

大庆及齐齐哈尔地区奶牛牧场蝇虫种类鉴定*

栾贵东^{1,2,3**} 贾永祯¹ 李洪宇¹ 董明哲¹ 孙强^{1,2,3***}

(1. 黑龙江八一农垦大学农学院, 大庆 163319; 2. 黑龙江省作物-有害生物互作生物学及生态防控重点实验室, 大庆 163319; 3. 国家杂粮工程技术研究中心, 大庆 163319)

摘要 【目的】明确黑龙江省大庆市和齐齐哈尔市周边牧场蝇虫的发生情况、蝇虫的生态习性及其在牧场中的分布。【方法】采用扫网法对 10 个牧场的蝇类进行了采集, 并结合形态学和分子生物学技术对其种类和数量进行了鉴定与统计, 通过在牧场不同区域放置诱蝇笼观察蝇类的选择偏好, 并在夜间设置有光与无光诱蝇笼对牧场蝇类生态习性进行调查。【结果】共采集蝇类 3 875 头, 结合形态学和分子生物学两种方式共鉴定出 4 种主要蝇类: 红头丽蝇 *Calliphora vicina*、黑尾黑麻蝇 *Helicophagella melanura*、家蝇 *Musca domestica* 和绿翠蝇 *Neomyia cornicina*, 2024 年 7-9 月的连续监测显示, 不同牧场蝇虫数量差异显著 ($P < 0.01$), 其中鑫海奶牛养殖专业合作社蝇虫总数最高, 三合畜牧业养殖有限公司最低, 造成蝇虫数量差异的原因主要包括粪便管理、饲料残留及环境温湿度。生态习性分析结果表明, 家蝇、红头丽蝇、绿翠蝇均在白天活动频繁, 家蝇、红头丽蝇和绿翠蝇表现出明显的趋光性, 黑尾黑麻蝇的活动受光源影响较小未表现出趋光性。黑尾黑麻蝇偏好发酵植物残体; 红头丽蝇和绿翠蝇体现出对高蛋白食物的趋向性, 家蝇则表现出行为广泛的食物适应性。【结论】本研究明确了黑龙江大庆、齐齐哈尔 10 个奶牛牧场 4 种主要蝇类, 阐明其数量影响因素与生态习性, 为牧场蝇虫精准防控提供了科学依据。

关键词 蝇类; 牧场; 形态学; 分子鉴定; 害虫防治

Identification of fly species in dairy farms in the Daqing and Qiqihar areas

LUAN Gui-Dong^{1,2,3**} JIA Yong-Zhen¹ LI Hong-Yu¹ DONG Ming-Zhe¹ SUN Qiang^{1,2,3***}

(1. College of Agriculture, Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing 163319, China; 2. Heilongjiang Provincial Key Laboratory of Crop-Pest Interaction Biology and Ecological Control, Daqing 163319, China; 3. National Coarse Cereals Engineering Research Center, Daqing 163319, China)

Abstract [Aim] To clarify the occurrence, ecological habits, and distribution of muscid flies in pastures around Daqing and Qiqihar in Heilongjiang Province. [Methods] We used sweep netting to collect flies from ten pastures. Both morphological and molecular techniques were used to identify species. Fly habitat preferences were assessed by placing traps in different pasture areas, and light traps were used to assess nocturnal fly activity. [Results] A total of 3 875 flies were caught, and a total of four major fly species identified: *Calliphora vicina*, *Helicophagella melanura*, *Musca domestica*, and *Neomyia cornicina*. Monitoring from July to September 2024 revealed significant differences in fly numbers among pastures, with most found at the Xinhai Dairy Cattle Breeding Cooperative and the least at the Sanhe Livestock Breeding Co. Ltd. Factors such as manure management, feed residues, and environmental temperature and humidity, probably caused these differences in fly abundance. Ecological analysis showed *M. domestica*, *C. vicina*, and *N. cornicina* were active and phototactic during the day, whereas *H. melanura* was less light sensitive. *H. melanura* preferred fermenting plant residues, whereas *C. vicina* and *N. cornicina* favored high protein foods. *M. domestica* had broad food adaptability. [Conclusion] In this study, four main flies in 10 dairy farms in Daqing and Qiqihar of Heilongjiang Province were identified, and their quantitative influencing factors

*资助项目 Supported project: 黑龙江省“揭榜挂帅”科技攻关项目 (2023ZXJ02B03)

**第一作者 First author, E-mail: 3257144132@qq.com

***通讯作者 Corresponding author, E-mail: byndsq@163.com

收稿日期 Received: 2025-02-17; 接受日期 Accepted: 2025-05-12

and ecological habits were clarified, which provided scientific basis for precise prevention and control of flies in dairy farms.

Key words flies; dairy farms; morphology; molecular identification; pest control

在奶牛养殖业蓬勃发展的当下, 蝇虫问题已成为影响奶牛健康与牧场效益的关键因素 (Neupane *et al.*, 2024)。尽管蝇虫寿命短暂, 但其强大的繁殖力使其能够快速传播多种病原体, 对畜牧生产构成持续性威胁 (Barth, 1986)。集约化养殖环境中, 过量蝇虫通过直接骚扰奶牛干扰其采食与休息, 同时通过侵扰、失血和引入唾液分泌物等降低奶产品价值 (郭海兰等, 2010; 张欣欣, 2024)。更为严重的是, 蝇虫作为炭疽 (Anthrax)、锥虫病 (Trypanosomiasis) 等疾病的传播媒介, 可导致奶牛生产性能下降甚至死亡 (徐爱梅, 1999)。研究显示, 仅北美地区每年因蝇害造成的经济损失就高达 22.1 亿美元 (Campbell *et al.*, 1977)。针对畜牧场主要蝇种如家蝇 *Musca domestica* 和厩腐蝇 *Muscina stabulans* (Duvallat and Hogsette, 2023), 通过精准的蝇类品种鉴定与生态习性调查, 不仅能明确牧场特定虫害分布特征, 更能为制定靶向防控策略提供科学依据, 从而有效降低经济损失, 保障奶牛健康并提升牧场生产效益。

蝇虫的形态学鉴定主要通过颜面斑纹、背板鬃序、翅、足的色斑和生殖器特征 (梁广勤, 1985), Roback (1954)、Giroux 等 (2010) 及 Whitmore 等 (2013) 运用显微或超显微技术, 依据形态数据, 分别对麻蝇亚科 Sarcophaginae 和欧麻蝇亚属 *Heteronychia* 进行了系统发育关系重建, 验证了雄性尾器特征对于麻蝇 Sarcophagidae 系统学研究的重要性。但是传统的蝇虫鉴定方法主要依赖于形态学特征, 存在一定的局限性。蝇类发育阶段、个体差异、隐存单元以及鉴定者的经验等, 都会影响形态学的鉴定结果 (Hebert *et al.*, 2003; Alex Smith *et al.*, 2007; 王颖等, 2014; 邵仕芳等, 2022)。随着分子生物学技术的发展, 基于 DNA 条形码的分子鉴定方法已经广泛地应用于蝇虫鉴定 (Alex Smith *et al.*, 2006, 2007; Pohjoismäki *et al.*, 2016)。该方法利用线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I (CO I) 基

