

调 查 研 究

Investigations

南疆苹果园绣线菊蚜种群时空动态与调查抽样技术

王亚桥^{1,2}, 杨 龙², 潘云飞², 曹华毅^{1,2}, 冯宏祖^{1*}, 陆宴辉^{2*}

(1. 塔里木大学农学院, 阿拉尔 843300;

2. 中国农业科学院植物保护研究所, 植物病虫害综合治理全国重点实验室, 北京 100193)

摘要 绣线菊蚜 *Aphis spiraeicola* 是新疆南疆地区苹果园的一种重要害虫, 本文在阿克苏地区调查了绣线菊蚜在苹果园的种群消长动态, 并分析其种群在果园的空间分布格局、理论抽样数及序贯抽样方法。结果表明, 5月至8月苹果园中绣线菊蚜的种群动态曲线呈现出明显单峰, 6月为种群发生的高峰期。在发生高峰期, 绣线菊蚜在果园呈聚集型分布, 种群密度在苹果树不同方位间没有显著差异。该时期苹果园绣线菊蚜的最适理论抽样模型为 $N = t^2/D^2(163.90/m + 0.16)$, 当防治阈值为 1 500 头/12 枝条时, 序贯抽样模型公式为 $T_n = 1\,500n \pm 1\,534\sqrt{n}$ 。本研究结果为南疆苹果园绣线菊蚜种群调查与测报提供了重要科学依据。

关键词 苹果园; 绣线菊蚜; 种群动态; 空间分布; 抽样技术

中图分类号: S 433.3 文献标识码: A DOI: 10.16688/j.zwbh.2023013

Spatiotemporal dynamics and survey sampling techniques of *Aphis spiraeicola* population in apple orchards of southern XinjiangWANG Yaqiao^{1,2}, YANG Long², PAN Yunfei², CAO Huayi^{1,2}, FENG Hongzu^{1*}, LU Yanhui^{2*}

(1. College of Agronomy, Tarim University, Alar 843300, China; 2. State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China)

Abstract *Aphis spiraeicola* is a major pest in apple orchards of southern Xinjiang. This paper analyzed the population dynamics, spatial distribution pattern, sampling number and sequential sampling of *A. spiraeicola* in apple orchards in the Aksu area. The results showed that population dynamics of *A. spiraeicola* in the apple orchard presented an obvious single peak during May to August, and June encountered the population peak period. During the period with the highest population, the spatial pattern of *A. spiraeicola* in apple orchards was clustered, and population density displayed no significant difference in different directions of the apple tree. The optimal theoretical sampling model was $N = t^2/D^2(163.90/m + 0.16)$. Given the economic threshold of 1 500 individuals/12 branches, the sequential sampling model formula was $T_n = 1\,500n \pm 1\,534\sqrt{n}$. Our results provided an important scientific basis for the investigation and monitoring of *A. spiraeicola* population in apple orchards of southern Xinjiang.

Key words apple orchard; *Aphis spiraeicola*; population dynamic; spatial distribution; sampling technique

绣线菊蚜 *Aphis spiraeicola* 又称苹果黄蚜, 属半翅目 Hemiptera 蚜科 Aphididae, 寄主植物主要包括苹果、桃、梨、山楂、柑橘、绣线菊等^[1-3]。绣线菊蚜具有分布范围广、繁殖速度快、发生代数多、为害严重等特点, 是苹果树上的一种主要害虫^[4-7]。该蚜虫在苹果园中一年发生 10 多代, 以卵在枝条、芽缝或

树干裂缝内越冬, 春季苹果树发芽时开始孵化为害^[8-9]。绣线菊蚜具有明显的趋嫩习性, 喜欢取食生长中的新芽和幼叶, 被害叶片常呈褪绿斑点, 并向背面横向卷曲或卷缩, 影响叶片的光合作用和枝条的正常生长, 严重时造成树势衰弱, 提早落叶^[10]; 同时会诱发煤污病等多种病害, 影响苹果品质及产量, 给

