武汉地区油茶传粉昆虫资源调查及DNA条形码进化分析*

夏剑萍[1**] 秦钰璇[2] 柳思宇[2] 罗 雪[2] 艾 辉[2***]

（1. 湖北省林业科学研究院，武汉 430075；2. 华中师范大学生命科学学院，武汉 430079）

摘 要 **【目的】** 调查武汉市新造油茶 *Camellia oleifera* 林传粉昆虫的种类多样性，并建立准确、高效的传粉昆虫鉴定分类体系。**【方法】** 采用传统形态学分类方法对油茶传粉昆虫和林下蜜源植物进行系统调查，进而利用DNA条形码技术选取线粒体 *CO Ⅰ* 基因进行PCR扩增，GenBank数据库序列比对分析确定主要传粉昆虫的种类，并在此基础上分析序列碱基组成特征和系统发育关系。**【结果】** 共获得46种油茶传粉昆虫DNA条形码序列，系统比较分析结果表明，武汉地区油茶林传粉昆虫存在较为丰富的遗传多样性，林下蜜源植物调查共记录58种，隶属28科46属，其中菊科（12种）和蔷薇科（6种）为优势种。**【结论】** 本研究为武汉地区利用传粉昆虫提高油茶授粉效率和产量提供了科学依据，建议优先保护菊科、蔷薇科等林下优势蜜源植物生境，避免过度清理林下植被，并在林缘进行人工补种，进一步促进传粉昆虫扩繁，推动乡村油茶产业协同提质增效。

关键词 传粉昆虫；资源调查；DNA条形码；*CO Ⅰ* 基因；进化分析

Using DNA barcoding to investigate and identify insect pollinators of *Camellia oleifera* in Wuhan

XIA Jian-Ping[1**] QIN Yu-Xuan[2] LIU Si-Yu[2] LUO Xue[2] AI Hui[2***]

(1. Hubei Academy of Forestry, Wuhan 430075, China; 2. School of Life Science, Central China Normal University, Wuhan 430079, China)

Abstract **[Aim]** To investigate the diversity of pollinating insect species in newly established *Camellia oleifera* forests in Wuhan, and to establish an accurate and efficient taxonomic system for identifying these species. **[Methods]** A systematic survey of pollinating insects and understory nectar plants in *C. oleifera* forests was conducted using traditional morphological classification methods. DNA barcoding technology was then employed to amplify the mitochondrial *CO Ⅰ* gene via PCR. The sequences obtained were compared and analyzed with reference to the GenBank database to determine the identities of the major pollinating insect species. Base composition characteristics of the sequences and the phylogenetic relationships among species were further analyzed. **[Results]** DNA barcode sequences of 46 pollinating insect species were obtained. Comparative systematic analysis revealed that the pollinating insects of *C. oleifera* in Wuhan have relatively high genetic diversity. A survey of understory nectar plants recorded a total of 58 species, from 46 genera and 28 families, with the Asteraceae (12 species) and Rosaceae (6 species) being the dominant families. **[Conclusion]** This study provides a scientific basis for utilizing pollinating insects to improve the pollination and yield of *C. oleifera* in Wuhan. Priority should be given to protecting the habitats of the dominant understory nectar plants, such as those of the Asteraceae and Rosaceae families, avoiding excessive clearing of understory vegetation, and implementing artificial replanting along forest edges to further

*资助项目 Supported projects：国家自然科学基金（32470549）；湖北省重点研发项目（2025BBB010）；湖北省林科院自主立项项目（2025-ZZLX-A02）；科技部中国东部传粉昆虫基础资源调查专项（2018FY100405006）；华中师范大学中央高校基本科研业务费（交叉科学类）交叉科学探索项目（JC2026TS-007）

**第一作者 First author，E-mail：404102341@qq.com

***通讯作者 Corresponding author，E-mail：aihui@ccnu.edu.cn

收稿日期 Received：2025-07-02；接受日期 Accepted：2026-05-02

promote the abundance and diversity of pollinating insects and benefit the rural *C. oleifera* industry.

Key words pollinators; resource survey; DNA barcodes; *CO I* gene; phylogenetics analysis

油茶 *Camellia oleifera* 为山茶科 Theaceae 山茶属 *Camellia* 植物，是国内南方地区重要的木本食用油料树种之一，在湖北等 16 个省（直辖市、自治区）都有种植，一次种植可持续收获 80 余年，且油茶籽油具有极高的营养价值（黄敦元等，2009；高超等，2019；于巍巍等，2020）。油茶雌雄同花，花期处在秋末冬初，但其具有自交不亲和性，自然条件下座果率较低，有“千花一果”之称，需要虫媒进行协同授粉（黄敦元等，2009）。在自然条件下，油茶座果率的高低与授粉昆虫的多寡成正相关，传粉昆虫主要通过嗅觉感受器识别油茶花挥发物定位油茶，油茶花挥发性物质主要有醇类、酮类、烷烃类、芳香烃类、酯类、醛类等，不同品种油茶花挥发物种类及含量有部分差别（刘微芬等，2022）。全国油茶传粉昆虫主要包括地蜂科、蜜蜂科、胡蜂科、分舌蜂科的昆虫（张欢等，2022），但油茶花蜜中棉子糖、水苏糖、生物碱等物质会造成蜜蜂蜂群崩溃死亡，而油茶地蜂 *Andrena camellia*、大分舌蜂 *Colletes gigas* 等土栖传粉昆虫的成虫活动期与油茶盛花期重合，具有典型的寡访花性（黄敦元等，2014；张燕新等，2016；Li *et al.*，2021）。多年来，科研人员对各地区的油茶传粉昆虫进行了多次调查，如罗辑等（2014）对广西油茶传粉昆虫进行了多样性调查研究；何学友等（2010）对福建省油茶林传粉昆虫的种类及访花行为进行了调查研究；钟义海等（2020）对海南油茶传粉昆虫进行了分类研究。对油茶传粉昆虫的研究不仅有助于了解当地生态环境，为保护油茶传粉昆虫生境及油茶的生存发展提供基础，而且对保护区内动植物资源的多样性发展和生境保护有着十分重要的意义。

武汉市地处江汉平原东部、长江中游，地貌以平原和低山丘陵为主，市内江河纵横、湖港交织，气候属于典型的亚热带季风气候，日照充足、降水量充沛、雨热同期，为油茶产业的发展提供了良好的条件，同时武汉市地处农业区和林业区交界的区域，脆弱性与边缘性亦使其成为油茶传粉昆虫天然的栖息地，武汉市优越的气候条件和独特的地理位置，使其成为研究油茶传粉昆虫的资源的重要地域。虽然有不少对武汉地区脊椎动物和植物资源的调查研究，但对该地区油茶传粉昆虫资源的调查不太系统且较为松散，故尽快对该区域进行系统性的油茶传粉昆虫资源调查研究是十分重要的。

蜜源植物通过吸引授粉者进行采食花粉、花蜜等蜜源，使某一区域的传粉昆虫种类及数量达到所期望值。由于油茶的自交不亲和性，其座果率与虫媒授粉密切相关。然而一些新造油茶林的蜜源植物还未建立起种群或遭到破坏等原因，使新造油茶林的传粉昆虫种类和数量都受到一定的限制，因此研究油茶林的蜜源植物对于提高油茶的坐果率及新造油茶产业的发展有重要作用。近年来，对蜜源植物的调查研究有许多，蒙惠理等（2023）对茂兰喀斯特森林木本蜜源植物资源进行了调查；郑涛等（2018）对贵州锦屏野生蜜源资源进行了研究；覃龙江等（2012）对茂兰自然保护区的蜜源植物进行了阐述；何惠婷（2022）对东莞的蜜源植物进行了研究。但目前对湖北省以及武汉市郊区周边的蜜源植物相关调查研究不多，对此进行调查统计分析有利于武汉市新造油茶林中野花带布局，促进新造油茶传粉昆虫栖息地生态保护及传粉昆虫种群的自然繁衍，从而促进油茶虫媒授粉，保障油茶坐果率提升和油茶产业的良性发展。

准确的物种鉴定是研究物种多样性及进化关系的前提，传统的分类工作主要是根据物种的外形特征进行的，对不同发育阶段或特定性别的昆虫个体很难做到有效鉴别，还会忽略许多隐存种，耗费大量时间精力。而随着生化分析、分子生物学和各类生物信息学的迅猛发展，DNA 条形码技术克服了传统分类的诸多局限，为物种鉴定提供了可信息化的分类标准和有效的分类学手段。林森杰等（2014）自 2003 年加拿大圭尔

