

DOI:10.12403/j.1001-1498.20230317

基于 MaxEnt 模型的核桃炭疽病 适生性分析

薄淑文¹, 喻红稠¹, 韩长志^{1,2*}

(1. 西南林业大学生物多样性保护学院; 2. 云南省森林灾害预警与控制重点实验室, 云南昆明 650224)

摘要: [目的] 核桃作为一种重要的生态经济兼用型树种, 属于胡桃科落叶乔木且已在全球广泛栽培, 由胶孢炭疽菌、暹罗炭疽菌等炭疽菌引起的炭疽病是核桃主要的病害之一。根据核桃炭疽病的已知分布情况, 对其在中国和云南省范围内的适生区范围分别进行预测分析, 明确核桃炭疽病在我国潜在的分布区范围, 有助于生产上采取科学高效的监测和预防措施, 降低潜在的生态和经济损失。[方法] 利用 MaxEnt 物种分布模型, 通过筛选生物气候变量和优化模型参数构建表现最佳的模型, 进而应用于核桃炭疽病在中国和云南省范围内的适生区的预测。利用 ArcGIS 软件对预测结果进行可视化处理和面积统计, 并利用模型的结果对影响核桃炭疽病的主要环境因素进行分析。[结果] MaxEnt 模型预测结果显示: 影响核桃炭疽病适生性的主导环境因子主要有年降雨量、最干月份降雨量、温度季节性、最冷季度平均温度、年平均温、等温性、平均日较差和最暖季度平均降雨量等。核桃炭疽病在中国生态适宜区总面积约为 317.12 万平方公里, 占国土总面积的 33.03%, 主要分布在我国华中、华东、华南的全部地区以及西南大部分地区 and “三北”(西北、华北、东北) 少部分地区; 核桃炭疽病在云南的适生区主要集中在滇西地区, 约为 22.64 万平方公里, 占国土总面积的 57.44%。[结论] 核桃炭疽病在中国有着较为广泛的适生区域, 尤以云南省核桃炭疽病发生点数量最多和高度适生区分布区域最广泛, 预测适生区与已经获取核桃炭疽病分布点结果相一致, 未来应结合当地核桃炭疽病菌的生物学特征和实地分布情况进一步加强核桃炭疽病的预测和防治。

关键词: 核桃炭疽病; 适生性; MaxEnt 模型; 中国; 云南

中图分类号: S436.64

文献标识码: A

文章编号: 1001-1498(2024)x-0001-11

核桃 (*Juglans regia* L) 作为一种重要的生态兼用型树种, 已广泛栽培于全世界, 是践行“绿水青山金山银山”两山理论的重要载体, 是实现脱贫攻坚、兴林富民的重要产业之一。在我国核桃的种植过程中, 常见的病害有炭疽病、细菌性黑斑病、溃疡病、和煤污病等^[1-3]。由炭疽菌属 (*Colletotrichum corda*) 引起的炭疽病是当前我国核桃的主要病害之一, 该病害可危害核桃果实、叶片和嫩梢等, 具有爆发性强、流传性广、危害性大的特点。关于引

起核桃炭疽病病原菌的报道有多种, 报道较多的主要有胶孢炭疽菌 (*Colletotrichum gloeosporioides*)、暹罗炭疽菌 (*C. siamense*)、尖孢炭疽菌 (*C. acutatum*) 等^[4-7]。目前, 国内外学者关于核桃炭疽病的研究主要集中在防治方法、发生原因、病原鉴定、不同品种抗性、药剂防治试验等^[8-10] 方面。在各环境因素背景的相互作用下, 根据当前已掌握相关物种的地理分布和气候因子等方面数据, 对某物种提出针对性的保护、防治与建议是当前学术界

收稿日期: 2023-08-14 修回日期:

基金项目: 云南省“兴滇英才支持计划”青年人才专项 (YNWR-QNBJ-2020-188); 国家自然科学基金项目 (31960314); 云南省研究生导师团队建设项目 (2022100)。