收稿日期: 2023-01-09 修订日期: 2023-03-01

基金项目: 中国农业科学院科技创新工程

* 通信作者 E-mail: 冯宏祖 fhzzky@163.com; 陆宴辉 luyanhui@caas.cn

苹果生产带来严重的经济损失^[11-12]。新疆维吾尔自治区阿克苏等南疆地区是苹果的优势产区,当地干旱少雨、日照充足的自然条件适宜苹果产业的发展。近年来,绣线菊蚜在南疆苹果园发生为害严重,但其种群调查、测报技术缺乏,生产上农户缺乏测报信息指导,多凭借经验进行防治,提前打保险药等不科学施药问题以及防治不及时问题突出导致其成为影响当地苹果安全绿色生产的一个重要限制因子。

空间分布格局是昆虫种群的重要属性之一,反映了其种群在田间的分布特征,是田间昆虫抽样技术的基础。在河南^[13]、山东^[14]等生态区域果园中绣线菊蚜为聚集分布。然而,昆虫的空间分布格局不仅与其自身的生物学特性关系密切,还受寄主植物种类、昆虫发育历期、种群密度和生长环境等多种因素影响,因此同种昆虫在不同地区、不同生态环境下可能呈现出不同的分布格局。例如,草地贪夜蛾幼虫在中国^[15]、巴西^[16]、阿根廷^[17]的玉米田为聚集分布,但在墨西哥^[18]呈现随机分布格局。芒果园中蓟马种群密度较高时为聚集分布,密度低时呈随机分布或均匀分布^[19]。本研究系统调查了南疆阿克苏地区荒漠绿洲农林生态系统中绣线菊蚜在苹果园的种群发生,并分析了蚜虫主要为害期种群的空间分布特征,以期在当地田间种群调查和防控提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验在阿克苏地区温宿县水稻农场和阿克苏市红旗坡农场的12个苹果园进行。选取的苹果园面积均不少于6 000 m²,相邻果园距离不小于2 000 m,被调查的苹果园为常规管理,品种均为‘富士’,树龄10~15年,产量2 000 kg/667m²左右。

1.2 调查方法

在所选取的每个苹果园内采取五点取样法调查绣线菊蚜种群数量,样点间距离至少15 m,每点选取树冠大小一致的苹果树2株,每株苹果树东、西、南、北4个方向各随机选取3个30 cm长的一年生嫩枝,各枝条相距40 cm左右,目测法调查树枝上绣线菊蚜数量。每块样地共计调查10株苹果树,每株果树共调查12个枝条。调查于2022年5月中旬开始,每7 d调查1次,至8月中旬绣线菊蚜在果园中种群数量极低时结束,共调查了13次。

1.3 试验设计与数据统计分析

绣线菊蚜种群动态调查以单个苹果园作为1次重复,以各时期12个苹果园中调查到的平均种群数量(单位:头/12枝)代表该时期的种群密度。

种群空间分布型分析选取6月份绣线菊蚜种群发生高峰时期的调查数据,以单株苹果树作为重复,计算各样地绣线菊蚜种群密度的均值 m 和方差值 S^2 ,再利用 m 和 S^2 计算各样地绣线菊蚜种群的聚集度指数。数据分析运用Microsoft Excel 2007、SPSS 27.0软件完成。

1.3.1 回归模型分析

采用Iwao^[20] $m^* - m$ 模型和Taylor^[21]幂法则进行回归分析。

Iwao提出的生物种群空间分布方程: $m^* = \alpha + \beta m$,式中 m 代表平均虫口密度, $m^* = m + (S^2 - m)/m$, m^* 为种群平均拥挤度, S^2 为样本方差; α 代表分布基本成分的平均拥挤度;当 $\alpha = 0$ 时,种群均匀分布,分布的基本成分为单个个体; $\alpha > 0$ 时,个体间相互吸引,分布的基本成分为个体群; $\alpha < 0$ 时,个体间相互排斥,分布的基本成分为单个个体。 β 为基本成分的空间分布型; $\beta > 1$ 时为聚集分布; $\beta = 1$ 时为随机分布; $\beta < 1$ 时为均匀分布。