夫大学 Paul Hebert 提出 DNA 条形码技术以来，将包括线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基Ⅰ（*Cytochrome c oxidase Ⅰ*，*CO Ⅰ*）基因在内的多种高度保守的线粒体和核基因用于鉴定分析动植物物种，后续也有多种保守的线粒体 *CO Ⅱ*、*Cytb* 或 *16sDNA* 等核基因被用于生物物种 DNA 条形码鉴定（Hebert *et al.*，2003）。DNA 条形码技术具有准确性高、快速迅捷、实操方便、适用范围广等优点，不仅有助于人们识别隐存种，还成为非专业人士进行物种鉴定的工具，帮助人们更好地发现和认识自然（Underwood *et al.*，2024）。

本研究针对武汉地区油茶林传粉昆虫和林下蜜源植物进行了系统调查与分析，并基于 DNA 条形码技术，选取线粒体 *CO Ⅰ* 基因序列，构建了湖北地区油茶传粉昆虫的 DNA 条形码数据库。一方面提高了油茶传粉昆虫的分类效率和鉴定准确性，另一方面能够为油茶传粉昆虫及林下蜜源植物生态多样性保护和油茶产业提质增效提供可靠技术支撑。此外，通过系统调查油茶林下蜜源植物的种类组成、优势科属及分布特征，进一步揭示其与传粉昆虫之间的潜在互作关系，有助于后续通过保护与合理利用蜜源植物，增强传粉昆虫的种群稳定性，从而间接提升油茶的授粉效率与座果率。上述研究可有效形成“蜜源植物-传粉昆虫-油茶生产”三位一体的生态服务框架，为油茶产业的绿色可持续发展提供更多生态学资料，促进缓解油茶“千花一果”的生态困境以及因种植面积扩大所带来的授粉不足等问题。

1　材料与方法

1.1　传粉昆虫资源及蜜源植物调查

调查地点为湖北省武汉市黄陂区油茶试验基地（31.1°N，114.4°E），选择在盛花期油茶林多、平坦且通风的地方搭建马氏网进行油茶传粉昆虫的采集，随机选择试验基地油茶林调查样方 3 个（50 m×50 m）作为采集点，样方间隔 100 m 以上，每个采集点放置 1 个标准马氏网，拉紧马氏网的绳索，保证其不松动，网脊的倾斜角设置为 45°，使其与通风道处于垂直状态（吴琼等，2016），在其上端放置诱集传粉昆虫的无水乙醇瓶，每周收集一次，将收集到的样本带回室内，根据形态学特征进行分类，以最终鉴定明确传粉昆虫种类，并统计不同目传粉昆虫的种类和油茶林分布的具体数量。此外，在武汉市油茶林地进行实地调查，统计蜜源植物的种类，记录植物花的颜色等形态特征，采集并拍照，通过查阅植物特征的相关资料进行确定蜜源植物，整理出武汉市蜜源植物名录，分析其种类组成、生物学性状等并进行分类。

1.2　油茶传粉昆虫 DNA 条形码 *CO Ⅰ* 基因扩增与进化分析

将马氏来网收集到的油茶传粉昆虫鉴定标本作为研究对象，参照 DNA 提取试剂盒（赛默飞世尔科技公司）操作方法提取试验样品的基因组 DNA，利用通用引物扩增线粒体 DNA *CO Ⅰ* 基因片段，上游引物：5′-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3′，下游引物：5′-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3′。PCR 扩增反应体系（总体积 25 μL）：上下游引物各 1 μL，1 μL cDNA，9.5 μL ddH_2O，12.5 μL rTaq Premix。采用的 PCR 程序：预变性 3 min（94 ℃），变性 30 s（94 ℃），退火 30 s，延伸 30 s（72 ℃），35 个循环，产物经 1%的凝胶电泳检测，参照 Marker 为 DL2000，扩增长度在 700 bp 左右，条带清晰，与预期结果相符合。选择凝胶中对应的条带明亮清晰的 PCR 产物，将扩增产物送至北京擎科生物科技有限公司进行测序分析。

为了评估条形码序列的鉴定成功率，研究选用了两种方法进行评估：基于系统进化树的分析法和基于遗传距离的比较法。这两种方法的物种鉴定成功率都是通过统计鉴定成功的物种数与两个及以上个体的物种总数的比值获得，前者是通过构建系统进化树来检验每个物种的单系性，即同一物种的不同个体是否能在系统发育树中聚集在一起。具体方法是使用 MEGA-X，采用邻接（Neighbor-joining）法构建系统聚类树，置信度自举检测（Bootstrap）设置为 1 000 次来检验各分支的支持率。若同一物种的不同样品聚为

一支且 Bootstrap≥50，则该物种鉴定成功。鉴定效率指鉴定成功物种数占总物种数的比例，若物种只有 1 份样品，或物种有多份样品但仅获得 1 条序列或未获得序列，不计入鉴定效率计算。基于遗传距离的比较法指通过比较种内和种间遗传距离，确定是否存在条形码间隙（Barcoding gap）判断物种鉴定成功率。具体方法是使用 MEGA-X 计算 7 个数据集中各物种间和种内的 Kimura 2- parameter（K2P）遗传距离。仅统计有两个及以上个体的物种，如果一个物种种间最小遗传距离大于其种内最大遗传距离，则认为存在 Barcoding gap，则认为该条形码鉴定物种的能力较强。

1.3 油茶主要传粉昆虫 *CO Ⅰ* 基因序列特征分析

将所有目标分析序列导入到 MEGA-X 软件中进行 MUSCLE 算法比对，剪切掉分析序列中多余的引物，以确保分析序列碱基信息双向对齐，并分析所有线粒体 *CO Ⅰ* 基因序列长度范围值。接着利用 MEGA-X 软件计算转换占碱基总替换数是用 si 的平均值除以 si+sv 的转换占碱基总替换数是用 si 的平均值除以 si+sv 的的数目、各个位点的碱基比例、相同碱基位点、转换位点及颠换位点的数目。最后分析整个序列可编码出的氨基酸的数量，研究同一氨基酸的同义密码子的相对使用频率，比较密码子的使用频率与碱基位点存在的联系。

2 结果与分析

2.1 油茶传粉昆虫资源调查结果

对武汉市黄陂区油茶林试验基地进行油茶传粉昆虫资源调查，如表 1 所示，鉴定获得昆虫标本 759 只，分别隶属于 4 目 17 科 46 种，其中膜翅目 8 科 27 种，占物种总数的 58.70%；双翅目 4 科 9 种，占物种总数的 19.57%；鳞翅目 3 科 8 种，占物种总数的 17.39%；鞘翅目 2 科 2 种，占物种总数的 4.35%。油茶传粉昆虫主要类群方面，膜翅目个体数最多，占传粉昆虫总数的 66.40%；其次是双翅目，占传粉昆虫总数的 23.06%。优势类群为胡蜂科（42.03%）、蜜蜂科（18.71%）、食蚜蝇科（15.02%）。进一步比较膜翅目内部各科发现，胡蜂科个体数占比高于蜜蜂科，前者约为后者的 2.25 倍；而蜜蜂科的物种数（8 种）则多于胡蜂科（5 种），表明蜜蜂科具有更高的物种多样性，但因油茶花蜜导致蜜蜂中毒问题使其在油茶林种群规模较小。这一差异提示，当前油茶林中胡蜂在武汉市新造油茶林传粉者群落中目前占据主导地位，而高效传粉的蜜蜂、舌蜂或地蜂类群尚未形成优势种群。

表 1 武汉地区油茶传粉昆虫种类调查

Table 1 Investigation of pollinating insect species of *Camellia oleifera* in Wuhan area

目 Order	科 Family	种名 Species
双翅目 Diptera	食蚜蝇科 Syrphidae	羽芒宽盾食蚜蝇 *Phytomia zonata*
		长尾管蚜蝇 *Eristalis tenax*
		斑眼食蚜蝇 *Eristalis arvorum*
		黑带食蚜蝇 *Episyrphus balteatus*
	丽蝇科 Calliphoridae	亮绿蝇 *Lucilia illustris*
		铜绿蝇 *Lucilia cuprina*
		大头金蝇 *Chrysomya megacephala*
	麻蝇科 Sarcophagidae	棕尾别麻蝇 *Boettcherisca peregrina*
	蝇科 Muscidae	家蝇 *Musca domestica*
鳞翅目 Lepidoptera	粉蝶科 Pieridae	菜粉蝶 *Pieris rapae*
		檗黄粉蝶 *Eurema blanda*