* 通讯作者: 韩长志, 博士, 教授, 研究方向: 经济林木病害生物防治与真菌分子生物学。电话: 15877923075, E-mail: hanchangzhi2010@163.com

高度关注的热点问题^[11]。防治核桃炭疽病的紧要任务就是摸清该病的适生区分布,提前做好应对预防措施准备。核桃炭疽病严重制约着核桃产业的健康、快速、有序发展。然而,有关核桃炭疽病的分布区预测国内外学术界尚未见报道,因此,明确核桃炭疽病在我国潜在的分布区范围,有助于采取科学高效的监测和防治措施,有助于降低核桃种植区域潜在的生态和经济损失。

有关物种分布区域预测分析常使用一些生态位模型进行,环境变化数据是预测物种地理分布的关键^[12]。最常见的物种生态模型包括规则集遗传算法 (Genetic Algorithm for Rule-set Prediction, GARP)、生态位因子分析 (Ecological-niche Factor Analysis, EnFA)、生物气候模型 (Biological Climate model, BIOCLIM)、区域环境模型 (Domain Model, DOMAIN)、物种分布模型 (Species Distribution Models, SDMs) 和最大熵模型 (Maximum Entropy Model, MaxEnt) 等^[13-16]。MaxEnt 模型是通过已知的地理分布信息结合环境变量对物种的潜在地理分布进行预测,是一种基于物种已知分布信息并结合环境数据来预测未知分布情况的数理统计方法。作为目前同类模型中预测效果最好的生态模型,其能够根据少量环境条件找到最佳概率分布,能达到较为准确的预测适生性效果,具有样本需求量低、操作简单、模拟精度高等特点^[17]。该模型已在植物潜在种植区^[18, 19]、动植物生境^[20, 21]、入侵植物分布区^[22, 23]、检疫性虫害^[24]等方面广泛应用。

本研究基于预测区域的生物气候变量、已知核桃炭疽病病害分布点等数据,采用 MaxEnt 模型与 ArcGIS 软件结合的方式,明确影响核桃炭疽病发生的主导环境因子进而模拟预测该病在中国的适生性分布区域,并针对发病严重地区进一步分析。以期在未来开展核桃炭疽病的预测、预警以及防控策略提供科学依据,有效防范其在更大范围内扩散与流行成灾提供重要理论参考。

1 材料与方 法

1.1 核桃炭疽病地理分布信息

核桃炭疽病地理分布数据主要来源于全球生物多样性信息机构物种分布数据库 (Global Biodiversity Information Facility, GBIF, <https://www.gbif.org/>)、中国知网、ScienceDirect 数据库,对其中有经纬

度的数据进行记录,对知道确切分布地点的数据信息,利用百度坐标拾取系统 (<https://api.map.baidu.com/lbsapi/getpoint/index.html>) 获得经纬度确定其经纬度;同时也通过野外调查获取部分数据,通过 GPS 记录的采集点的坐标信息等。整理去除相同的经纬度信息,得到核桃炭疽病在全球的分布点 3 176 个,其中,中国分布点为 119 个、云南省为 45 个。按照物种名称、经度和纬度的次序输入 Microsoft office 2019,并转换为 CSV 格式数据。