Taylor等^[21]提出的平均虫口密度(m)与样本方差(S^2)的对数值之间的关系式: $\lg S^2 = \lg \alpha + b \lg m$,其中 α 是一个与样本大小及计算方法相关的因子,受环境异质性影响; b 为聚集特征性指数。当 $\lg \alpha > 0, b = 1$ 时,种群为不依赖于密度的聚集分布;当 $\lg \alpha > 0, b > 1$ 时,种群为依赖于密度的聚集分布;当 $\lg \alpha = 0, b = 1$ 时,种群为随机分布;当 $\lg \alpha < 0, b < 1$ 时,种群为均匀分布。

1.3.2 聚集度指数分析

计算每个样点单株苹果树(即12枝条)的平均虫口数量和方差,计算分析下列各项聚集度指数值来判定绣线菊蚜的空间分布型。

聚块指数 m^*/m ^[22]。当 $m^*/m > 1$ 时,种群为聚集分布;当 $m^*/m = 1$ 时,为随机分布;当 $m^*/m < 1$ 时,为均匀分布。

扩散系数 $C = S^2/m$ 。当 $C > 1$ 时,种群为聚集分布;当 $C = 1$ 时,为随机分布,当 $C < 1$ 时,为均匀分布。

久野指数 $C_A = (S^2 - m)/m^2$ 。当 $C_A > 0$ 时,种群为聚集分布;当 $C_A = 0$ 时,为随机分布;当 $C_A < 0$

时,为均匀分布。

负二项分布值 $K=m^2/(S^2-m)$ 。当 $0<K<8$ 时种群为聚集分布;当 $K\geq 8$ 时,为随机分布;当 $K<0$ 时,为均匀分布。

1.3.3 空间分布型形成原因分析

利用 Blackith^[23] 提出的聚集均数(λ)对绣线菊蚜的聚集原因进行分析,种群聚集均数(λ) 公式为: $\lambda=m\gamma/2K$ 。其中 m 为平均虫口密度, K 为负二项分布值, γ 表示自由度为 $2K$ 时的卡方分布的函数,计算 λ 时应用 0.5 的概率值。

判断标准:当 $\lambda<2$ 时,聚集发生现象是由环境条件引起的;而当 $\lambda\geq 2$ 时,聚集发生现象是由环境条件和昆虫本身聚集习性共同影响造成的。

1.3.4 不同方位种群密度比较

将每个果园所调查苹果树东、西、南、北 4 个方位各 3 个枝条上的绣线菊蚜数量平均化处理,采用线性混合模型(linear mixed model)分析苹果树不同方位上绣线菊蚜种群密度的差异,其中,果树方位作为固定效应,样地作为随机效应。

1.3.5 种群密度调查抽样数确定

采用 Iwao 提出的抽样数公式,建立苹果园绣线菊蚜的理论抽样数计算模型:

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

式中: N 为最适理论抽样数; t 为一定概率下的置信水平(当 $P=95\%$ 时, $t=1.96$); D 为抽样过程中的允许误差,通常取 0.1、0.2、0.3, α 、 β 为 Iwao 回归模型 m^*-m 回归式的截距和斜率, m 为平均密度。

采用 Iwao 提出的复合序贯抽样技术: $T_n=nm_0\pm t\sqrt{n[(\alpha+1)m_0+(\beta-1)m_0^2]}$;

其中, m_0 为防治指标,根据牟少敏等^[24] 提出绣线菊蚜的防治指标为每百叶(新梢 2、4 叶各半)500

头,结合本试验实际调查方法,确定防治指标为 1 500 头/12 枝; T_n 为田间抽样数为 n 时对应的累计虫口数; t 为一定概率下的置信水平(当 $P=95\%$ 时, $t=1.96$); α 、 β 为 Iwao 回归模型 m^*-m 回归式的截距和斜率。在抽样过程中,如果虫量大于上限则表明种群密度高于防治指标,如果虫量低于下限则表示种群密度低于防治指标,否则需继续抽样。