续表 1 (Table 1 continued)

目 Order	科 Family	种名 Species
鳞翅目 Lepidoptera	蛱蝶科 Nymphalidae	中环蛱蝶 *Neptis hylas*
		小环蛱蝶 *Neptis sappho*
		斐豹蛱蝶 *Argynnis hyperbius*
		猫蛱蝶 *Timelaea maculata*
		曲纹蜘蛱蝶 *Araschnia doris*
	灰蝶科 Lycaenidae	亮灰蝶 *Lampides boeticus*
膜翅目 Hymenoptera	舌蜂科 Colletidae	大分舌蜂 *Colletes gigas*
	地蜂科 Andrenidae	油茶地蜂 *Andrena camellia*
	蜜蜂科 Apidae	西方蜜蜂 *Apis mellifera*
		中华蜜蜂 *Apis cerana*
		东亚无垫蜂 *Amegilla parhypate*
		红光熊蜂 *Bombus ignitus*
		明亮熊蜂 *Bombus lucorum*
		短头熊蜂 *Bombus breviceps*
		黄胸木蜂 *Xylocopa appendiculata*
		拟黄芦蜂 *Ceratina hieroglyphica*
	胡蜂科 Vespidae	细黄胡蜂 *Vespula flaviceps*
		墨胸胡蜂 *Vespa velutina nigrithorax*
		金环胡蜂 *Vespa mandarinia*
		黄腰胡蜂 *Vespa affinis*
		黑盾胡蜂 *Vespa bicolor*
		黑尾胡蜂 *Vespa ducalis*
		褐胡蜂 *Vespa binghami*
		中华马蜂 *Polistes chinensis*
		果马蜂 *Polistes olivaceus*
		约马蜂 *Polistes jokahamae*
		黄侧异腹胡蜂 *Parapolybia crocea*
		变侧异腹胡蜂 *Parapolybia varia*
	蜾蠃科 Eumenidae	基蜾蠃 *Eumenes pedunculatus*
		中华异喙蜾蠃 *Allorhynchium chinense*
	马蜂科 Polistidae	斯马蜂 *Polistes snelleni*
	泥蜂科 Sphecidae	黄柄壁泥蜂 *Sceliphron madraspatanum*
	隧蜂科 Halictidae	铜色隧蜂 *Halictus aerarius*

如图 1 所示, 通过对油茶传粉昆虫总体种类进行分析发现, 从物种数上来看, 所采集的样本中膜翅目种类数最多; 从属级水平上看, 采集的昆虫样本中, 蜂类中蜜蜂胡蜂科为采集到最多种类的传粉昆虫; 从科级水平上看, 膜翅目中的胡蜂科和蜜蜂科为主要的油茶传粉昆虫。总体来

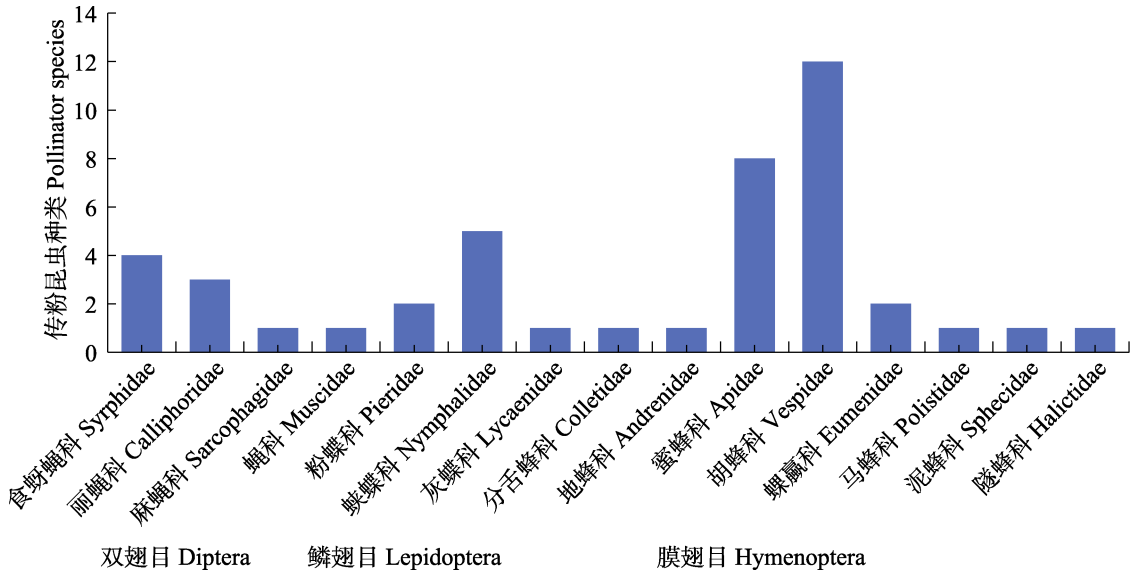


图 1　油茶传粉昆虫种类分析

Fig. 1　Species analysis of pollinating insects of *Camellia oleifera*

看，在调查区域的油茶传粉昆虫类群的科、属、种中，膜翅目均为最丰富的类群，其次为双翅目，鳞翅目。

对油茶传粉昆虫双翅目、鳞翅目和膜翅目的不同类群传粉昆虫数量进行统计分析，如图 2（A-C）所示，其中在物种层次方面的结果表明：双翅目传粉昆虫主要为羽芒宽盾食蚜蝇 *Phytomia zonata*（72 只，占 9.49%）。鳞翅目主要是菜粉蝶 *Pieris rapae* 和黑黄粉蝶 *Eurema blanda*。稀有种主要是中华异喙蜾蠃 *Allorhynchium chinense* 和黄柄壁泥蜂 *Sceliphron madraspatanum*，分别都为 1 只，占总数 0.13%。膜翅目传粉昆虫优势种主要有细黄胡蜂 *Vespulat flaviceps*（136 只，占 17.92%）、墨胸胡蜂 *Vespa velutina nigrithorax*（97 只，占 12.78%）、西方蜜蜂 *Apis mellifera*（76 只，占 10.01%）。结果显示胡蜂类群在新造油茶林传粉数量上可能占据一定优势，但胡蜂主要以捕食其他昆虫为生，访花行为多发生在蜜源缺乏季节，其实际传粉效率远低于野生蜜蜂。此外，通过对膜翅目不同科传粉昆虫的数量进行比较分析发现，油茶专一性传粉蜂类大分舌蜂和油茶地蜂的数量较少（二者均未进入优势种行列），可能与当地多为新造油茶林有关，舌蜂和地蜂本地种群尚未完全建立，而两种油茶专性授粉蜂类对油茶授粉效率最高，且与油茶存在协同进化关系。因此，需要建立武汉本地油茶传粉蜂类的生态保护机制，重点通过营造裸土坡面、减少地表干扰、保留老林地等措施促进本地地蜂和舌蜂的快速繁育，同时适度辅助引入西方蜜蜂蜂群进行花期授粉，从而弥补油茶林传粉不足的问题。

2.2　油茶主要传粉昆虫 *CO Ⅰ* 基因序列特征分析

统计采集的油茶传粉昆虫样本发现，双翅目、膜翅目昆虫为最主要的传粉昆虫，在获取传粉昆虫的条形码序列，经过同源比对后，保留线粒体 *CO Ⅰ* 基因序列用于条形码分析，所有 *CO Ⅰ* 序列均未发现缺失、插入。用 MEGA-X 软件统计其序列碱基组成情况，其中膜翅目传粉昆虫的 A+T 的含量最高占 73.1%，均高于 C+G（表 2），具有明显的偏好性，与昆虫线粒体基因碱基偏向相符合。

如表 5 所示，从碱基替换值上来看，对于双翅目中的碱基替换，颠换占碱基总替换数的 60.6%，转换/颠换的平均 R 值为 0.6，整体来看颠换高于转换值。从不同位点看，密码子第三位点的颠换数目最高，为 36 个，占颠换总数 90.0%。密码子第二位点的转换数目最低，为 1 个，占转换总数 3.9%。对于鳞翅目和膜翅目中的碱基替换，转换占碱基总替换数的 43.0%（表 6）和