1.2 气候环境数据与地图数据

气候数据来源于全球气候数据库网站 (WorldClim, <http://www.worldclim.org/>),空间分辨率是 30 arc-seconds (约 1 km)。包含 19 个生物气候变量数据 (bio1-bio19): 年平均温 (bio1、单位: °C)、平均日较差 (bio2、单位: °C)、等温性 (bio3、单位: 无)、温度季节性 (bio4、单位: 无)、最热月份最高温 (bio5、单位: °C)、最冷月份最低温 (bio6、单位: °C)、年温变化范围 (bio7、单位: °C)、最湿季度平均温度 (bio8、单位: °C)、最干季度平均温度 (bio9、单位: °C)、最热季度平均温度 (bio10、单位: °C)、最冷季度平均温度 (bio11、单位: °C)、年降雨量 (bio12、单位: mm)、最湿月份降雨量 (bio13、单位: mm)、最干月份降雨量 (bio14、单位: mm)、季节性降水 (bio15、单位: 无)、最湿季度降雨量 (bio16、单位: mm)、最干季度降雨量 (bio17、单位: mm)、最暖季度平均降雨量 (bio18、单位: mm) 和最冷季度平均降雨量 (bio19、单位: mm) 环境数据。利用 ArcGIS 软件中的重采样工具,将环境数据的像元大小设置成一致,统一所有环境数据的地理坐标系,分别运用中国矢量图和云南省矢量图提取出所需的环境变量因子图层,保存为 ASCII 格式文件^[25]。环境变量的选择是决定模拟准确性的关键,首先使用全部环境变量建立初始模型,保留对建模贡献率较高的环境变量。

地图数据从自然资源部标准地图服务网站 (<http://bzdt.ch.mnr.gov.cn>) 下载的标准地图作为分析底图。

1.3 核桃炭疽病分布区预测和适生性分析

MaxEnt Version 3.4.4 软件从网站 (<https://>

biodiversityinformatics.amnh.org/open_source/ma_xent/) 下载, 分别将核桃炭疽病的中国、云南省分布点数据和环境数据导入 MaxEnt 软件。在模型中随机选择 75% 分布点作为训练集, 25% 分布点作为测试集, 用 Jackknife 来检测变量的重要性, 重复设置为 10 次, 最大迭代次数为 5 000 次, 最大背景点数量为 10 000 个, 其余选择默认设置。利用刀切法 (jackknife test) 分析每个环境因子对模型的贡献率, 筛选出贡献率较大的环境因子^[25], 最后选择 10 次运行结果的均值作为模型运算结果。

MaxEnt 以受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic curve, ROC 曲线) 与横坐标围成面积 (AUC, Area Under Curve) 的大小作为衡量模型预测准确度的指标即拟合优度^[26]。衡量标准: AUC 值 < 0.6, 模型的模拟效果失败; $0.6 \leq \text{AUC 值} < 0.7$, 模型的模拟效果较差; $0.7 \leq \text{AUC 值} < 0.8$, 模型的模拟效果一般; $0.8 \leq \text{AUC 值} < 0.9$, 模型的模拟效果较好; $0.9 \leq \text{AUC}$, 模型的模拟效果极好^[27]。AUC 值越接近 1, 说明与随机分布相距越远, 环境变量与预测物种地理分布之间的相关性越大, 模型预测结果越准确^[28]。

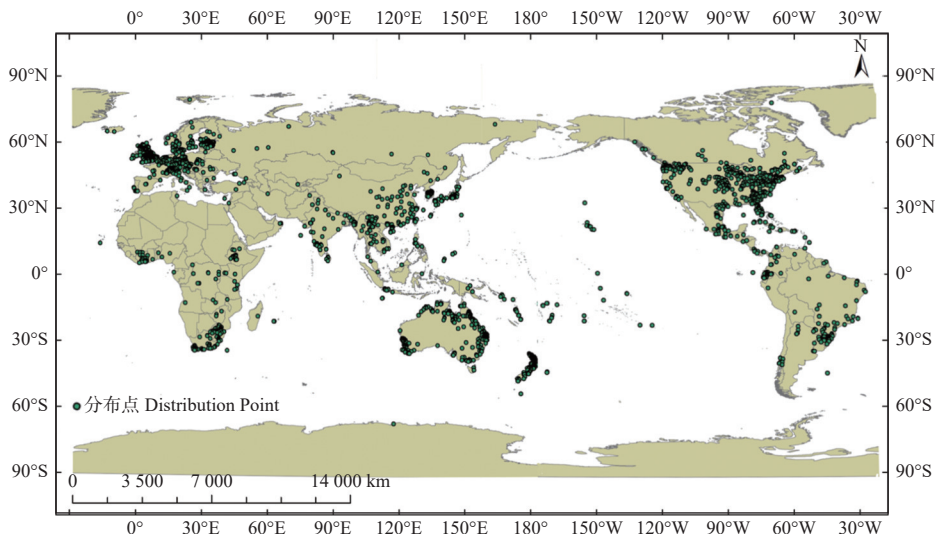
利用 ArcGIS 10.8 软件分析 MaxEnt 模型运行结果并转为栅格格式, 分别将中国、云南省范围进