2 结果与分析

2.1 绣线菊蚜的种群消长动态

苹果园绣线菊蚜的种群密度呈现先上升后下降的趋势,始见于 5 月中旬,6 月上旬种群增长较快,6 月中旬达到高峰期,8 月上旬基本消失(图 1)。

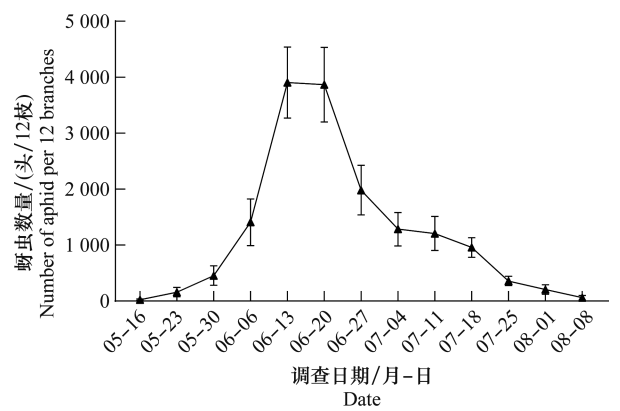


图 1 绣线菊蚜种群发生动态
Fig. 1 Population dynamic of Aphis spiraeicola

2.2 绣线菊蚜的空间分布型

2.2.1 聚集度指数

12 块苹果园样地的扩散系数 $C>1$,聚块指数 $m^*/m>1$,聚集度指标久野指数 $C_A>0$,负二项分布 K 指标在 0~8 之间(表 1),根据各聚集度指标含义判定:12 块样地内绣线菊蚜的空间分布型均为聚集分布。

表 1 绣线菊蚜空间分布聚集度指标

Table 1 Aggregation indices of Aphis spiraeicola

取样地 Sampling orchard	平均虫口密度 m / (头/12 枝) Average density	方差 S^2 Variance	平均拥挤度 m^* Mean crowding	负二项分布指数 K Negative binomial distribution	久野指数 C_A Cassie index	扩散系数 C Dispersion coefficient	聚块指数 m^*/m Patch index
1	258.00	224 253.01	1 126.20	0.30	3.37	869.20	4.37
2	2 955.00	1 226 813.76	3 369.17	7.13	0.14	415.17	1.14
3	28.00	816.64	56.17	0.99	1.01	29.17	2.01
4	113.00	9 708.29	197.91	1.33	0.75	85.91	1.75
5	311.00	26 254.96	394.42	3.73	0.27	84.42	1.27
6	2 592.00	2 490 398.21	3 551.80	2.70	0.37	960.80	1.37
7	36.00	1 475.21	75.98	0.90	1.11	40.98	2.11

续表 1 Table 1(Continued)

取样地 Sampling orchard	平均虫口密度 m / (头/12 枝) Average density	方差 S^2 Variance	平均拥挤度 m^* Mean crowding	负二项分布指数 K Negative binomial distribution	久野指数 C_A Cassie index	扩散系数 C Dispersion coefficient	聚块指数 m^*/m Patch index
8	4 212.00	3 354 631.61	5 007.45	5.30	0.19	796.45	1.19
9	371.00	51 534.41	508.91	2.69	0.37	138.91	1.37
10	739.00	142 543.01	930.89	3.85	0.26	192.89	1.26
11	764.00	163 259.84	976.69	3.59	0.28	213.69	1.28
12	1 744.00	780 112.61	2 190.31	3.91	0.26	447.31	1.26

2.2.2 回归分析结果

绣线菊蚜分布的 m^*/m 回归方程式为 $m^* = 1.16m + 162.90 (R^2 = 0.98)$, 参数 $\alpha = 162.90 > 0$, 表明绣线菊蚜在苹果园分布的基本成分为个体群, 且个体间相互吸引, 参数 $\beta = 1.16 > 1$, 说明其基本成分为聚集分布(图 2); 绣线菊蚜 Taylor 幂法则回归方程为 $\lg S^2 = 0.70 + 1.60 \lg m (R^2 = 0.95)$, 参数