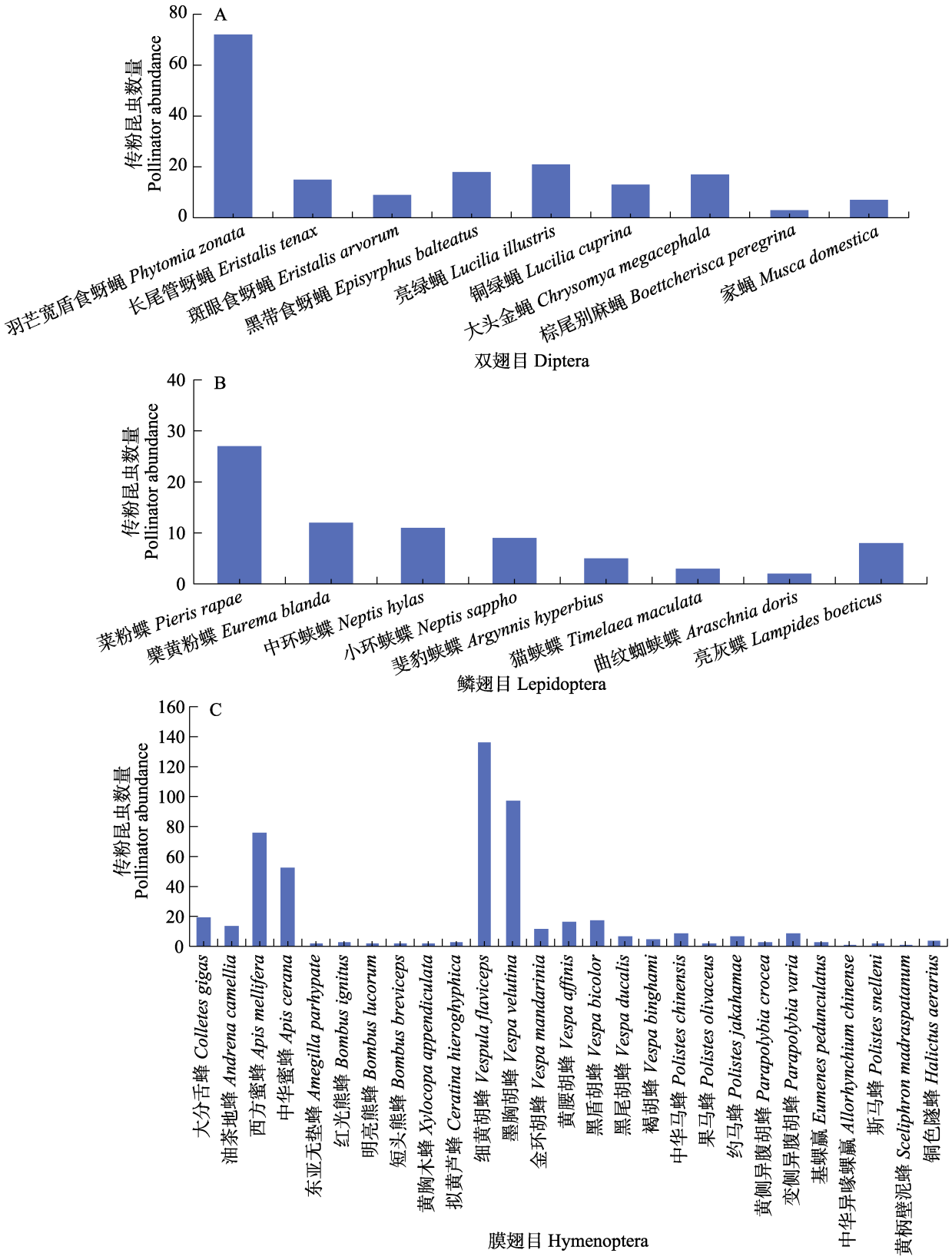


图 2　油茶传粉昆虫双翅目（A）、鳞翅目（B）和膜翅目（C）数量分析

Fig. 2　Quantitative analysis of dipteran (A), lepidopteran (B) and (C) hymenopteran pollinating insects of *Camellia oleifera*

表 2 双翅目的碱基组成分析

Table 2 Base composition analysis of Diptera

位置 Position	碱基组成 Base composition						碱基数 Base number
	T（%）	C（%）	A（%）	G（%）	A+T（%）	G+C（%）	
1	26.3	14.1	30.1	29.5	56.4	43.9	191.8
2	43.9	26.5	13.2	16.4	57.1	42.9	191.9
3	44.6	4.8	49.4	1.1	94.0	5.9	190.8
Avg	38.3	15.1	30.9	15.7	69.2	30.8	574.4

Avg：平均值 Average. 表 2-表 7 同。The same for Table 2-Table 7.

表 3 鳞翅目的碱基组成分析

Table 3 Base composition analysis of Lepidoptera

位置 Position	碱基组成 Base composition						碱基数 Base number
	T（%）	C（%）	A（%）	G（%）	A+T（%）	G+C（%）	
1	28.5	14.8	31.1	25.6	59.6	40.4	223.1
2	43.3	24.8	15.4	16.5	58.7	41.3	223.3
3	48.5	6.3	43.7	1.4	92.2	7.7	223.3
Avg	40.1	15.3	30.1	14.5	70.2	29.8	669.6

表 4 膜翅目的碱基组成分析

Table 4 Base composition analysis of Hymenoptera

位置 Position	碱基组成 Base composition						碱基数 Base number
	T（%）	C（%）	A（%）	G（%）	A+T（%）	G+C（%）	
1	39.4	19.7	24.3	16.5	63.7	36.2	205.4
2	41.9	12.8	39.1	6.2	81.0	19.0	211.4
3	39.6	13.2	34.6	12.6	74.2	25.8	205.0
Avg	40.3	15.2	32.8	11.7	73.1	26.9	621.9

表 5 双翅目的碱基替换分析

Table 5 Base substitution analysis of Diptera

位置 Position	ii	si	sv	R	TT	TC	TA	TG	CC	CA	CG	AA	AG	GG	总数 Total
1	179	11	2	4.7	45	9	1	1	23	0	0	56	2	55	191.6
2	190	1	2	0.3	84	0	1	0	50	0	1	25	0	31	191.8
3	140	14	36	0.4	62	11	34	0	3	2	0	75	3	0	190.6
Avg	508	26	40	0.6	191	20	36	2	76	2	1	156	6	86	573.9

ii：不变位点 Identical pairs；si：转换位点 Transitionsal pairs；sv：颠换位点 Transversional pairs；R：转换与颠换位点的比值 si/sv. 表 6，表 7 同。The same for Table 6 and Table 7.

63.9%（表 7），结果表明碱基替换在不同位点上存在差异，有一定的偏向性。

双翅目昆虫的氨基酸使用密码子的编码频率在 10 以上的有 UUA、AUA、AUU、GCU、GGA，其中 UUA 最高（23.0）（表 8），鳞翅目昆虫的氨基酸使用密码子的编码频率在 10 以上的有 UUU、UUA、AUU、AUA、AAU，其中 AUU 最高（24.4）（表 9），膜翅目氨基酸使用密码子 UUU 编码频率最高（14.0）（表 10），说明昆虫 CO Ⅰ序列在表达氨基酸的时候有一定的选择性。此外，同一氨基酸的同义密码子的相对使用频率有较大的差异，如双翅目编码 N 的

表 6　鳞翅目的碱基替换分析

Table 6　Base substitution analysis of Lepidoptera

位置 Position	ii	si	sv	R	TT	TC	TA	TG	CC	CA	CG	AA	AG	GG	总数 Total
1	206	12	3	4.1	56	10	1	2	28	0	0	68	2	55	221.0
2	219	2	1	2.3	95	1	0	0	54	1	0	33	0	36	221.1
3	158	21	42	0.5	80	17	36	1	4	4	0	75	4	0	221.1
Avg	583	34	45	0.8	231	28	37	3	86	5	0	176	6	91	663.2