因等标准化短基因片段的序列差异, 能够快速、准确地对蝇虫进行种属鉴定 (张岳等, 2019; 赵岩等, 2019)。例如 Doorenweerd 等 (2024) 通过循环一致性测序技术, 生成了一个包含 265 种 Dacini 果蝇 *Drosophila melanogaster* 的 CO I 参考库, 该库包含 5 601 个序列, 涵盖了大部分 CO I 基因; Boehme 等 (2012) 通过分析线粒体 DNA 细胞色素 C 氧化酶 I (CO I) 基因的条形码区域, 鉴定了已经形成不同的单系群的 13 个物种。这种特异性引物的开发也为蝇虫的快速鉴定提供了新的途径。循环一致性测序、基因条形码区域分析、特异性引物开发等技术为大庆及齐齐哈尔地区奶牛牧场蝇虫种类的调查提供了有力工具, 有助于更深入地了解当地蝇虫的种类组成、数量分布及季节变化规律, 从而为制定更具针对性的蝇虫防控措施奠定坚实基础。

蝇虫作为昆虫纲 Insecta 双翅目 Diptera 中的重要类群, 广泛分布于全球各地, 其种类繁多且生态习性各异。蝇虫的习性研究对于理解其生态适应性、种群动态以及与人类活动的相互关系具有重要意义。特别是不同蝇虫对不同环境的趋向行为, 不仅反映了它们对环境资源的利用策略, 还揭示了其在生态系统中的功能角色。

趋光性是昆虫长期对生态环境适应进化的结果, 不同蝇虫由于其复眼内部感光结构不同, 对于不同波段的光源有着不同的趋向性, 当蝇虫复眼内的感光元件受到光源刺激后, 会对光源发出的方向产生不可遏制的趋向性 (刘欢等, 2017)。除趋光性外对于其余环境条件蝇虫也表现出一定趋向性, 不同蝇虫对环境垃圾、高蛋白饲料和粪便区的趋向性行为受到多种因素的综合影响。从生物学角度来看, 蝇虫的感官系统 (如视觉、嗅觉、触觉等) 在感知环境信号方面发挥着关键作用, 如家蝇对高蛋白区域及奶牛粪便区域表现出一定趋向性 (Klüber *et al.*, 2023), 尽管已有大量研究对蝇虫的习性进行了探讨, 但目前的研究仍存在一些不足之处。一方面, 大多数研

究集中在少数几种蝇虫模型物种上,对于其他蝇虫种类的习性研究相对较少,这限制了对蝇虫习性普遍规律的总结。另一方面,现有研究多关注单一因素对蝇虫趋向行为的影响,而对其在自然环境中多种因素综合作用下的趋向行为缺乏系统的研究。

本研究旨在通过形态学和分子生物学结合技术鉴定大庆及齐齐哈尔地区牧场中蝇虫种类,并分析其趋向性,旨在为大庆及齐齐哈尔地区牧场蝇虫的消杀与防治提供理论依据及技术指导。

1 材料与方 法

1.1 蝇虫采集地点

2024 年 7-9 月在黑龙江省大庆市和齐齐哈尔市周边 10 个牧场采集蝇虫,具体地点见表 1。选取采集到的部分样本制成针插标本,剩余样本立即投入 100%乙醇中固定,放于 -20 °C 冰箱中保存备用。

1.2 蝇类调查方法

在同一天的相同时间段对各牧场进行统一捕捉,严格把控操作时间与流程,以最大程度减少因温度、光照等环境因素差异所导致的蝇虫数量误差。使用扫网法分别于 7-9 月份的 14-16 日连续捕捉 3 d。分别在牛棚区、牧场植被区和牧场开阔地段设置 3 个定点以避免牧场中不同环境对蝇虫种类和数量产生影响,于每日下午 14:00-15:00 使用 6 个扫网在 3 个牧场牛棚内进行捕捉,复网次数均在 30 次以上。各牧场均选择内部奶牛数量较多的牛棚进行蝇虫捕捉。捕捉完成后,将采集到的所有蝇虫带回室内,进行种类鉴定,并统计不同种类蝇虫数量。

1.3 蝇虫习性调查

于 8:00-20:00,在奶牛粪便区、垃圾堆积区、腐败牧草区和饲料堆放区各放置诱蝇笼 3 个,诱饵为 50 g 红糖,50 g 食醋,50 mL 水。于

表 1 蝇虫采集地点

Table 1 Collection locations of flies and insects

序号 No.	牧场名称 Ranch name	地点 Location	经纬度 Longitude and latitude
1	鑫海奶牛养殖专业合作社 Xinhai Dairy Cattle Breeding Professional Cooperative	齐齐哈尔市 Qiqihar City	47.65°N, 123.66°E
2	长青福和奶牛养殖专业合作社 Changqing Fuhe Dairy Cattle Breeding Professional Cooperative	齐齐哈尔市 Qiqihar City	47.23°N, 123.69°E
3	鑫源牧场 Xinyuan Ranch	甘南县 Gannan County	48.08°N, 124.01°E
4	荣康现代牧场 Rongkang Modern Ranch	嫩江市 Nenjiang City	49.18°N, 126.65°E
5	晟康牧业有限公司 Shengkang Animal Husbandry Co., Ltd.	林甸县 Lindian County	46.89°N, 125.06°E
6	荷斯坦奶牛繁育场 Holstein Cow Breeding Farm	青冈县 Qinggang County	46.90°N, 125.59°E
7	富嘉牧场 Fujia Ranch	齐齐哈尔市 Qiqihar City	47.27°N, 123.67°E
8	三合畜牧业养殖有限公司 Sanhe Animal Husbandry Breeding Co., Ltd.	大庆市 Daqing City	47.23°N, 124.61°E
9	麟源奶牛养殖合作社 Linyuan Dairy Farming Cooperative	嫩江市 Nenjiang City	48.87°N, 125.28°E
10	旺君家庭农场 Wangjun Family Farm	肇源县 Zhaoyuan County	45.55°N, 125.30°E

当日早 8:00 布放, 晚 20:00 回收。每隔 4 h 记录一次捕捉数量, 共记录 3 次。

于 20:00-次日 8:00, 在相同区域分别设置带光源和无光源诱蝇笼各 3 个并放置诱饵, 将白炽灯放置于诱蝇笼顶部模拟阳光, 于当日晚 20:00 布放, 次日早 8:00 回收。每隔 3 h 记录一次捕捉数量, 共记录 3 次。

1.4 昆虫形态鉴定

参考《中国常见蝇类检索表》(范滋德, 1992) 及相关文献, 通过体视显微镜 (OLYMPUS) 观察昆虫的头部、胸部、腹部、触角、足及产卵器等形态特征, 进行种类鉴定并记录。