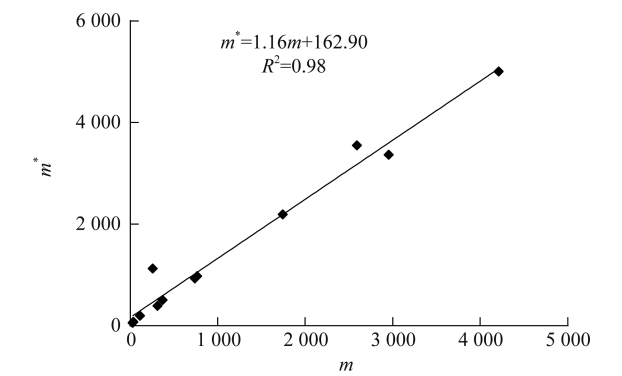


图 2 绣线菊蚜平均虫口密度 m 和平均拥挤度 m^* 之间的关系
Fig. 2 Relationship between average population density (m) and mean crowding (m^*) of *Aphis spiraeicola*

$\lg \alpha = 0.70 > 0$, 且 $b = 1.60 > 1$, 表明绣线菊蚜种群为聚集分布并且聚集强度随着种群密度的变大而增强(图 3)。

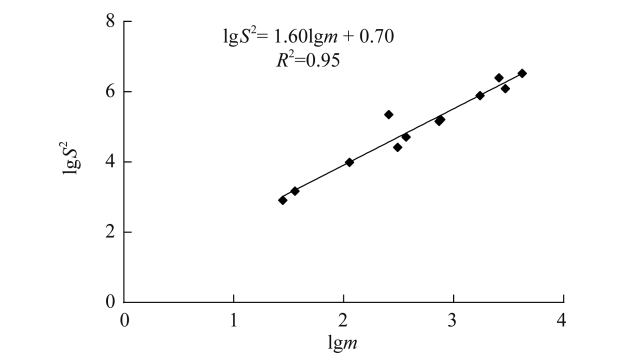


图 3 绣线菊蚜平均虫口密度 m 和方差 S^2 之间的关系
Fig. 3 Relationship between average population density (m) and variance (S^2) of *Aphis spiraeicola*

2.3 绣线菊蚜种群聚集原因

12 块样地的 λ 值均大于 2(表 2), 表明绣线菊蚜聚集是由环境条件和昆虫本身聚集习性共同引起的。

表 2 绣线菊蚜种群聚集均数

Table 2 Population aggregation value of <i>Aphis spiraeicola</i>		取样地 Sampling orchard											
指标 Index		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
函数值 γ Function value		0.27	13.60	1.37	2.04	6.81	4.75	1.20	9.94	4.73	7.04	6.53	7.16
聚集均数 λ Gathering mean value		116.10	2 818.23	19.39	86.53	283.71	2 280.00	24.04	3 949.74	326.18	675.95	694.64	1 597.21

2.4 不同方位绣线菊蚜种群密度

绣线菊蚜种群密度在苹果树东、西、南、北 4 个方位上差异不显著($\chi^2 = 1.72, df = 3, P = 0.7597$), 表明绣线菊蚜种群密度在不同水平方位上一致(图 4)。

2.5 绣线菊蚜种群密度调查最优抽样技术

2.5.1 理论抽样数

将绣线菊蚜的 Iwao $m^* - m$ 回归模型系数 $\alpha =$

$162.90, \beta = 1.16$ 代入公式得最佳理论抽样模型: $N = t^2 / D^2 (163.90/m + 0.16)$, 由此得出不同误差条件下($D = 0.1, 0.2, 0.3$)的理论抽样数(表 3), 随着绣线菊蚜单株虫口密度的增大, 理论抽样数逐渐减小。例如: $D = 0.3$ 时, 当虫口密度为 500 头/12 枝时, 所需抽样量为 21 株(每株随机抽样 12 枝); 当虫口密度为 2 000 头/12 枝时, 所需抽样量为 10 株(每株随机抽样 12 枝)。