表 7　膜翅目的碱基替换分析

Table 7　Base substitution analysis of Hymenoptera

位置 Position	ii	si	sv	R	TT	TC	TA	TG	CC	CA	CG	AA	AG	GG	总数 Total
1	154	19	27	0.7	64	11	13	5	30	5	3	35	8	25	199.7
2	136	21	49	0.4	59	15	36	4	14	8	1	56	6	7	206.5
3	135	26	39	0.7	54	18	26	6	14	6	1	49	7	18	199.3
Avg	425	65	115	0.6	177	44	76	15	58	19	5	140	21	50	605.5

表 8　双翅目密码子使用频率分析

Table 8　Codon usage frequency analysis of Diptera

密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）
UUU (F)	6.8 (1.42)	UCU (S)	4.8 (2.17)	UAU (Y)	1.7 (1.36)	UGU (C)	0.0 (0.00)
UUC (F)	2.8 (0.58)	UCC (S)	0.2 (0.10)	UAC (Y)	0.8 (0.64)	UGC (C)	0.0 (0.00)
UUA (L)	23.0 (4.76)	UCA (S)	5.2 (2.37)	UAA (*)	0.0 (0.00)	UGA (*)	4.0 (3.00)
UUG (L)	0.1 (0.02)	UCG (S)	0.0 (0.00)	UAG (*)	0.0 (0.00)	UGG (W)	0.0 (0.00)
CUU (L)	3.4 (0.71)	CCU (P)	7.8 (2.83)	CAU (H)	2.6 (1.24)	CGU (R)	0.2 (0.21)
CUC (L)	0.1 (0.02)	CCC (P)	0.3 (0.12)	CAC (H)	1.6 (0.76)	CGC (R)	0.0 (0.00)
CUA (L)	2.3 (0.48)	CCA (P)	2.9 (1.05)	CAA (Q)	1.0 (2.00)	CGA (R)	4.8 (4.53)
CUG (L)	0.0 (0.00)	CCG (P)	0.0 (0.00)	CAG (Q)	0.0 (0.00)	CGG (R)	0.0 (0.00)
AUU (I)	17.1 (1.74)	ACU (T)	5.8 (1.79)	AAU (N)	9.2 (1.91)	AGU (S)	3.0 (1.36)
AUC (I)	0.3 (0.03)	ACC (T)	0.1 (0.03)	AAC (N)	0.4 (0.09)	AGC (S)	0.0 (0.00)
AUA (I)	12.1 (1.23)	ACA (T)	7.0 (2.17)	AAA (K)	0.0 (0.00)	AGA (R)	1.3 (1.26)
AUG (M)	1.1 (1.00)	ACG (T)	0.0 (0.00)	AAG (K)	0.1 (2.00)	AGG (R)	0.0 (0.00)
GUU (V)	5.6 (1.49)	GCU (A)	10.0 (2.55)	GAU (D)	4.8 (1.59)	GGU (G)	2.4 (0.54)
GUC (V)	0.3 (0.09)	GCC (A)	0.9 (0.23)	GAC (D)	1.2 (0.41)	GGC (G)	0.1 (0.02)
GUA (V)	9.0 (2.42)	GCA (A)	4.8 (1.22)	GAA (E)	2.0 (2.00)	GGA (G)	14.8 (3.26)
GUG (V)	0.0 (0.00)	GCG (A)	0.0 (0.00)	GAG (E)	0.0 (0.00)	GGG (G)	0.8 (0.17)

*：终止密码子 Stop codon；Count：密码子使用频率；RSCU：同义密码子相对使用频率 Relative synonymous codon usage.

表 9 和表 10 同。The same for Table 9 and Table 10.

表 9 鳞翅目密码子使用频率分析

Table 9 Codon usage frequency analysis of Lepidoptera

密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）
UUU (F)	14 4 (1.74)	UCU (S)	6.6 (2.50)	UAU (Y)	3.0 (1.50)	UGU (C)	0.0 (0.00)
UUC (F)	2.1 (0.26)	UCC (S)	1.1 (0.43)	UAC (Y)	1.0 (0.50)	UGC (C)	0.0 (0.00)
UUA (L)	22.5 (4.24)	UCA (S)	6.5 (2.46)	UAA (*)	0.0 (0.00)	UGA (*)	5.6 (3.00)
UUG (L)	0.6 (0.12)	UCG (S)	0.0 (0.00)	UAG (*)	0.0 (0.00)	UGG (W)	0.0 (0.00)
CUU (L)	6.1 (1.15)	CCU (P)	5.6 (1.76)	CAU (H)	4.0 (1.83)	CGU (R)	0.4 (0.32)
CUC (L)	0.4 (0.07)	CCC (P)	2.6 0.82)	CAC (H)	0.4 (0.17)	CGC (R)	0.0 (0.00)
CUA (L)	2.0 (0.38)	CCA (P)	4.1 (1.29)	CAA (Q)	3.0 (2.00)	CGA (R)	3.6 (3.11)
CUG (L)	0.3 (0.05)	CCG (P)	0.4 (0.12)	CAG (Q)	0.0 (0.00)	CGG (R)	0.0 (0.00)
AUU (I)	24.4 (1.90)	ACU (T)	6.5 (1.91)	AAU (N)	11.6 (1.86)	AGU (S)	1.6 (0.61)
AUC (I)	1.4 (0.11)	ACC (T)	0.8 (0.22)	AAC (N)	0.9 (0.14)	AGC (S)	0.0 (0.00)
AUA (I)	12.8 (0.99)	ACA (T)	6.0 (1.76)	AAA (K)	0.0 (0.00)	AGA (R)	3.0 (2.57)
AUG (M)	0.3 (1.00)	ACG (T)	0.4 (0.11)	AAG (K)	0.0 (0.00)	AGG (R)	0.0 (0.00)
GUU (V)	4.5 (1.89)	GCU (A)	8.4 (2.27)	GAU (D)	7.4 (1.76)	GGU (G)	3.9 (0.69)
GUC (V)	0.3 (0.11)	GCC (A)	2.1 (0.58)	GAC (D)	1.0 (0.24)	GGC (G)	0.1 (0.023)
GUA (V)	4.3 (1.79)	GCA (A)	4.1 (1.12)	GAA (E)	1.6 (1.63)	GGA (G)	18.1 (3.24)
GUG (V)	0.5 (0.21)	GCG (A)	0.1 (0.03)	GAG (E)	0.4 (0.38)	GGG (G)	0.3 (0.04)

表 10 膜翅目密码子使用频率分析

Table 10 Codon usage frequency analysis of Hymenoptera

密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）	密码子 Codon	计数 Count（RSCU）
UUU (F)	14.0 (1.42)	UCU (S)	2.3 (1.48)	UAU (Y)	9.7 (1.42)	UGU (C)	0.4 (1.05)
UUC (F)	5.8 (0.58)	UCC (S)	1.9 (1.18)	UAC (Y)	3.9 (0.58)	UGC (C)	0.3 (0.95)
UUA (L)	10.8 (2.11)	UCA (S)	4.1 (2.59)	UAA (*)	9.1 (1.68)	UGA (*)	2.0 (0.36)
UUG (L)	5.2 (1.02)	UCG (S)	0.5 (0.31)	UAG (*)	5.2 (0.96)	UGG (W)	0.4 (1.00)
CUU (L)	5.7 (1.11)	CCU (P)	2.4 (1.43)	CAU (H)	6.9 (1.42)	CGU (R)	0.1 (0.67)
CUC (L)	3.0 (0.58)	CCC (P)	1.2 (0.71)	CAC (H)	2.8 (0.58)	CGC (R)	0.0 (0.00)
CUA (L)	3.0 (0.59)	CCA (P)	2.9 (1.66)	CAA (Q)	5.3 (1.21)	CGA (R)	0.1 (0.67)
CUG (L)	3.0 (0.58)	CCG (P)	0.3 (0.19)	CAG (Q)	3.5 (0.79)	CGG (R)	0.0 (0.22)
AUU (I)	14.1 (1.61)	ACU (T)	2.7 (1.64)	AAU (N)	6.3 (1.73)	AGU (S)	0.6 (0.35)
AUC (I)	3.0 (0.35)	ACC (T)	0.7 (0.44)	AAC (N)	1.0 (0.27)	AGC (S)	0.1 (0.09)
AUA (I)	9.1 (1.05)	ACA (T)	3.1 (1.89)	AAA (K)	4.0 (1.64)	AGA (R)	0.7 (4.22)
AUG (M)	0.6 (1.00)	ACG (T)	0.0 (0.02)	AAG (K)	0.9 (0.36)	AGG (R)	0.0 (0.22)
GUU (V)	2.6 (1.71)	GCU (A)	1.2 (2.16)	GAU (D)	6.9 (1.62)	GGU (G)	1.9 (1.03)
GUC (V)	0.4 (0.30)	GCC (A)	0.2 (0.39)	GAC (D)	1.6 (0.38)	GGC (G)	0.3 (0.14)
GUA (V)	2.3 (1.57)	GCA (A)	0.7 (1.31)	GAA (E)	5.9 (1.33)	GGA (G)	4.4 (2.43)
GUG (V)	0.6 (0.42)	GCG (A)	0.1 (0.13)	GAG (E)	3.0 (0.67)	GGG (G)	0.7 (0.39)