1.5 昆虫分子鉴定

1.5.1 DNA 提取 使用北京百奥莱博科技有限公司购买的柱式昆虫 DNA 提取试剂盒, 用试剂盒说明书中的方法对采集后冻存的单头成蝇提取 DNA。

1.5.2 PCR 扩增和测序 对提取的 DNA 进行 PCR 扩增。根据已公布的蝇虫 CO I 基因片段。选用设计引物, 蝇虫的引物序列: 上游 LCOI1490 (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3'), 下游 HCO2198 (5'-TAAACTTCAGGGTGACCA-AAAAATCA-3')。以 25 μ L PCR 反应体系扩增目的基因片段。25 μ L PCR 反应体系为 2xRapid-TagMaster Mix 12.5 μ L, 模板 DNA 2.0 μ L 正向引物 1.25 μ L, 反向引物 1.25 μ L, H₂O 8.0 μ L。反应体系: 95 $^{\circ}$ C 条件下预变性 3 min, 进入循环, 先 95 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 50 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 35 个重复循环, 在最末循环终结后, 在 72 $^{\circ}$ C 下维持 5 min, 10 $^{\circ}$ C 储存。取 5 μ L 扩增产物进行 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 通过紫外成像分析目的条带。将条带清晰的产物送至北京六合华大基因科技有限公司测序, 结果通过 NCBI BLAST 软件比对 GenBank 数据库, 鉴定蝇虫种类。

1.6 数据分析

对每个牧场采集的蝇类样本进行计数, 记录不同种类蝇虫的数量, 并计算每个牧场的平均蝇

虫数量。使用 Excel 2007 进行数据统计, 使用 SPSS 26 软件作数据分析, 利用 Duncan 氏新复极差法与 Kruskal-Wallis H 进行差异显著性分析, 使用 GraphPad Prism 9 进行柱形图绘制。

2 结果与分析

2.1 蝇虫种类鉴定

2.1.1 蝇虫的形态学鉴定 在大庆及齐齐哈尔地区牧场共捕获蝇虫 3 875 头。根据不同的形态特征将其划分为 4 种, 如图 1 所示, 第一种蝇类头部具有橙红色或红棕色的颊, 触角长, 侧颜和下侧颜下方密生毛, 翅膀透明, 在 r-m 横脉处无暗晕, 前缘基鳞黄至褐色, 前盾在前中鬃列与前背中鬃列间有狭窄的黑纵条, 且腹部呈现青色, 平衡棒黄色或橙色, 足粗壮, 具黑色鬃毛, 基本符合红头丽蝇 *Calliphora vicina* 的特征, 因此经过形态学鉴定初步确定其为红头丽蝇。

第二种蝇类如图 2 所示, 体表具有格子状花纹, 这是麻蝇的明显特征。其口器黑色, 粗壮, 具毛, 胸部与头部等宽, 呈银灰色, 有 3 条延伸到盾片的黑色纵条, 翅的前缘脉多毛; r1 和 r4+5 脉背面有硬毛, m-Cu 横脉具一个黑色粗结节, 径脉结节腹面有毛, 腿部黑色, 前足股节无毛, 足粗壮, 具黑色鬃毛, 腹部灰黑色, 具粉被, 与胸部等长, 呈卵圆形; 背板上覆有短刚毛, 腹板有细小纤毛, 后腹有长鬃毛。根据上述形态学鉴定情况, 初步确定其为麻蝇, 但由于麻蝇属内有多个品种麻蝇与其具有相似特征, 且触角芒毛序及阳茎等核心特征相对模糊, 因此需要进一步结合分子鉴定才能确定其具体种。

第三种蝇类整体呈现灰黑色, 中胸盾片有明显的 4 条黑色纵条, 这是家蝇的显著特点。其翅脉呈棕黄色, 前缘脉基鳞黄白色, 翅膀透明, 复眼深红色, 大而发达, 腹部背板呈灰黄色基底, 具深色斑纹, 具黑色鬃毛, 第 4 纵脉末端呈角形上弯, 与第 3 纵脉几乎相接, 足 3 对, 具黑色刚毛。如图 3 所示, 由此确定其为家蝇。

最后一种蝇类全身呈绿色, 有铜色光泽, 复眼呈深红色, 大而发达, 口器为舐吸式, 唇瓣发达, 须黑色, 翅膀呈透明膜质, 翅脉清晰, 2R₅

缘缘具少量黑色刚毛, 分布稀疏, 足粗壮, 具黑色刚毛, 如图 4 所示。根据上述特征, 依据形态学分类方法初步将其确定为绿翠蝇 *Neomyia cornicina*。

2.1.2 蝇虫 CO I 基因比对情况 基于形态学初筛结果, 本研究从大庆地区采集的 3 875 头蝇

类样本中随机选取 30 头代表性个体进行分子生物学鉴定。通过 NCBI Blastn 工具对 nt 数据库进行同源序列比对分析, 结合形态学特征进行综合鉴定。如表 2 所示, 红头丽蝇样本与登录号为 JQ246672.1 红头丽蝇参考基因组相似度达 99.71%, 因此确定捕捉到的蝇虫为红头丽蝇; 绿

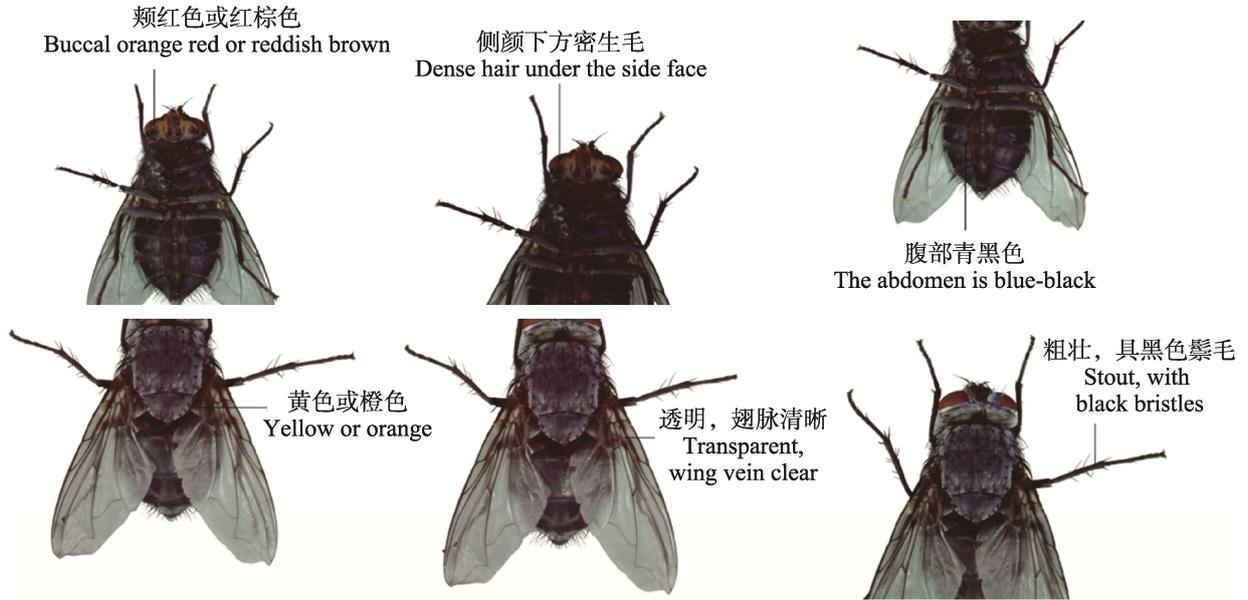


图 1 红头丽蝇形态鉴定图
Fig. 1 Morphological identification diagram of *Calliphora vicina*



图 2 麻蝇形态鉴定图
Fig. 2 Morphological identification diagram of *Sarcophagidae* sp.