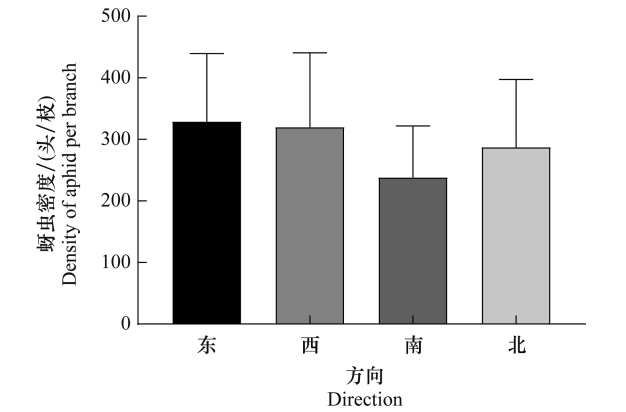


图 4 不同方向上绣线菊蚜的种群密度

Fig. 4 Population density of *Aphis spiraeicola* in different directions

表 3 绣线菊蚜不同虫口密度最适抽样数

允许误差 <i>D</i> Admissible error	最适抽样数/株 Optimum sampling number									
	500 头/ 12 枝	1 000 头/ 12 枝	1 500 头/ 12 枝	2 000 头/ 12 枝	2 500 头/ 12 枝	3 000 头/ 12 枝	3 500 头/ 12 枝	4 000 头/ 12 枝	4 500 头/ 12 枝	5 000 头/ 12 枝
0.1	189	126	105	94	88	84	81	78	77	75
0.2	47	31	26	24	22	21	20	20	19	19
0.3	21	14	12	10	10	9	9	9	9	8

表 4 绣线菊蚜种群调查序贯抽样表

上下限值 Upper and lower limit value		调查不同株数累计的虫口密度/头 Accumulated number of adults									
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
上限	Upper limit $T(n)'$	3 034	5 169	7 157	9 068	10 930	12 758	14 559	16 339	18 102	19 851
下限	Lower limit $T(n)''$	0	831	1 843	2 932	4 070	5 242	6 441	7 661	8 898	10 149

3 结论与讨论

本研究通过在 5 月—8 月系统调查阿克苏地区苹果园中绣线菊蚜的种群动态发现,绣线菊蚜从 5 月中旬开始在苹果园发生为害,于 6 月中旬达种群密度的高峰期,7 月份蚜虫种群逐渐消退,至 8 月中旬基本消失。害虫种群增长的高峰期亦是害虫测报与防治的关键时期,因此,本研究分析了 6 月上旬绣线菊蚜种群增长高峰期时其种群在南疆苹果园中的分布格局,并确定该时期的抽样技术。综合 Iwao m^*-m 模型和 Taylor 幂法则 2 种回归分析方法以及聚集度指标测定,发现苹果园中绣线菊蚜的空间分布型为聚集分布,个体间相互吸引,分布的基本成分为个体群,且聚集度随着种群密度的增大而升高,这与河南^[13]、山东^[14]等地的研究结果一致。根据对聚集均数(λ)的分析发现,绣线菊蚜的聚集是其生物学特性与生境条件相互作用的结果。绣线菊蚜具有

2.5.2 序贯抽样数

将防治指标定为 $m_0=1\ 500$ 头/12 枝,将绣线菊蚜的 Iwao m^*-m 回归模型系数 $\alpha=162.90,\beta=1.16$ 代入公式 $T_n=nm_0\pm t\sqrt{n}[(\alpha+1)m_0+(\beta-1)m_0^2]$ 中得出: $T_n=1\ 500n\pm1\ 534\sqrt{n}$,不同的取样数计算出相应的累积虫口密度的上限值 $T(n)'$ 和下限值 $T(n)''$,建立序贯抽样表(表 4)。实际应用中,在一定的抽样数下,当累计虫口数小于下限值,则不需要进行防治,当累计虫口数大于上限值需采取相应的措施,当累计虫口数处于上下限之间,继续进行抽样调查。