两种同义密码子 AAU 和 AAC 的 Count(Relative synonymous codon usage，RSCU）分别为 9.2（1.91）和 0.4（0.09）。从密码子使用频率整体来看，密码子的使用频率与第三位碱基可能存在一定关系，若其是 G 或 C，此密码子的使用频率比其他同义密码子使用频率低；反之则偏高。

2.3　武汉市油茶林蜜源植物调查分析

如表 11 所示，武汉市油茶林蜜源植物共统计有 58 种，隶属 28 科 46 属。其中，蜜源植物的科主要为菊科 Asteraceae12 种、蔷薇科 Rosaceae 6 种、唇形科 Labiatae 3 种、大戟科 Euphorbiaceae 3 种、报春花科 Primulaceae 3 种和蓼科 Polygonaceae 3 种。武汉市油茶林的蜜源植物中单种科占比大，如楝科 Meliaceae、车前科 Plantaginaceae、紫草科 Boraginaceae 和茜草科 Rubiaceae 等。整体而言，菊科和蔷薇科等优势植物是当前油茶林下主要蜜源，应优先保护其生境，避免过度清理林下植被，同时可在林缘、林窗及作业道两侧人工补种这些科的优质蜜源植物（如野菊花、鬼针草等），增强蜜源植物的时间连续性，促进油茶林传粉昆虫的扩繁。

表 11　武汉地区油茶林蜜源植物种类调查

Table 11　Investigation of nectar plant species in *Camellia oleifera* forests in Wuhan area

科 Family	属 Genus	种名 Species
楝科 Meliaceae	楝属 *Melia*	楝 *Melia azedarach*
山矾科 Symplocaceae	山矾属 *Symplocos*	白檀 *Symplocos tanakana*
车前科 Plantaginaceae	车前属 *Plantago*	平车前 *Plantago depressa*
菊科 Asteraceae	苦荬菜属 *Ixeris*	中华苦荬菜 *Ixeris chinensis*
	假还阳参属 *Crepidiastrum*	尖裂假还阳参 *Crepidiastrum sonchifolium*
	苦苣菜属 *Sonchus*	苦苣菜 *Sonchus oleraceus*
	菊属 *Chrysanthemum*	野菊 *Chrysanthemum indicum*
	鬼针草属 *Bidens*	鬼针草 *Bidens pilosa*
	飞蓬属 *Erigeron*	加勒比飞蓬 *Erigeron karvinskianus*
		一年蓬 *Erigeron annuus*
	黄鹌菜属 *Youngia*	黄鹌菜 *Youngia japonica*
	金鸡菊属 *Coreopsis*	剑叶金鸡菊 *Coreopsis lanceolata*
		大花金鸡菊 *Coreopsis grandiflora*
	泥胡菜属 *Hemistepta*	泥胡菜 *Hemistepta lyrata*
	鼠曲草属 *Pseudognaphalium*	鼠曲草 *Pseudognaphalium affine*
蔷薇科 Rosaceae	委陵菜属 *Potentilla*	翻白草 *Potentilla discolor*
	蔷薇属 *Rosa*	小果蔷薇 *Rosa cymosa*
		软条七蔷薇 *Rosa henryi*
		野蔷薇 *Rosa multiflora*
		金樱子 *Rosa laevigata*
	悬钩子属 *Rubus*	茅莓 *Rubus parvifolius*
唇形科 Labiatae	夏枯草属 *Prunella*	夏枯草 *Prunella vulgaris*
	黄芩属 *Scutellaria*	半枝莲 *Scutellaria barbata*
	鼠尾草属 *Salvia*	荔枝草 *Salvia plebeia*

续表 11 (Table 11 continued)

科 Family	属 Genus	种名 Species
豆科 Fabaceae	木蓝属 *Indigofera*	木蓝 *Indigofera tinctoria*
	苜蓿属 *Medicago*	天蓝苜蓿 *Medicago lupulina*
通泉草科 Mazaceae	通泉草属 *Mazus*	弹刀子菜 *Mazus stachydifolius*
大戟科 Euphorbiaceae	野桐属 *Mallotus*	白背叶 *Mallotus apelta*
	大戟属 *Euohorbia*	泽漆 *Euohorbia helioscopia*
	乌桕属 *Sapium*	乌桕 *Sapium sebiferum*
牻牛儿苗科 Geraniaceae	老鹳草属 *Geranium*	老鹳草 *Geranium wilfordii*
紫草科 Boraginaceae	斑种草属 *Bothriospermum*	柔弱斑种草 *Bothriospermum zeylanicum*
十字花科 Brassicaceae	独行菜属 *Lepidium*	北美独行菜 *Lepidium virginicum*
	二行芥属 *Diplotaxis*	芝麻菜二行芥 *Diplotaxis erucoides*
报春花科 Primulaceae	珍珠菜属 *Lysimachia*	泽珍珠菜 *Lysimachia candida*
		星宿菜 *Lysimachia fortunei*
		临时救 *Lrsimachia corgestiflora*
禾本科 Poaceae	白茅属 *Imperata*	白茅 *Imperata cylindrica*
	雀麦属 *Bromus*	扁穗雀麦 *Bromus catharticus*
忍冬科 Caprifoliaceae	忍冬属 *Lonicera*	忍冬 *Lonicera japonica*
酢浆草科 Oxalidaceae	酢浆草属 *Oxalis*	酢浆草 *Oxalis corniculata*
伞形科 Apiaceae	窃衣属 *Torilis*	小窃衣 *Torilis japonica*
		窃衣 *Torilis scabra*
漆树科 Anacardiaceae	盐麸木属 *Rhus*	盐麸木 *Rhus chinensis*
蓼科 Polygonaceae	蓼属 *Persicaria*	酸模叶蓼 *Persicaria lapathifolia*
		春蓼 *Persicaria maculosa*
		扛板归 *Persicaria pertolata*
马鞭草科 Verbenaceae	马鞭草属 *Verbena*	马鞭草 *Verbena officinalis*
山矾科 Symplocaceae	山矾属 *Symplocos*	白檀 *Symplocos paniculata*
玄参科 Scrophulariaceae	婆婆納属 *Veronica*	婆婆納 *Veronica polita*
茜草科 Rubiaceae	栀子属 *Gardenia*	栀子 *Gardenia iasminoides*
葡萄科 Vitaceae	乌蔹莓属 *Causonis*	乌蔹莓 *Causonis japonica*
商陆科 Phytolaccaceae	商陆属 *Phrtolacca*	垂序商陆 *Phvtolacca americana*
灯芯草科 Juncaceae	灯芯草属 *Juncus*	灯芯草 *Juncus effusus*
茄科 Solanaceae	茄属 *Solanum*	龙葵 *Solanum nigrum*
百合科 Liliaceae	葱属 *Allium*	薤白 *Alium macrostemon*
		苎麻 *Alium macrostemon*

3 讨论

我国的食用植物油原料大多来自大豆，每年需进口大豆 5 000 万吨以上，但我国基本农田面积有限，大面积种植大豆等会影响粮食安全，故需要发展生产能够在丘陵地区种植的木本油料