行适生区区域划分。根据计算结果, 使用空间分析工具的重分类将适生区进行划分和结果可视化。采用自然间断点分级法对模型预测的核桃炭疽病分布进行重分类, 将适生区划分为 4 分等级: $0 < X < 0.1$, 非适生区; $0.1 < X < 0.3$, 低适生区; $0.3 < X < 0.5$, 中适生区; $0.5 < X < 1$, 高适生区 (X 表示物种适宜度), 数值越接近 1 表明物种的适宜生长长度越高^[29]。通过栅格面积计算得到核桃炭疽病在各等级适生区面积。

2 结果与分析

2.1 全球核桃炭疽病样本分布情况

通过收集核桃炭疽病分布点数据, 共获得全球病害发生点经纬度数据 3 176 个 (图 1), 具体而言: 该病主要分布在北美洲南部、欧洲西部、非洲南部、亚洲南部及大洋洲等, 其中发生较多的地区为位于北美洲的美国、圣皮尔和密克隆群岛、墨西哥和巴哈马群岛, 位于欧洲的法国、德国、英国和爱尔兰, 以及位于非洲的利比亚、南非和埃塞俄比亚, 以及亚洲的孟加拉国、缅甸、老挝、日本和中国南部, 以及大洋洲的澳大利亚、印度尼西亚和新西兰等。其中在中国收集核桃炭疽病分布点 119 个, 云南省为中国核桃炭疽病病害报道发生最多的地区, 共收集病害分布点 45 个。



审图号: GS (2016) 1667 号。Baes drawing review NO: GS (2016) 1667.

图 1 核桃炭疽病全球已知地理分布

Fig. 1 Global known geographical distribution of walnut anthracnose

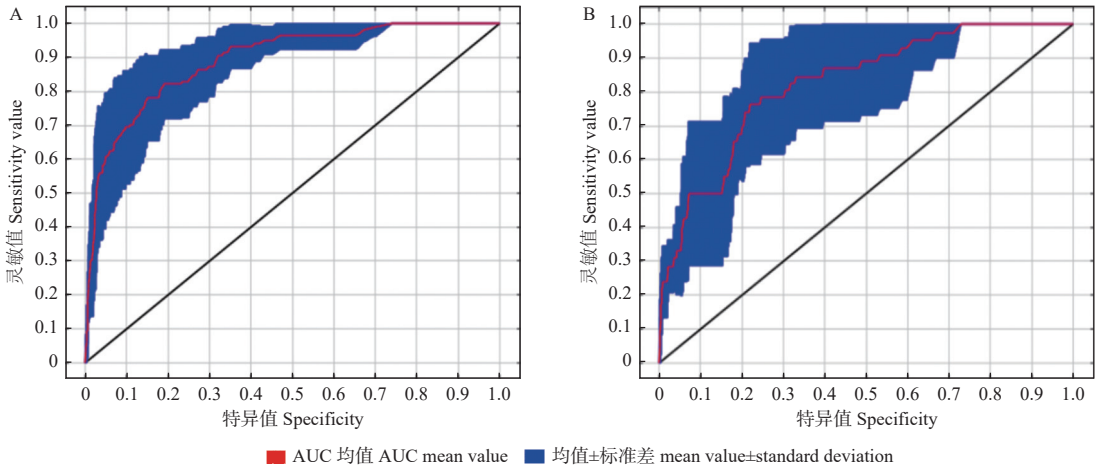
2.2 模型精度检验

通过中国、云南省核桃炭疽病的分布点数据和

生物气象数据, 采用 ROC 曲线对 MaxEnt 模型预测结果可靠性进行检验分析。结果显示: 中国核桃

炭疽病模型 AUC 的平均值为 0.893, 标准差为 0.053 (图 2A); 云南省核桃炭疽病模型 AUC 的平均值为 0.826, 标准差为 0.078 (图 2B); 中国、云南省核桃炭疽病模型的 AUC 值均显著高于