强烈的趋嫩习性,繁殖速度极快,在短期内便可达到较高的种群密度,且无翅蚜活动能力较弱,易造成蚜棒效应^[8,11]。这可能是引发绣线菊蚜聚集分布的重要生物学原因。

通过 Iwao 理论抽样数和序贯抽样模型,确定了绣线菊蚜的最适理论抽样数和序贯抽样方程。结果表明,在同一允许误差值下,绣线菊蚜在果园中不同密度下的理论抽样数随着蚜虫平均虫口密度增大,所需抽样数逐渐减少。在田间实际调查中以样枝为抽样单位,根据虫口密度确定抽样数量。序贯抽样表的制定,可在绣线菊蚜防治过程中节省人力物力,本研究建立的序贯抽样表仅局限于配合本研究的抽样方法应用。对于绣线菊蚜的具体抽样方法,还需要比较不同的抽样方法的精度和变异系数加以确定,以便在生产中加以推广应用。另外,绣线菊蚜在果树东、西、南、北 4 个方位上的种群密度无显著差异,表明绣线菊蚜对单株果树的方

位无选择偏好。在实际调查过程中,仅通过调查果树单一方位枝条上的绣线菊蚜数量即可代表整株苹果树上种群分布情况,使得取样调查更省时、高效。

参考文献

- [1] 张国浩, 江珊, 卢蒙蒙, 等. 黄色粘虫板对苹果绣线菊蚜的诱杀效果[J]. 果树学报, 2020, 37(12): 1914–1921.
- [2] KOU Hongru, SUN Yanchao, DONG Zhaoke, et al. Comparison between sustained effects of spray and injection thiamethoxam on apple aphids and non-target insects in apple orchard [J/OL]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2021, 207: 111307. DOI: 10.1016/j.ecoenv.2020.111307.
- [3] ANDREEV R, RASHEVA D, KUTINKOVA H. Development of *Aphis spiraeicola* Patch (Hemiptera: Aphididae) on apple [J]. Journal of Plant Protection Research, 2009, 49(4): 378–381.
- [4] 李强, 门兴元, 景春, 等. 苹果黄蚜高效防治药剂筛选[J]. 安徽农业科学, 2021, 49(6): 137–139.
- [5] 郭晓君, 封云涛, 李娅, 等. 3种喷雾助剂对呋虫胺防治苹果黄蚜的增效作用[J]. 植物保护, 2022, 48(4): 341–345.
- [6] 翟浩, 张勇, 李晓军, 等. 不同杀虫剂对苹果黄蚜的田间防控效果[J]. 安徽农业科学, 2018, 46(1): 143–145.
- [7] 陈敏, 王洪涛, 李凌云, 等. 新型杀虫剂氟吡呋喃酮对苹果黄蚜的田间药效评价[J]. 中国果树, 2020(6): 85–86.
- [8] 董鑫, 魏志峰, 文新义, 等. 苹果黄蚜繁殖速度及对幼树新梢危害程度研究[J]. 河南农业, 2020(1): 45–46.
- [9] 苏胜权, 周亚君. 苹果园绣线菊蚜生活史的初步研究[J]. 河南农业大学学报, 1992(2): 179–182.
- [10] 韩文启, 林桂雁, 李翠娟, 等. 苹果黄蚜种群动态与生态因子的相关性分析研究[J]. 烟台果树, 2000(2): 13–14.
- [11] 殷万东, 仇贵生, 闫文涛, 等. 绣线菊蚜对苹果成熟/幼嫩叶片的选择性与适生性[J]. 应用生态学报, 2013, 24(7): 2000–2006.
- [12] 张益民, 李定旭, 陈根强, 等. 苹果园绣线菊蚜种群动态的研究[J]. 河南农业大学学报, 1997(2): 96–99.