作物如油茶（王荣森等，2020）。油茶作为我国南方地区重要木本食用油料树种之一，其大面积种植对于降低我国食用植物油原料进口依存度和维护我国粮油安全具有重要意义（王瑞和陈永忠，2015）。但油茶的自交不亲和性，使其在自然条件下座果率较低，“千花一果”的问题严重制约着油茶产业的发展，故其需要虫媒授粉。传粉昆虫主要通过嗅觉感受器识别油茶花挥发物定位油茶，从而进行授粉，故进行油茶传粉昆虫的资源调查对油茶增产具有重要经济意义。传粉昆虫传统的分类工作主要是根据物种的外形特征进行的，对不同发育阶段或特定性别的昆虫个体很难做到有效鉴别，还会忽略许多隐存种，耗费大量时间精力，传统分类学无法准确鉴定，常发生错定或漏定的情况。故本次资源调查结合 DNA 条形码技术来建立一个准确、高效的体系，从而对油茶传粉昆虫进行鉴别分类。

通过 GenBank 数据库对所测得的 *CO Ⅰ* 序列进行比对，同时结合形态学分类特征对物种进行识别，经鉴定武汉地区油茶林传粉昆虫主要隶属于 4 目膜翅目、双翅目、鞘翅目、鳞翅目）17 科 31 属 46 种。其中，膜翅目与双翅目类群在物种数和个体数上均具有明显优势，数量占优势的油茶传粉昆虫主要有细黄胡蜂、墨胸胡蜂、西方蜜蜂和羽芒宽盾食蚜蝇。相较于其他地区的油茶传粉昆虫资源的调查，武汉地区油茶地蜂、大分舌蜂数量较少，如广西桂林油茶传粉昆虫的调查显示，广西常见的传粉种类明显集中于蜜蜂科、胡蜂科和食蚜蝇科，数量最占优势的是油茶地蜂、墨胸胡蜂和羽芒宽盾食蚜蝇（罗辑等，2014）；福建省油茶传粉昆虫调查研究发现，数量占优势的是大分舌蜂及胡蜂科（何学友等，2010）。因此，引进油茶专一性传粉蜂类，包括油茶地蜂、大分舌蜂等的迁地引放和生态多样保护等，并通过营造适宜的筑巢地及减少人为干扰，促进其种群的快速建立与扩繁，加快提升武汉市新造油茶林的授粉效率和座果率（黄敦元等，2014；王怡等，2022）。此外，将植保无人机应用于油茶授粉过程，也具有提高座果率、授粉均匀、高效、不受地形和时间限制、节省成本、减少病虫害传播等优点（羊坚等，2021），因此，建议未来武汉市油茶林授粉管理应摒弃单一的技术依赖思维，采取以“引蜂保蜂生态授粉”为主、以“无人机液态授粉”为辅的互补型协同授粉策略，通过在新造油茶林初期积极开展植保无人机的适时辅助授粉以保障产量基数，同时同步推进油茶专性传粉蜂类的生境恢复与繁育，形成短期技术保障与长期生态支撑的协同效应。

此外，不同物种的种间和种内遗传距离是物种鉴定的重要判别标准，当种间最小变异超过种内最大变异时，可以有效区分物种。本研究通过提取采集到的传粉昆虫个体的总 DNA，选用 *CO Ⅰ* 基因作为 DNA 条形码标记进行 PCR 扩增，引物为通用引物，成功获得 *CO Ⅰ* 序列。将测序结果在 GeneBank 数据库中进行 Blast，根据相似度进一步确定蜂类个体物种种类。再进行多序列比对，筛选符合昆虫的线粒体序列组成特征的结果，进一步构建系统树。最终结合形态学鉴定结果，使用短基因序列作为内部标签进行物种快速精确的鉴别，确定本区域 46 种传粉昆虫的 DNA 条形码，明确了该地区的传粉昆虫的种类，且发现存在丰富的遗传差异，亦为生物多样性的研究提供了快速鉴别的生物数据库（戴漂漂等，2015）。

传粉者与开花植物之间，是一种长期的双向选择进化，开花植物的多样性往往与传粉昆虫的多样性呈正相关，更丰富的开花植物能为传粉昆虫提供更多样和稳定的食物来源，同时也需要更多地传粉者协助授粉完成有性繁殖（代文魁等，2023）。不同植物的花的气味、花形、花色、花蜜与花粉的成分和浓度、植物非花器挥发性物质等不尽相同，也会影响对传粉昆虫的吸引，例如任炳忠等（2012）在研究传粉昆虫和蜜源植物的关系中发现，分舌蜂科 Colletidae 昆虫个体均较小，偏爱访问菊科植物，但也访问蔷薇科和伞形科植物。在对武汉市蜜源植物进行调查发现，菊科植物占主要优势，大分舌蜂作为油茶主要的传粉昆虫，对于提高油茶的产量具有重要的意义，因此针对蜜源植物调查结果，武汉市应完善蜜源植物的布局，着重提高对其的保护。

武汉市所属的江汉平原属典型的山地丘陵地带，具有较为丰富的动植物资源，良好的生态环境和多样的地质特征为油茶传粉昆虫提供了较好的繁衍和栖息场所。传粉昆虫与蜜源植物之间存在着密切的协同进化与互作关系：蜜源植物为传粉昆虫提供花粉、花蜜等食物资源，而传粉昆虫则通过访花行为保障蜜源植物的繁殖成功。本研究表明，武汉市油茶林内蜜源植物种类丰富，且传粉昆虫多样性较高，二者共同构成了相对稳定的“蜜源-传粉者”生态网络。因此，保护好当前传粉昆虫及其赖以生存的蜜源植物生境，不仅是维持传粉服务功能的基础，也是促进当地生物多样性整体发展的关键。研究结果为制定油茶林下蜜源植物保留与扩繁、传粉昆虫栖息地修复等生态保护措施提供了科学依据，有助于实现传粉服务与生态安全的协同增效。本研究将 DNA 条形码技术精准应用在油茶传粉昆虫的鉴定工作中，不仅提高了分类的工作效率，同时也增加了鉴定的准确性，促进了油茶传粉昆虫资源的保护与利用，从而提高油茶的授粉率和座果率实现增产增收，这一技术路径与生态保护理念相结合，能够为长江中游油茶产区提供可推广的“传粉昆虫-开花植物”协同调控的综合管理方案。加快木本油料发展是“十五五”期间国家重要发展战略之一，有助于在一定程度上解决我国植物食用油短缺的问题，降低进口依存度，将粮油安全牢牢掌握在自己手中，对我国乡村油茶产业振兴也能发挥十分关键的作用。

参考文献 (References)

Dai PP, Zhang XZ, Liu YH, 2015. Conserving pollinator diversity and improving pollination services in agricultural landscapes. *Biodiversity Science*, 23(3): 408–418. [戴漂漂, 张旭珠, 刘云慧, 2015. 传粉动物多样性的保护与农业景观传粉服务的提升. 生物多样性, 23(3): 408–418.]

Dai WK, Lin AX, Lai C, Guo H, Lin SS, Tang C, 2023. Seasonal variation of visiting bees and butterflies and nectariferous plants in typical urban parks in Guangzhou City. *Journal of Subtropical Resources and Environment*, 18(4): 18–26. [代文魁, 林安幸, 赖灿, 郭微, 林石狮, 汤聪, 2023. 广州市典型城市公园访花蜂蝶和蜜源植物的季节性变化. 亚热带资源与环境学报, 18(4): 18–26.]

Gao C, Yang R, Guo QQ, Yuan DY, 2019. Micro and ultrastructural characteristics of stigma and style of *Camellia oleifera*. *Forest Research*, 32(1): 1–7. [高超, 杨瑞, 郭其强, 袁德义, 2019. 油茶柱头和花柱的显微与超微结构特征. 林业科学研究, 32(1): 1–7.]

He XY, Can SP, Xiong Y, Han GY, Chen YD, Huang LR, Wu QR, 2010. Investigation on the pollination insect species and their foraging behaviors on *Camellia oleifera* in Fujian Province. *Journal of Fujian Forestry Science and Technology*, 37(4): 1–5, 30. [何学友, 蔡守平, 熊瑜, 韩国勇, 陈元德, 黄铃荣, 吴清荣, 2010. 福建省油茶林主要传粉昆虫种类及访花行为. 福建林业科技, 37(4): 1–5, 30.]

He HT, 2022. Investigation and analysis of nectar plant resources in Dongguan. *Chinese Wild Plant Resources*, 41(4): 83–89. [何惠婷, 2022. 东莞蜜源植物资源调查分析. 中国野生植物资源, 41(4): 83–89.]

Hebert PDN, Ratnasingham S, Dewaard JR, 2003. Barcoding animal life: Cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Biological Sciences*, 270: 96–99.