随机模型的 AUC 值 ($AUC=0.5$), 均已到达良好水平, 表明模型用来预测核桃炭疽病的适生区分布具有较高的可信度和准确度。



A 中国核桃炭疽病模型的 ROC 曲线; B 云南省核桃炭疽病模型的 ROC 曲线。

A Receiver operating characteristic of walnut anthracnose model in China; B Receiver operating characteristic of walnut anthracnose model in Yunnan province.

图 2 核桃炭疽病模型的 ROC 曲线

Fig. 2 ROC curve of global walnut anthracnose model

2.3 影响核桃炭疽病分布的环境因子分析

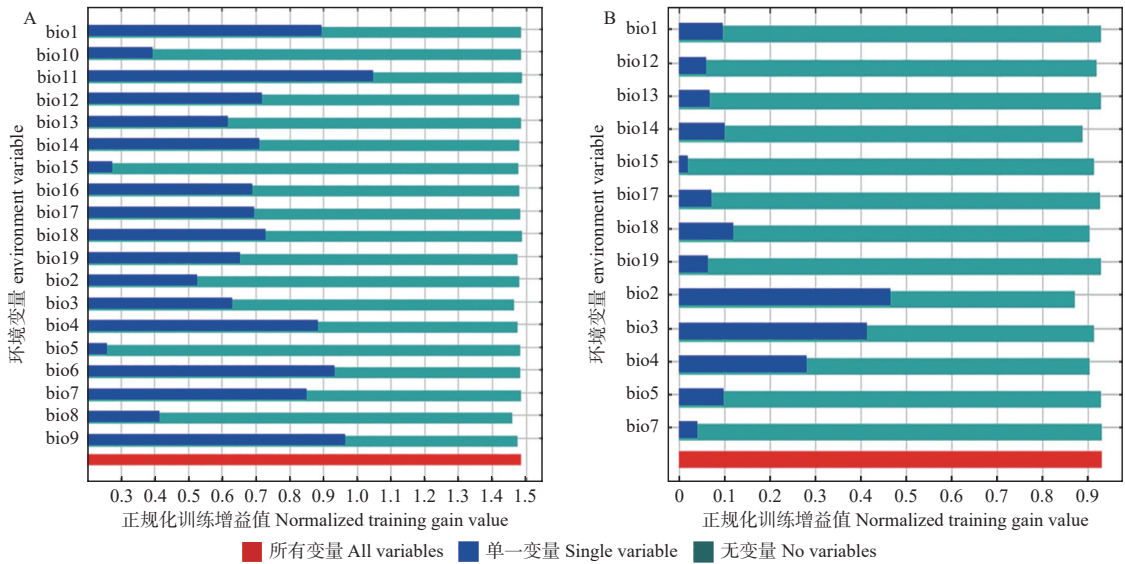
刀切法检验结果表明 (图 3): 在中国核桃炭疽病 MaxEnt 模型中, 最干月份降雨量 (bio9)、温度季节性 (bio4) 提供了非常高的增益, 说明 bio9、bio4 当使用独立时能比其他变量所包含的更有用的信息。冷季度平均温度 (bio11)、年降雨量 (bio12)、最湿季度平均温度 (bio8)、最湿季度降雨量 (bio16)、最干季度平均温度 (bio9)、年平均温 (bio1)、最热月份最高温 (bio5)、年温变化范围 (bio7)、平均日较差 (bio2)、最冷月份最低温 (bio6)、季节性降水 (bio15)、最热季度平均温度 (bio10) 有适度的增益; 而其余环境因子在单独使用时增益较低, 表明它们本身没有包含很多信息。其中 bio9 是影响中国核桃炭疽病适生区分布的最重要环境主要因子, 对模型的贡献率达 23.6%, 其次是 bio4 为 23.2%。在云南省核桃炭疽病 MaxEnt 模型中, 平均日较差 (bio2) 单独使用时, 对核桃炭疽病适生区分布最大熵模型提供了非常高的增益, bio2 也是在模型中的作用最大的环境影响因子, 贡献率为 33.7% (表 1), 其次等温性 (bio3)、最干月份降雨量 (bio14)、温度季节性 (bio4)、最暖