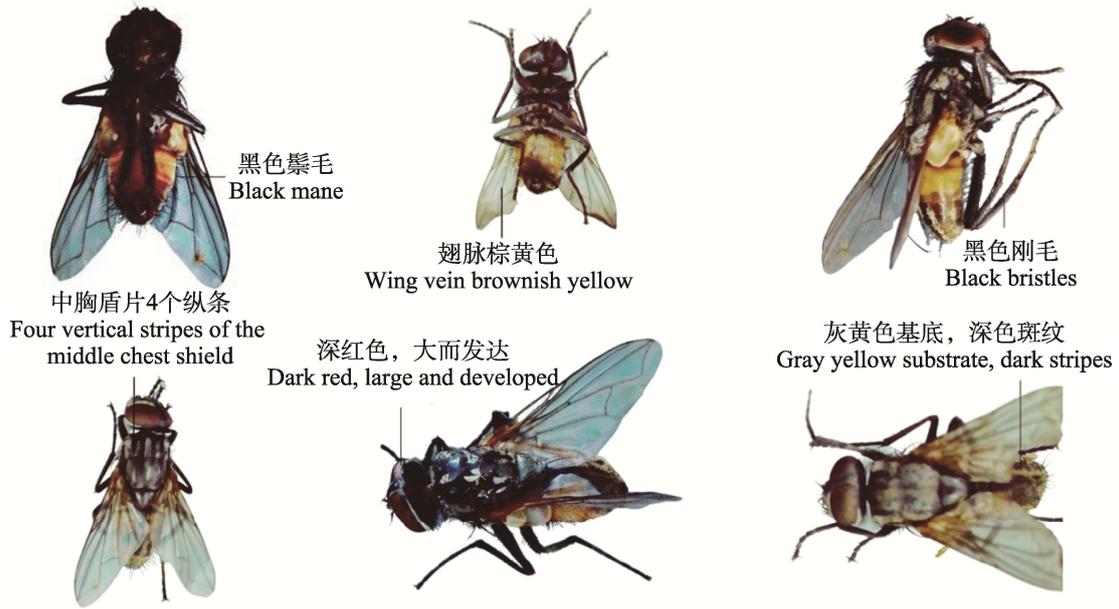


图 3 家蝇形态鉴定图

Fig. 3 Morphological identification diagram of *Musca domestica*

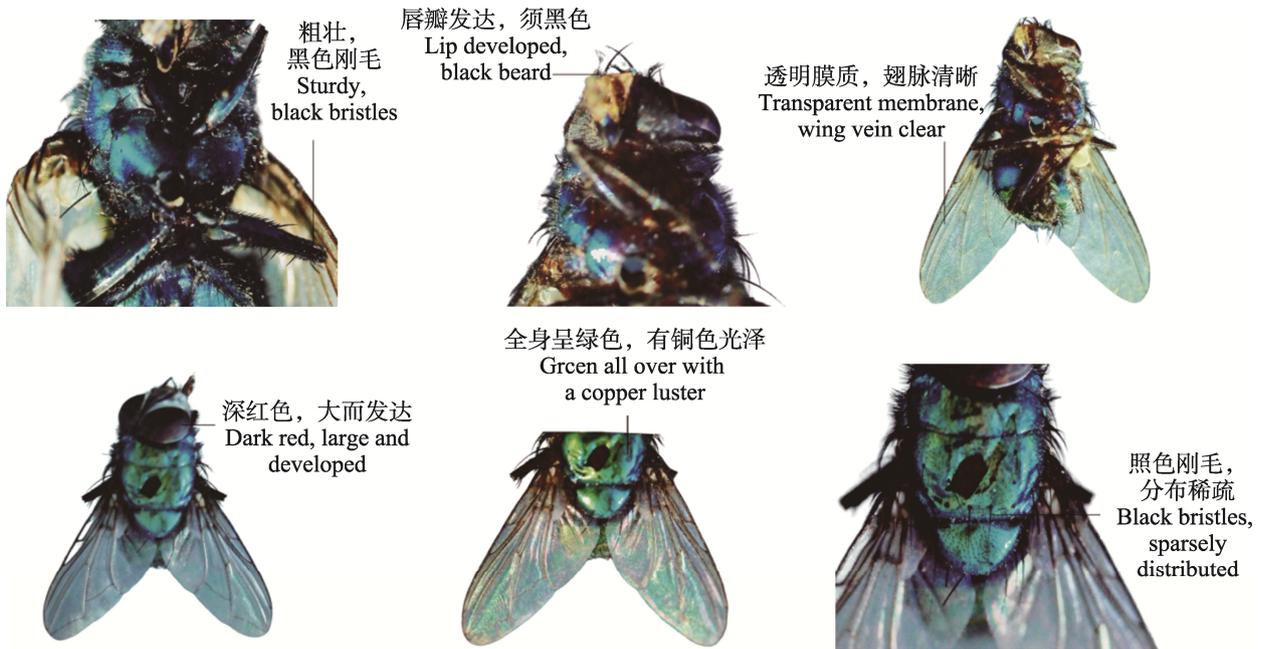


图 4 绿翠蝇形态鉴定图

Fig. 4 Morphological identification diagram of *Neomyia cornicina*

翠蝇样本与登录号为 KU932144.2 的绿翠蝇参考组样本相似度达到 100%，因此确定捕捉到的蝇类为绿翠蝇；麻蝇属样本与登录号为 MH879758.1 的黑尾黑麻蝇 *Helicophagella melanura* 的参考序列相似度达到 99.85%，因此确定麻蝇属样本为黑尾黑麻蝇；家蝇样本与登录号为 NC_024855.1 的家蝇参考序列呈现 100%完全匹配，因此确定

捕捉到的样本为家蝇。上述结果验证了形态学分类的准确性，体现了分子生物学方法在物种鉴定中的高效性。

2.2 蝇虫数量调查统计

表 3 所示，本研究综合了 7-9 月对不同牧场蝇虫数量的调查结果，分析了各牧场之间的差异

表 2 不同蝇类形态学鉴定及比对结果

Table 2 Morphological identification and comparison results of different flies

形态学鉴定结果 Results of morphological identification	序列比对结果 Sequence alignment results	序列相似度 (%) Sequence similarity (%)
绿翠蝇 <i>Neomyia cornicina</i>	绿翠蝇 <i>Neomyia cornicina</i>	98.97-99.09
红头丽蝇 <i>Calliphora vicina</i>	红头丽蝇 <i>Calliphora vicina</i>	99.42-99.71
麻蝇 <i>Sarcophagidae</i> sp.	黑尾黑麻蝇 <i>Helicophagella melanura</i>	95.00-100.00
家蝇 <i>Musca domestica</i>	家蝇 <i>Musca domestica</i>	100.00