Huang DY, Gu P, Yu JF, Huang MG, Peng F, He B, Niu ZQ, Zhu CD, 2014. The habitats and foraging behaviors of *Colletes gigas* (Hymenoptera, Colletidae). *Journal of Environmental Entomology*, 36(3): 315–321. [黄敦元, 谷平, 余江帆, 黄名广, 彭飞, 何波, 牛泽清, 朱朝东, 2014. 大分舌蜂的栖息地环境和访花规律. 环境昆虫学报, 36(3): 315–321.]

Huang DY, Hao JS, Yu JF, Zhang YZ, Ding L, Zhu CD, 2009. Review on *Camellia oleifera*. *Life Science Research*, 13(5): 459–465. [黄敦元, 郝家胜, 余江帆, 张彦周, 丁亮, 朱朝东, 2009. 油茶研究现状与展望. 生命科学研究, 13(5): 459–465.]

Li HY, Luo AC, Hao YJ, Dou FY, Kou RM, Orr MC, Zhu CD, Huang DY, 2021. Comparison of the pollination efficiency of *Apis cerana* with wild bees in oil-seed camellia fields. *Basic and Applied Ecology*, 56: 250–258.

Liu WF, Zhong QP, Cao LX, Tian F, Chen CS, Wan XR, 2022. Volatile components of different varieties of *Camellia oleifera*. *Bulletin of Forestry Science and Technology*, 2022(10): 20–27. [刘微芬, 钟秋平, 曹丽仙, 田丰, 陈传松, 万细瑞, 2022. 不同品种油茶花的挥发性成分. 林业科技通讯, 2022(10): 20–27.]

Lin SJ, Wang L, Zheng LM, 2014. Current status and future prospect of DNA barcoding in marine biology. *Acta Oceanologica Sinica*, 36(12): 1–17. [林森杰, 王路, 郑连明, 2014. 海洋生物DNA条形码研究现状与展望. 海洋学报, 36(12): 1–17.]

Luo J, Zhao CJ, Huang HY, Jiang XJ, 2014. Variety investigation on

pollinating insect of *Camellia oleifera* in Guangxi Province. *Journal of Guangxi Forestry Science*, 43(1): 61–65. [罗辑, 赵程劼, 黄华艳, 蒋学建, 2014. 广西油茶传粉昆虫多样性调查. 广西林业科学, 43(1): 61–65.]

Meng HL, Lan HB, Yao WQ, Liu HF, Wang DH, Yu CJ, 2023. Preliminary investigation on woody nectar plants in Maolan karst forest. *Journal of Mountain Agriculture and Biology*, 42(2): 52–57. [蒙惠理, 兰洪波, 姚雾清, 柳华富, 王登鸿, 余成俊, 2023. 茂兰喀斯特森林木本蜜源植物资源初步调查. 山地农业生物学报, 42(2): 52–57.]

Qin LJ, Ran JC, Yao ZM, Liu SF, Mo JW, Tang AX, Meng HL, 2012. Investigation of wild nectar plants resources in Maolan nature reserve. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 40(29): 14425–14428, 14431. [覃龙江, 冉景丞, 姚正明, 刘绍飞, 莫家伟, 唐安学, 蒙会理, 2012. 茂兰自然保护区野生蜜源植物资源调查. 安徽农业科学, 40(29): 14425–14428, 14431.]

Ren BZ, Shang LN, Gao Y, Wang XS, Lu Y, Dong Q, 2012. Relationship between the odor of dominant nectariferous plants and visiting insect species in Changbai Mountain area. *Journal of Jilin Agricultural University*, 34(1): 24–30, 36. [任炳忠, 尚利娜, 高毅, 王雪松, 鲁莹, 董琴, 2012. 长白山地区优势蜜源植物花的气味与访花昆虫种类的关系. 吉林农业大学学报, 34(1): 24–30, 36.]

Underwood KD, Puschendorf R, Bilton DT, Hallwachs W, Janzen DH, Smith MA, 2024. Decoding *Anotylus* (Thomson 1859) beetle diversity: DNA and external morphology match in rea de conservacin guanacaste, Costa Rica. *Diversity*, 16(8): 441.

Wang R, Chen YZ, 2015. Development status and upgrading ideas of *Camellia oleifera* industry in China. *China Forestry Science and Technology*, 29(4): 6–10. [王瑞, 陈永忠, 2015. 我国油茶产业的发展现状及提升思路. 林业科技开发, 29(4): 6–10.]

Wang RS, Wu R, Chen Y, 2020. Study on China's grain import security and regional structure. *Contemporary Economics*, 2020(5): 4–10. [王荣森, 吴蓉, 陈阳. 中国粮食进口安全与地区结构研究. 当代经济, 2020(5): 4–10.]

Wang Y, Hu XF, Song HL, Zhou QS, Wu QT, Kong WN, Zhu CD, Li J, 2022. Influence of habitat type on pollinator diversity. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 59(6): 1259–1268. [王怡, 胡学丰, 宋怀磊, 周青松, 吴清涛, 孔维娜, 朱朝东, 李捷, 2022. 生境类型对传粉昆虫多样性的影响. 应用昆虫学报, 59(6): 1259–1268.]

Wu Q, Achterberg CV, Chen XX, 2016. An introduction to the types of Malaise traps and their application for collecting insects. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 53(3): 660–667. [吴琼, Cornelis van Achterberg, 陈学新, 2016. 昆虫诱集装置——马氏网的类型与使用. 应用昆虫学报, 53(3): 660–667.]

Yang J, Liu CQ, Feng HZ, Hao HT, Kong X, Wang L, 2021. Liquid pollination technology of Korla fragrant pear by UAV. *Xinjiang Agricultural Reclamation Science and Technology*, 44(5): 29–30. [羊坚, 刘长青, 冯宏祖, 郝海婷, 孔新, 王兰, 2021. 库尔勒香梨无人机液体授粉技术. 新疆农垦科技, 44(5): 29–30.]

Yu WW, Yang YJ, Yan XQ, 2020. Research progress on anti-tumor effects of *Camellia oleifera* extract. *Journal of Gannan Medical University*, 40(1): 30–36. [于巍巍, 杨英杰, 颜晓琦, 2020. 油茶果提取物抗肿瘤作用研究进展. 赣南医学院学报, 40(1): 30–36.]

Zhang H, Liu WP, Wei W, Zhao KX, Lu HH, Li HY, Zhou ZY, Niu ZQ, Zhu CD, Huang DY, 2022. Pollinator communities diversity in the main *Camellia oleifera* producing areas of China. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 59(6): 1223–1239. [张欢, 刘文平, 魏玮, 赵凯旋, 陆欢欢, 李红英, 周泽扬, 牛泽清, 朱朝东, 黄敦元, 2022. 中国油茶主产区传粉昆虫群落多样性分析. 应用昆虫学报, 59(6): 1223–1239.]

Zhang YX, Zhang XW, Yang J, Zhao HM, Yang S, Wang YH, 2016. Effect of different feeding conditions on acetylcholinesterase activity in honeybees during nectar stage of *Camellia oleifera*. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 44(6): 358–360. [张燕新, 张学文, 杨娟, 赵洪木, 杨爽, 王艳辉, 2016. 油茶花蜜期不同饲喂条件对蜜蜂体内乙酰胆碱酯酶活性的影响. 江苏农业科学, 44(6): 358–360.]

Zhong YH, Zhao DX, Wang SJ, Han WS, Zhao S, Liu JF, Gao JL, 2020. An observation on pollinating insect and their flower-visiting behavior on *Camellia oleifera* Abel. *Apiculture of China*, 71(9): 63–66. [钟义海, 赵冬香, 王释婕, 韩文素, 赵珊, 刘俊峰, 高景林, 2020. 海南油茶传粉昆虫及其访花行为的初步研究. 中国蜂业, 71(9): 63–66.]

Zheng T, Gou GQ, Ye HH, He XZ, Fu W, Min QL, Huang DX, 2018. Investigation and analysis of wild nectar plant resources in Jinping County, Guizhou Province. *Journal of Mountain Agriculture and Biology*, 37(6): 41–46. [郑涛, 苟光前, 叶红环, 何选泽, 付维, 闵启利, 黄大兴, 2018. 贵州锦屏野生蜜源植物资源调查及分析. 山地农业生物学报, 37(6): 41–46.]