季度平均降雨量 (bio18)、季节性降水 (bio15)、最湿月份降雨量 (bio13) 和年降雨量 (bio12) 也有适度的增益。

因此, 对中国区域尺度当代气候条件下核桃炭疽病适生区的预测用到 15 个环境变量: 最干月份降雨量、温度季节性、冷季度平均温度、年降雨量、最湿季度平均温度、最湿季度降雨量、最干季度平均温度、年平均温、最热月份最高温、年温变化范围、平均日较差、最冷月份最低温、季节性降水、最热季度平均温度; 其中主导环境因子为最干月份降雨量、温度季节性、最冷季度平均温度、等温性和年降雨量; 对云南省区域尺度当代气候条件下核桃炭疽病适生区的预测用到 8 个环境变量: 平均日较差、等温性、最干月份降雨量、温度季节性、最暖季度平均降雨量、季节性降水、最湿月份降雨量和年降雨量; 其中主导环境因子为平均日较差、等温性、最干月份降雨量、温度季节性和最暖季度平均降雨量。

2.4 中国核桃炭疽病 MaxEnt 模型环境因子响应曲线

通过 MaxEnt 模拟的核桃炭疽病适宜性对主要环境变量的响应曲线发现 (图 4), 最干月份降雨



A. 影响中国核桃炭疽病 MaxEnt 模型环境因子的刀切法评价; B. 影响云南省核桃炭疽病 MaxEnt 模型环境因子的刀切法评价。

A Jackknife resampling evaluation of environmental factors affecting MaxEnt model of walnut anthracnose in China. B. Evaluation of Environmental Factors Affecting MaxEnt Model of walnut anthracnose in Yunnan province by Jackknife resampling

图 3 环境因子的刀切法评价

Fig. 3 Evaluation of environmental factors by Jackknife resampling

量达到 105 mm 之前, 曲线随降雨量增加而上升, 达到最大值 105 mm 后下降并趋近于平缓状态; 温度季节性与最干月份降雨的曲线大致相同, 温度季节性达到最大值 360 后下降并趋于平缓状态; 最冷季度平均温度在 $-27.5\text{ }^{\circ}\text{C}$ 之前, 曲线平缓, $27.5\text{ }^{\circ}\text{C}$ 后曲线随其温度增大而升高, 但在 $21\text{ }^{\circ}\text{C}$ 之后又呈平缓趋势。年降雨量与最冷季度平均温度的曲线大致相同, 年降雨量在 505 mm 之前, 曲线随其降雨量增大而升高, 之后又趋于平缓; 等温性在 18.5 之前曲线平缓, 随着等温性越高, 曲线有所下降, 当达到 44.8 之后上升直至 53.5 后再次趋于平缓。总体来说, 在中国核桃炭疽病 MaxEnt 模型中适生区气候特点是最干月份降雨量为 26~105 mm、温度季节性为 290~360、最冷季度平均温度为 $11.5\sim 27.5\text{ }^{\circ}\text{C}$ 、等温性为 50~53.5 和年降雨量为 150~505 mm 之间。

