向日葵螟幼虫的空间分布型测定的结果表明其呈现聚集分布。样本

平均数(m)与方差(S^2)的对数值的关系式为: $\lg S^2 = \lg 0.2130 + 0.5639 \lg m$, 显示向日葵螟幼虫的空间分布随密度的升高而趋向均匀分布。Iwao 的 $m^* - m$ 回归方程为: $m^* = 8.1177 + 0.1447m$, 显示该虫在田间分布的基本成分是个体群,个体间相互吸引,个体群的空间分布型为均匀分布。对聚集原因进行分析,得出 $\lambda < 2$, 表明向日葵螟幼虫的聚集是由于环境作用所引起的。造成这一现象的原因是:一方面,由于向日葵螟 1~2 龄幼虫取食向日葵花粉,所以向日葵螟成虫喜欢将卵产在刚开花的向日葵上,以保证幼虫的取食。Depew(1983)曾报道过美洲向日葵螟在向日葵开花后 2~4 d 内达到产卵高峰,开花后 7 d 内的产卵量为总产卵量的 84%~90%^[8]。而欧洲向日葵螟在向日葵开花后第 1 d 的产卵量占总产卵量的 65.3%,开花后 3 d 内的产卵量占总产卵量的 87.7%(作者,未发表资料)。另一方面,即便是同一田块的向日葵开花亦不整齐,一般而言,开花早的向日葵螟为害重,晚则轻。因此,当田间向日葵螟成虫密度比较低时,开花早的向日葵着卵量要高于开花晚的向日葵。由于向日葵螟幼虫无转株为害习性,所以田间的向日葵螟幼虫呈聚集分布,而开花早的向日葵在田间一般呈均匀分布,所以向日葵螟幼虫的个体群亦呈均匀分布。当田间向日葵螟成虫密度比较高时,不论向日葵开花早晚,其着卵量均较高,向日葵螟幼虫也就趋向于均匀分布,这与 Taylor 幂法则的测定结果一致。综上所述,向日葵螟幼虫的聚集是由于田间向日葵开花时间不一致和向日葵螟成虫数量较少所造成的。

用 Iwao 的理论抽样数模型计算出向日葵螟幼虫的理论抽样数模型为: $D = 0.1$ 时, $n = 911.77/m - 85.53$, $D = 0.2$ 时, $n = 227.94/m - 21.38$ 。同一允许误差值下,随着幼虫密度的增高,抽样数逐渐减少。采用 $m^* - m$ 关系的序贯抽样模型制定出食葵田间的序贯抽样模型为: $T_{1(n)}, T_{0(n)} = 7.40n \pm 4.54 \sqrt{n}$, 油葵田间的序贯抽样模型为: $T_{1(n)}, T_{0(n)} = 10.05n \pm 2.29 \sqrt{n}$ 。

田间抽样调查时,若累积虫口数超过 $T_{1(n)}$ 可定为防治对象田,若累积虫口数低于 $T_{0(n)}$ 可定为不防治田,若累积虫口数介于 $T_{1(n)}$ 和 $T_{0(n)}$ 之间,则应将估算的 m_0 代入到理论抽样数模型中,计算出最高抽样数 n ,然后继续调查,直到抽样数达到 n 为止。利用对角线式、棋盘式、分行式、平行线式和“Z”字形式对田间调查坐标图进行抽样,结果表明:各抽样结果与实际平均密度无显著差异,均可用于田间抽样调查。

需要注意的是,近年来向日葵品种更新速度不断加快,产量逐年提高,葵花籽价格起伏较大,因此,应根据生产实际,实时修正食葵和油菜的防治指标,从而调整向日葵螟幼虫的序贯抽样模型,为田间防治提供更科学、可靠的理论依据。

参 考 文 献

1 张总泽,刘双平,罗礼智.向日葵螟生物学研究进展.植物

保护,2009,35(5):18~23.

2 叶家栋,朱秀廷.我国黑龙江省初次发现的向日葵新害虫—向日葵螟.昆虫学报,1965,14(6):617~619.

3 李金安.向日葵螟的调查初报.新疆农业科技,1983,5:38~41.

4 边正子,何维桢,王德茂,等.吉林省向日葵螟的发生规律和防治试验报告.吉林农业科学,1985,(1):51~57.

5 丁岩钦.昆虫数学生态学.北京:科学出版社,1994.45~58.

6 刘波,朱育菁,肖荣凤,等.西瓜枯萎病病株空间分布格局及其抽样技术.生态学报,2004,24(9):3402~3402.

7 符明龙,谢淑玲,祝增荣,等.入侵移栽稻田的福寿螺卵块空间分布型及其抽样技术.植物保护学报,2008,35(4):233~233.

8 Depew L. J. Sunflower moth (Lepidoptera: Pyralidae): Oviposition and chemical control of larvae on sunflowers. *J. Econ. Entomol.*, 1983, 76:1164~1166.