- [13] 刘军和, 禹明甫. 基于 Clark-Evans 最近邻体分析对果树主要害虫空间分布格局分析[J]. 环境昆虫学报, 2008, 30(4): 291–295.
- [14] 邱玉芹, 时爱菊, 赵敦田. 苹果黄蚜、苹小卷叶蛾发生规律和分布型的研究[J]. 华东昆虫学报, 1999(2): 86–91.
- [15] 孙小旭, 赵胜园, 靳明辉, 等. 玉米田草地贪夜蛾幼虫的空间分布型与抽样技术[J]. 植物保护, 2019, 45(2): 13–18.
- [16] MELO E P, FERNANDES M G, DEGRANDE P E, et al. Spatial distribution of plants infested with *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) on corn crop [J]. Neotropical Entomology, 2006, 35(5): 689–697.
- [17] SERRA G V, TRUMPER E V. Sequential sampling protocols for *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae), on *Zea mays* fields; influence of sampling unit size [J]. Bulletin of Entomological Research, 2006, 96(5): 471–477.
- [18] HERNANDEZ J L, LOPEZ-BARBOSA E C, GARZA-GONZALEZ E, et al. Spatial distribution of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in maize landraces grown in Colima, Mexico [J]. International Journal of Tropical Insect Science, 2008, 28(3): 126–129.
- [19] 邢楚明, 韩冬银, 李磊, 等. 蓟马在芒果园田间的时空动态[J]. 环境昆虫学报, 2017, 39(6): 1258–1265.
- [20] IWAO S. Application of the M*-M method to the analysis of spatial patterns by changing the quadrat size [J]. Researches on Population Ecology, 1972, 14(1): 97–128.
- [21] TAYLOR L R, WOIWOD I P, PERRY J N. The density-dependence of spatial behavior and the rarity of randomness [J]. Journal of Animal Ecology, 1978, 47(2): 383–406.
- [22] LLOYD M. Mean crowding [J]. Journal of Animal Ecology, 1967, 36(1): 1–30.
- [23] BLACKITH R E. Nearest-neighbor distance measurements for the estimation of animal populations [J]. Ecology, 1958, 39(1): 147–150.
- [24] 牟少敏, 刘忠德, 孔繁华, 等. 苹果黄蚜危害苹果经济损失和经济阈值的研究[J]. 山东农业大学学报(自然科学版), 2002, (1): 87–88.

(责任编辑: 田 喆)

(上接 234 页)

- [16] 刘芳, 马琳. 分散固相萃取-气相色谱法测定花生及大豆中 5 种除草剂残留[J]. 现代农药, 2016, 15(2): 39–41.
- [17] 韩梅, 侯雪, 邱世婷, 等. 超高效液相色谱-四极杆/静电场轨道阱高分辨质谱测定蔬菜中的百草枯[J]. 分析测试学报, 2019, 38(9): 1126–1131.
- [18] 孙悦萍, 陈国峰, 任红波, 等. QuEChERS-UPLC-MS/MS 同时测定玉米田环境中氯氟吡氧乙酸和氯氟吡氧乙酸异辛酯的残留量[J]. 现代农药, 2021, 20(1): 42–45.
- [19] PERESTRELO R, SILVA P, PORTO-FIGUEIRA P, et al. QuEChERS-fundamentals, relevant improvements, applica-

tions and future trends [J]. Analytica Chimica Acta, 2019, 1070: 1–28.

- [20] 刘亚伟, 董一威, 孙宝利, 等. QuEChERS 在食品中农药多残留检测的应用研究进展[J]. 食品科学, 2009, 30(9): 285–289.
- [21] 朱卫芳, 马琳, 陈建波, 等. 超高效液相色谱-质谱串联法测定双孢菇中噻虫嗪及其代谢物噻虫胺残留量[J]. 现代农药, 2019, 18(2): 35–37.
- [22] 张嘉. 大豆加工过程中典型除草剂残留行为研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2020.

(责任编辑: 田 喆)