表 3 蝇虫数量调查统计

Table 3 Investigation and statistics of the number of flies

牧场 Grazing land	数量 (头) Number (ind.)			
	7 月 July	8 月 August	9 月 September	总数 Total
晟康牧业有限公司 Shengkang Animal Husbandry Co., Ltd.	33.67±2.33 Db	50.00 ± 1.73 DEa	54.33 ± 1.76 CDa	138.00±5.13 D
三合畜牧业养殖有限公司 Sanhe Animal Husbandry Breeding Co., Ltd.	20.33±0.33 EFa	27.67±0.67 Ga	27.00±4.58 Ga	75.00±5.13 F
旺君家庭农场 Wangjun Family Farm	19.00±0.58 Fc	25.00±0.58 Gb	33.00±1.00 FGa	77.00±1.15 F
荣康现代牧场 Rongkang Modern Ranch	39.33±1.20 Db	58.67±1.45 Ca	61.67±4.33 Ca	159.67±6.84 C
鑫海奶牛养殖专业合作社 Xinhai Dairy Cattle Breeding Professional Cooperative	54.67±2.60 Bb	87.33±0.88 Aa	93.33±2.73 Aa	235.33±6.12 A
鑫源牧场 Xinyuan Ranch	48.00±1.73 Cb	53.33±0.88 Db	63.67±2.40 BCa	165.00±2.52 C
富嘉牧场 Fujia Ranch	18.33±1.76 Fb	48.33±1.67 Eab	60.33±3.48 Ca	127.00±5.03 D
长青福和奶牛养殖专业合作社 Changqing Fuhe Dairy Cattle Breeding Professional Cooperative	64.00±1.15 Ab	68.67±0.88 Bab	73.67±2.40 Ba	206.33±4.41 B
麟源奶牛养殖合作社 Linyuan Dairy Farming Cooperative	23.00±1.15 EFc	31.67±0.67 Fb	42.33±1.45 EFa	97.00±1.73 E
荷斯坦奶牛繁育场 Shengkang Animal Husbandry Co., Ltd.	25.33±2.60 Eb	47.67±0.67 Ea	47.33±5.78 DEa	120.33±8.76 D

表中数据为平均值±标准误, 同列不同大写字母和小写字母分别表示相同月份不同牧场与相同牧场不同月份差异显著 ($P < 0.01$, Kruskal-Wallis 检验)。

Data in the table are mean±SE, and followed by the different uppercase letters and lowercase letters in the same column indicate that the different pastures in the same month and the same pasture in the different months have significant difference ($P < 0.01$, Kruskal-Wallis test), respectively.

显著性。总体而言, 各牧场之间的差异显著性在不同月份表现出一定的动态变化, 但部分牧场之间的差异在 3 个月内保持相对稳定。综合 3 个月的蝇虫捕捉情况, 鑫海奶牛养殖专业合作社 3 个

月中捕捉的蝇虫最多, 共 235.33 头, 三合畜牧业养殖有限公司捕捉的蝇虫数最少, 为 75.00 头。

在 7 月的调查中, 长青福和奶牛养殖专业合作社的蝇虫数量最高, 为 64.00 头, 显著高于其

余牧场 ($P < 0.01$), 而旺君家庭农场的蝇虫数量最低, 为 19.00 头, 与晟康牧业有限公司、荣康现代牧场、鑫海奶牛养殖专业合作社、鑫源牧场、长青福和奶牛养殖专业合作社和荷斯坦奶牛繁育场存在显著差异 ($P < 0.01$)。在 8 月的调查中, 鑫海奶牛养殖专业合作社的蝇虫数量最高, 达到 87.33 头, 与其他牧场均存在显著差异 ($P < 0.01$)。旺君家庭农场的蝇虫数量最低, 为 25.00 头, 与除三合畜牧业养殖有限公司外的其余牧场存在显著差异 ($P < 0.01$)。在 9 月的调查中, 鑫海奶牛养殖专业合作社继续保持蝇虫数量最高的态势, 数量增至 93.33 头, 与其他牧场均存在显著差异 ($P < 0.01$), 三合畜牧业养殖有限公司的蝇虫数量最少, 为 27.00 头, 与除旺君家庭农场外的其他牧场存在显著差异 ($P < 0.01$)。

旺君家庭农场和麟源奶牛养殖合作社 9 月时蝇虫数量最多, 分别为 33.00 和 42.33 头, 与 7 和 8 月均存在显著差异 ($P < 0.01$)。7 月时蝇虫数量最少, 分别为 19.00 和 23.00 头, 与 8 和 9 月蝇虫数量均存在显著差异 ($P < 0.01$)。晟康牧业有限公司、荣康现代牧场、鑫海奶牛养殖专业合作社 9 月时蝇虫数量最多, 分别为 54.33、61.67 和 93.33 头, 荷斯坦奶牛繁育场 8 月时蝇虫数量最多, 为 47.67 头, 与 7 月蝇虫数量存在显著差异 ($P < 0.01$)。各牧场 7 月时蝇虫数量最少, 分别为 33.67、39.33、54.67 和 25.33 头, 与 8 和 9 月均存在显著差异 ($P < 0.01$)。富嘉牧场、长青福和奶牛养殖专业合作社 9 月时蝇虫数量最多, 分别为 60.33 和 73.67 头, 与 7 月蝇虫数量存在显著差异 ($P < 0.01$)。7 月时蝇虫数量最少, 分别为 18.33 和 64.00 头, 与 9 月蝇虫数量存在显著差异 ($P < 0.01$)。鑫源牧场 9 月时蝇虫数量最多, 为 63.67 头, 与 7 和 8 月蝇虫数量存在显著差异 ($P < 0.01$)。7 月时蝇虫数量最少, 为 48.00 头, 与 9 月蝇虫数量存在显著差异 ($P < 0.01$)。三合畜牧业养殖有限公司 8 月时蝇虫数量最多, 为 27.67 头, 7 月时蝇虫数量最少, 为 20.33 头, 均无显著差异 ($P > 0.05$)。

从 7-9 月的整体趋势来看, 各牧场的蝇虫数

量普遍呈现上升态势, 这可能与该时段气候条件适宜蝇虫繁殖有关。富嘉牧场在 8 和 9 月均表现出较高的蝇虫数量增长速度, 推测其可能与该牧场的蝇虫防控措施不到位或存在某些利于蝇虫滋生的环境因素有关。而三合畜牧业养殖有限公司在 8 和 9 月的蝇虫数量始终处于最低水平, 表明其采取了有效的蝇虫防控措施, 从而有效抑制了蝇虫的滋生与繁殖。此外, 鑫海奶牛养殖专业合作社在 8 和 9 月的蝇虫数量均为最高, 提示该牧场可能面临着较为严峻的蝇虫问题, 需进一步加强蝇虫防控工作, 以降低蝇虫对奶牛健康和牧场生产环境的潜在危害。

2.3 蝇虫生态习性 & 危害程度分析

2.3.1 蝇虫生态习性

日间活动偏好与趋光性表现如图 5 所示, 4 种蝇类均在 12:00 时活跃度最高, 除红头丽蝇外, 其余 3 种蝇类 12:00 时捕捉数量均显著高于其余时间段 ($P < 0.01$), 随着时间改变, 蝇类活跃性逐渐下降。因此说明这 4 种蝇类在日间具有显著的活动偏好, 这可能与日间相对适宜的环境条件密切相关, 例如较高的温度和充足的光照, 这些条件为蝇类的飞行和觅食活动提供了良好的支持。

在夜间 23:00、2:00 和 5:00 蝇虫捕捉情况如图 6 和图 7 所示, 在夜间 23:00 有光源时, 家蝇

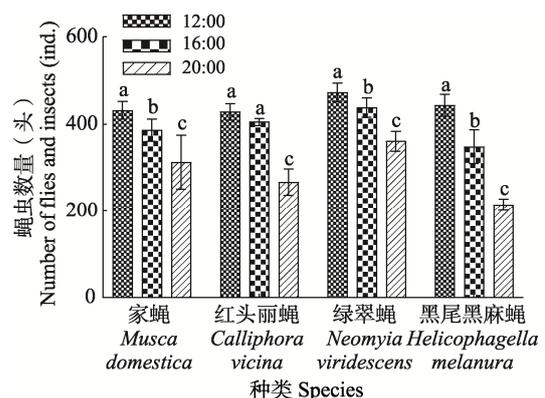


图 5 蝇虫日间活动情况图

Fig. 5 Daytime activity diagram of flies

图中数据为平均值±标准误, 柱上不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$, Kruskal-Wallis 检验)。下同。

Data in the figure are mean±SE. Different lowercase letters above bars indicate significant difference ($P < 0.05$, Kruskal-Wallis test). The same below.

的数量为 134 头, 而在无光环境下仅为 20 头。红头丽蝇和绿翠蝇也呈现出类似的趋势, 它们在夜间出现的频率较低, 这体现了蝇类昼伏夜出的特性, 同时观察到夜间家蝇、绿翠蝇和红头丽蝇存在围绕光源盘旋的情况。这进一步说明它们具有明显的趋光性, 但黑尾黑麻蝇的数量并未因为光源的存在出现明显的增减, 因此说明, 黑尾黑麻蝇的活动并不受光源影响, 因此趋光性较差。

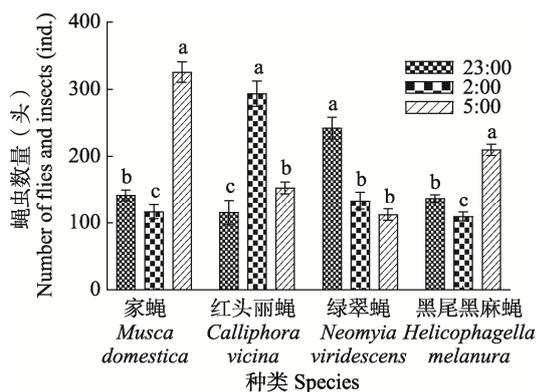


图 6 蝇虫夜间有光源活动情况图

Fig. 6 Light source activity of flies and insects at night

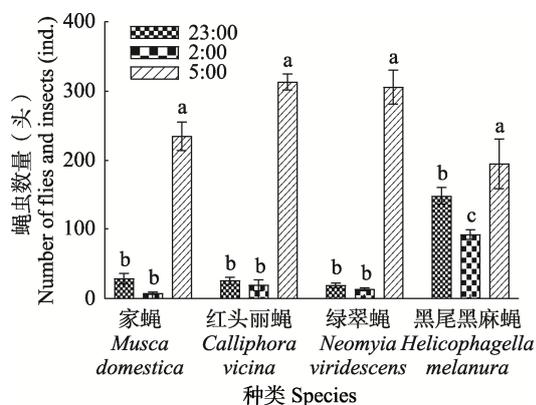


图 7 蝇虫夜间无光源活动情况图

Fig. 7 No light activity diagram of flies at night

2.3.2 蝇虫活动区域分布 如图 8 所示, 家蝇在不同区域的分布情况说明了其极为广泛的食物适应性。在不同区域分布相对平均, 各个区域分布情况均不存在显著性差异 ($P > 0.05$)。这种广泛的觅食行为使得家蝇能够在多种环境中生存和繁殖。

红头丽蝇和绿翠蝇在不同区域的数量分布

则体现出它们对富含蛋白质的物质具有高度的选择性偏好。在牛粪区域和饲料区域红头丽蝇数

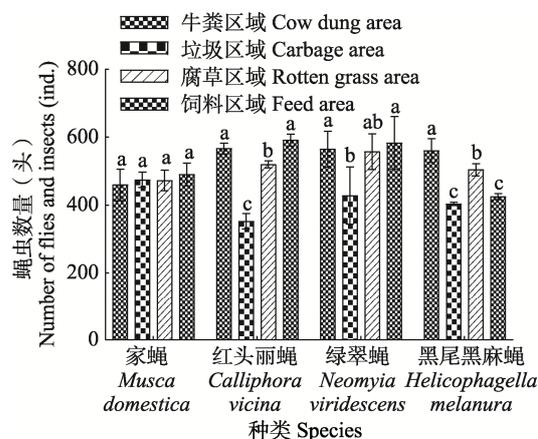


图 8 蝇虫活动区域情况图

Fig. 8 Map of fly activity area

量均显著高于其余区域 ($P < 0.05$), 绿翠蝇则表现出对发酵植物残体存在一定偏好性, 同时在垃圾区域和腐草区域捕捉到绿翠蝇的数量不存在显著差异 ($P < 0.05$)。

与家蝇、红头丽蝇和绿翠蝇相比, 黑尾黑麻蝇的觅食范围更为广泛。在腐草区域和牛粪区域, 黑尾黑麻蝇的数量分布较为显著 ($P < 0.05$), 这表明黑尾黑麻蝇对发酵植物残体也具有一定的觅食偏好。这种特殊的觅食行为可能与黑尾黑麻蝇的生理需求和生态适应性有关, 使其能够在不同的生态环境中获取多样化的食物资源。

3 结论与讨论

本研究汇总了 10 个主要分布在黑龙江省齐齐哈尔市、甘南县、嫩江市、林甸县、青冈县、大庆市和肇源县的奶牛牧场。这些牧场的地理位置涵盖了 45.55° - 49.18° N, 123.61° - 126.65° E 的区域, 显示出其在黑龙江省内的广泛分布且覆盖黑龙江省大部分奶牛养殖牧场所处环境, 具备一定的代表性和普遍性。

本研究深入调查分析了大庆及齐齐哈尔地区多个牧场的蝇虫数量与种类, 发现不同牧场、不同时间的蝇虫数量存在显著差异。这一差异受多种因素综合作用, 包括蝇虫种类、饲料管理、

农场规模、养殖密度、环境条件（如温度、湿度）以及粪便处理方式等。在本研究中，鉴于东北地区日出较早的环境特点，为了更全面地捕捉夜间蝇类的活动习性，将夜间观测时间提前了 1 h。这一调整使得能够更准确地记录夜间蝇类的行为模式。研究发现，在凌晨 5:00 时，有无光源对蝇类分布的影响并不显著。这是因为随着太阳升起，自然光源的强度逐渐增强，人工光源对蝇类的吸引力相对降低，从而导致了这一现象。

饲料的种类与质量对蝇虫数量的影响显著。富含蛋白质和碳水化合物的饲料容易吸引蝇虫，尤其是家蝇（Dinh *et al.*, 2019; Klüber *et al.*, 2023; Liu *et al.*, 2024）。奶牛粪便中未消化的饲料残渣是蝇虫的重要食物来源，在饲料管理不善的农场，蝇虫数量会显著增加。例如，鑫海奶牛养殖专业合作社和长青福和奶牛养殖专业合作社由于粪便清理不及时，导致蝇虫数量较多，这说明饲料管理不当和粪便堆积为蝇虫繁殖创造了有利条件，因此在实际的牧场管理中，适当的减少高蛋白食物，并及时清理未吃完的饲料和奶牛粪便可以有效的改善奶牛生存环境，减少家蝇的繁殖条件从而达到防控的目的。

Chabora 和 Kessler（1977）的研究发现，强光对苍蝇具有明显的导向作用。同时，Chmurzyński（1993）的研究表明，家蝇和红头丽蝇均存在趋光性，这与本实验的结果基本一致。对蝇虫生态习性的研究发现，家蝇、红头丽蝇、绿翠蝇和黑尾黑麻蝇在日间活动频繁，表明它们具有昼伏夜出的习性。然而，夜晚时黑尾黑麻蝇对人造光源并不敏感，说明其不具有趋光性，而其他蝇类在夜间对人造光源敏感，表现出一定的趋光性，因此可以通过减少夜间光源的方式减少趋光蝇虫的聚集数量，有效的减少除黑尾黑麻蝇外其余 3 种蝇类对奶牛的影响。

温度和湿度是影响蝇虫繁殖与活动的关键因素，不同种类的蝇虫对环境的适应性各不相同。Popa-Báez 等（2020）的研究表明，家蝇具有较强的耐干旱能力。而 Parvizi 等（2024）的研究指出，红头丽蝇的生存和繁殖受温度和湿度

的影响较大。邵春雨（2022）的研究表明，蝇类的发生呈现出显著的季节性变化规律，6-8 月是牧场蝇虫的主要为害期，这与本研究的结果基本相符。此外，Ngoen-klan 等（2011）的研究指出，苍蝇种群数量在夏末达到峰值，且与温度呈正相关关系，与相对湿度呈负相关关系。其中，7-8 月的高温天气是导致蝇虫数量急剧增加的主要原因之一，这一结论与 Pagabeleguem 等（2016）的研究结果高度一致，因此可以在 7-8 月对牧场内蝇虫进行集中消杀，在控制蝇虫数量的同时也可以有效的减少蝇虫幼虫的产生，从而达到防止蝇虫的目的。饲料残渣以及未及时清理的粪便是蝇虫的重要食物来源（刘尚斌, 2024; Reyer *et al.*, 2025）。在粪便管理不善的农场中，蝇虫数量会显著增多。例如，鑫源牧场和富嘉牧场由于粪便及饲料残渣未能及时清理，致使蝇虫大量滋生。这充分说明，及时清理牛棚中环境，减少饲料堆积，是有效减少蝇虫数量的重要举措。

综合而言，蝇虫数量变化是多种因素共同作用的结果。高温、高湿环境促进蝇虫繁殖，丰富的饲料和有机物提供充足食物，高养殖密度营造适宜繁殖环境。此外，粪便管理不善、饲料残留以及环境条件欠佳等，都是导致蝇虫数量增加的重要原因。

本研究通过对黑龙江省大庆市和齐齐哈尔市周边 10 个奶牛牧场的蝇类进行系统调查与分析，明确了该地区牧场蝇虫的种类、数量及其生态习性。研究结果显示，共采集并鉴定出 4 种主要蝇类：红头丽蝇、黑尾黑麻蝇、家蝇和绿翠蝇。不同牧场之间以及不同时间点的蝇虫数量存在显著差异，这与牧场的环境条件、养殖密度、粪便管理等因素密切相关。

本研究进一步揭示了蝇虫的生态习性及其对奶牛生产性能的危害。蝇类的趋光性、觅食偏好以及繁殖场所选择等特性，使其在牧场环境中具有较强的适应能力，同时也加剧了对奶牛的影响和疾病传播风险。高密度养殖、不合理的饲料管理和粪便堆积等因素，为蝇类提供了丰富的食物来源和繁殖场所，从而导致蝇虫数量的显著增加。

参考文献 (References)

- Alex Smith M, Monty Wood D, Janzen DH, Hallwachs W, Hebert PDN, 2007. DNA barcodes affirm that 16 species of apparently generalist tropical parasitoid flies (Diptera, Tachinidae) are not all generalists. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104(12): 4967–4972.
- Alex Smith M, Woodley NE, Janzen DH, Hallwachs W, Hebert PDN, 2006. DNA barcodes reveal cryptic host-specificity within the presumed polyphagous members of a genus of parasitoid flies (Diptera: Tachinidae). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103(10): 3657–3662.
- Barth CL, 1986. Fly control through manure management. *Poultry Science*, 65(4): 668–674. [Barth Clyde Lewis, 1986. 粪便管理中的苍蝇控制. 家禽科学, 65(4): 668–674.]
- Boehme P, Amendt J, Zehner R, 2012. The use of COI barcodes for molecular identification of forensically important fly species in Germany. *Parasitology Research*, 110(6): 2325–2332.
- Campbell JB, White RG, Wright JE, Crookshank R, Clanton DC, 1977. Effects of stable flies on weight gains and feed efficiency of calves on growing or finishing rations. *Journal of Economic Entomology*, 70(5): 592–594.
- Chabora PC, Kessler ME, 1977. Genetic and light intensity effects on the activity and migratory behavior of the house fly, *Musca domestica* (L.). *Behavior Genetics*, 7(4): 281–290.
- Chmurzyński JA, 1993. Phototactic choice between two lights of various intensity in flies. *Acta Neurobiologiae Experimentalis*, 53(2): 385–399.
- Dinh H, Mendez V, Tabrizi ST, Ponton F, 2019. Macronutrients and infection in fruit flies. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 110: 98–104.
- Doorenweerd C, San Jose M, Leblanc L, Barr N, Geib SM, Chung AYC, Dupuis JR, Ekayanti A, Fiegalan E, Hemachandra KS, Aftab Hossain M, Huang CL, Hsu YF, Morris KY, Maryani A, Mustapeng A, Niogret J, Pham TH, Thi Nguyen N, Sirisena UGAI, Todd T, Rubino D, 2024. Towards a better future for DNA barcoding: Evaluating monophyly- and distance-based species identification using COI gene fragments of dacini fruit flies. *Molecular Ecology Resources*, 24(6): e13987.
- Duvallet G, Hogsette JA, 2023. Global diversity, distribution, and genetic studies of stable flies (*Stomoxys* sp.). *Diversity*, 15(5): 600.
- Fan ZD, 1992. A Key to Common Flies of China (2nd edition). Beijing: Science Press. 401–419. [范滋德, 1992. 中国常见蝇类检索表(第二版). 北京: 科学出版社. 401–419.]
- Giroux M, Pape T, Wheeler TA, 2010. Towards a phylogeny of the flesh flies (Diptera: Sarcophagidae): Morphology and phylogenetic implications of the acrophallus in the subfamily Sarcophaginae. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 158(4): 740–778.
- Guo HL, Ao RG, Wang CJ, 2010. Impact of the peak period of Diptera insects on dairy cow production performance and endocrine. *Feed Research*, 2010(1): 55–58. [郭海兰, 敖日格乐, 王纯洁, 2010. 双翅目昆虫器张期对奶牛生产性能和内分泌的影响. 饲料研究, 2010(1): 55–58.]
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, DeWaard JR, 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512): 313–321.
- Klüber P, Arous E, Zorn H, Rühl M, 2023. Protein- and carbohydrate-rich supplements in feeding adult black soldier flies (*Hermetia illucens*) affect life history traits and egg productivity. *Life*, 13(2): 355.
- Liang GQ, 1985. Morphological characteristics and life habits of *Bactrocera dorsalis*. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 7(1): 7–15. [梁广勤, 1985. 桔小实蝇形态特征及其生活习性. 江西农业大学学报, 7(1): 7–15.]
- Liu CX, Tian N, Chang P, Zhang W, 2024. Mating reconciles fitness and fecundity by switching diet preference in flies. *Nature Communications*, 15(1): 9912.
- Liu H, Deng SZ, Zhao XF, Cao FQ, Lu YY, 2017. Structure of the compound eye and photoreception mechanism in adult *Bactrocera dorsalis*. *Journal of South China Agricultural University*, 38(2): 75–80. [刘欢, 邓淑桢, 赵晓峰, 曹凤勤, 陆永跃, 2017. 橘小实蝇成虫复眼结构及感光机制. 华南农业大学学报, 38(2): 75–80.]
- Liu SB, 2024. Application of fly larvae bioconversion combined with aerobic composting in chicken manure resource utilization. Master dissertation. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University. [刘尚斌, 2024. 蝇蛆生物转化联合好氧堆肥在鸡粪资源化过程中的应用. 硕士学位论文. 福州: 福建农林大学.]
- Neupane S, Talley JL, Swiger SL, Pickens V, Park Y, Nayduch D, 2024. Bacterial communities of house flies from beef and dairy cattle operations are diverse and contain pathogens of medical and veterinary importance. *Current Microbiology*, 81(12): 433.
- Ngoen-klan R, Moophayak K, Klong-klaw T, Irvine KN, Sukontason KL, Prangkio C, Somboon P, Sukontason K, 2011. Do climatic and physical factors affect populations of the blow fly *Chrysomya megacephala* and house fly *Musca domestica*? *Parasitology Research*, 109(5): 1279–1292.
- Pagabeleguem S, Ravel S, Dicko AH, Vreysen MJB, Parker A, Takac P, Huber K, Sidibé I, Gimonneau G, Bouyer J, 2016. Influence of temperature and relative humidity on survival and fecundity of three tsetse strains. *Parasites & Vectors*, 9(1): 520.
- Parvizi E, Vaughan AL, Dhami MK, McGaughan A, 2024. Genomic signals of local adaptation across climatically heterogenous habitats in an invasive tropical fruit fly (*Bactrocera tryoni*). *Heredity*,

- 132(1): 18–29.
- Pohjoismäki JLO, Kahanpää J, Mutanen M, 2016. DNA barcodes for the northern European tachinid flies (Diptera: Tachinidae). *PLoS ONE*, 11(11): e0164933.
- Popa-Báez ÁD, Lee SF, Yeap HL, Prasad SS, Schiffer M, Mourant RG, Castro-Vargas C, Edwards OR, Taylor PW, Oakshott JG, 2020. Climate stress resistance in male Queensland fruit fly varies among populations of diverse geographic origins and changes during domestication. *BMC Genetics*, 21(2): 135.
- Reyer H, Mielenz M, Daş G, Metges CC, Wimmers K, 2025. Microbial profiling of black soldier fly larvae reared on substrates supplemented with different mineral sources originating from phosphorus recycling technologies. *Animal Microbiome*, 7(1): 14.
- Roback SS, 1954. The evolution and taxonomy of the Sarcophaginae. *Illinois Biological Monographs*, 23: 1–181.
- Shao CY, 2022. The impact of chemical control on the population dynamics of flies and their natural enemies in two pastures in Yinchuan. Master dissertation. Changchun: Jilin Agricultural University. [邵春雨, 2022. 化学防治对银川两个牧场蝇类及其天敌种群动态的影响. 硕士学位论文. 长春: 吉林农业大学.]
- Shao SF, He PF, Wu YX, He YQ, 2022. Identification of 43 fly species in Yunnan Province and analysis of their genetic relationships based on the COI gene. *Journal of Southwest Agriculture*, 35(2): 373–379. [邵仕芳, 何鹏飞, 吴毅歆, 何月秋, 2022. 基于 COI 基因鉴定云南省 43 种蝇及其遗传关系分析. 西南农业学报, 35(2): 373–379.]
- Wang Y, Lu M, Li JQ, Liu MJ, Yue QY, 2014. Rapid molecular identification of vector flies based on the COI gene. *Chinese Journal of Vector Biology and Control*, 25(5): 427–431. [王颖, 鲁闽, 李金庆, 刘明杰, 岳巧云, 2014. 基于 CO I 基因的媒介蝇类快速分子鉴定研究. 中国媒介生物学及控制杂志, 25(5): 427–431.]
- Whitmore D, Pape T, Cerretti P, 2013. Phylogeny of *Heteronychia*: The largest lineage of *Sarcophaga* (Diptera: Sarcophagidae). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 169(3): 604–639.
- Xu AM, 1999. Fly control in breeder farms. *Poultry Breeding and Disease Prevention*, 1999(1): 46. [徐爱梅, 1999. 种鸡场苍蝇防治. 养禽与禽病防治, 1999(1): 46.]
- Zhang XX, 2024. Exploration and detection technology of early selection indicators for improving milk quality in water buffalo. Doctor dissertation. Wuhan: Huazhong Agricultural University. [张欣欣, 2024. 提高乳品质的奶水牛早期选择指标发掘与检测技术的创制. 博士学位论文. 武汉: 华中农业大学.]
- Zhang Y, Li YQ, Chen JX, Jia SK, Chen M, Zheng LY, Yang WZ, Qin YJ, Shi AX, Li ZH, 2019. Identification of *Bactrocera tsuneonis* and *Bactrocera minax* (Diptera: Tephritidae) in Zhaotong, Yunnan Province, based on DNA barcoding. *Plant Quarantine*, 33(4): 41–45. [张岳, 李永青, 陈吉祥, 贾仕康, 陈敏, 郑林宇, 杨文钊, 秦誉嘉, 石安宪, 李志红, 2019. 云南昭通蜜柑大实蝇和橘大实蝇的 DNA 条形码鉴定. 植物检疫, 33(4): 41–45.]
- Zhao Y, Han SP, Ding HF, Mao HY, Wang Z, Liu JP, Zhang JY, Li ZH, 2019. Molecular identification of important fruit fly pests in Henan Province in summer based on DNA barcode technology. *Chinese Plant Protection*, 39(5): 11–14. [赵岩, 韩世平, 丁华锋, 毛红彦, 王震, 刘建平, 张金勇, 李志红, 2019. 基于 DNA 条形码技术的河南省夏季重要实蝇害虫分子鉴定. 中国植保导刊, 39(5): 11–14.]