2.5 核桃炭疽病在中国的适生区分布预测

利用 MaxEnt 预测得到当前气候下中国核桃炭疽病适生区范围, 该病有着较为广泛的适生范围 (图 5), 生态适宜区总面积约为 317.12 万平方公里, 占国土总面积的 33.03%, 主要分布在我国华中、华东、华南的全部地区、西南大部分地区、西北、华北、东北的少部分地区; 高度适生区面积约为 35.64 万平方公里, 约占国土总面积的 3.71%,

主要分布在华东、华南的沿海地区以及西南地区, 包括云南省大部分地区, 广西壮族自治区、广东省、福建省的南部沿海地区, 以及浙江省的北部沿海地区、上海市、海南省的北部地区、台湾省的部分沿海地区, 在重庆市、新疆维吾尔自治区昌吉回族自治州、西藏自治区南部边境地区也有零星分布; 中度适生区面积约为 62.63 万平方公里, 约占国土总面积的 6.52%, 主要分布在高度适生区边缘地带以及华中地区, 包括云南省东西部分地区, 广东省、广西壮族自治区、福建省、浙江省、重庆市的高度适生区边缘地带, 以及湖南省东部、河南省西部、湖北省中部、山西省西南部、陕西省中部渭南市、海南省中部、台湾省东西部沿海地区, 四川省南部地区、贵州省东部地区也有零星分布; 低度适生区面积约为 218.85 万平方公里, 约占国土总面积的 22.80%, 主要分布南方大部分地区 and 北方的部分地区, 包括广西壮族自治区、广东省、浙江省、福建省、江西省、湖南省、贵州省、四川省、重庆市、湖北省、安徽省、江苏省、河南省、河北省、北京市、天津市、山东省、辽宁省、陕西省、甘肃宁夏回族自治区的东南地区, 西藏自治区的东部, 以及在吉林省、黑龙江省和新疆维吾尔自治区等零星地区也有具备低的适生性。

表 1 环境变量及其对 MaxEnt 预测模型的相对贡献率

Table 1 Environmental variables and their relative contribution to the MaxEnt prediction model

模型 Model	环境变量 Environment variable	贡献率 Contribution rate/%	模型 Model	环境变量 Environment variable	贡献率 Contribution rate/%
中国 China	最干月份降雨量 Rainfall in the driest month	23.6	云南省 Yunnan province	平均日较差 Average daily range	33.7
	温度季节性 Temperature seasonality	23.2		等温性 Isotherm	25.0
	等温性 Isotherm	12.4		最干月份降雨量 Rainfall in the driest month	11.6
	最冷季度平均温度 Average temperature in the coldest quarter	6.9		温度季节性 Temperature seasonality	9.5
	年降雨量 Annual rainfall	6.0		最暖季度平均降雨量 Average rainfall in the warmest quarter	7.1
	最湿季度平均温度 Average temperature in the wettest quarter	4.6		季节性降水 seasonal precipitation	4.8
	最湿季度降雨量 Rainfall in the wettest season	4.5		最湿月份降雨量 Rainfall in the wettest month	4.6
	最干季度平均温度 Average temperature in the driest quarter	3.1		年降雨量 Annual rainfall	2.1
	平均温 Average temperature	2.8		最干季度降雨量 Driest season rainfall	0.9
	最热月份最高温 The hottest month with the highest temperature	2.6		最冷季度平均降雨量 Average rainfall in the coldest quarter	0.3
	年温变化范围 Annual temperature variation range	2.3		平均温 Average temperature	0.3
	平均日较差 Average daily range	2.2		年温变化范围 Annual temperature variation range	0.2
	最冷月份最低温 The coldest month and lowest temperature	2.2		最热月份最高温 The hottest month with the highest temperature	0.1
	季节性降水 seasonal precipitation	1.8			
	最热季度平均温度 Average temperature of the hottest quarter	1.0			
	最暖季度平均降雨量 Average rainfall in the warmest quarter	0.3			
	最冷季度平均降雨量 Average rainfall in the coldest quarter	0.2			
	最湿月份降雨量 Rainfall in the wettest month	0.2			
	最干季度降雨量 Driest season rainfall	0.1			

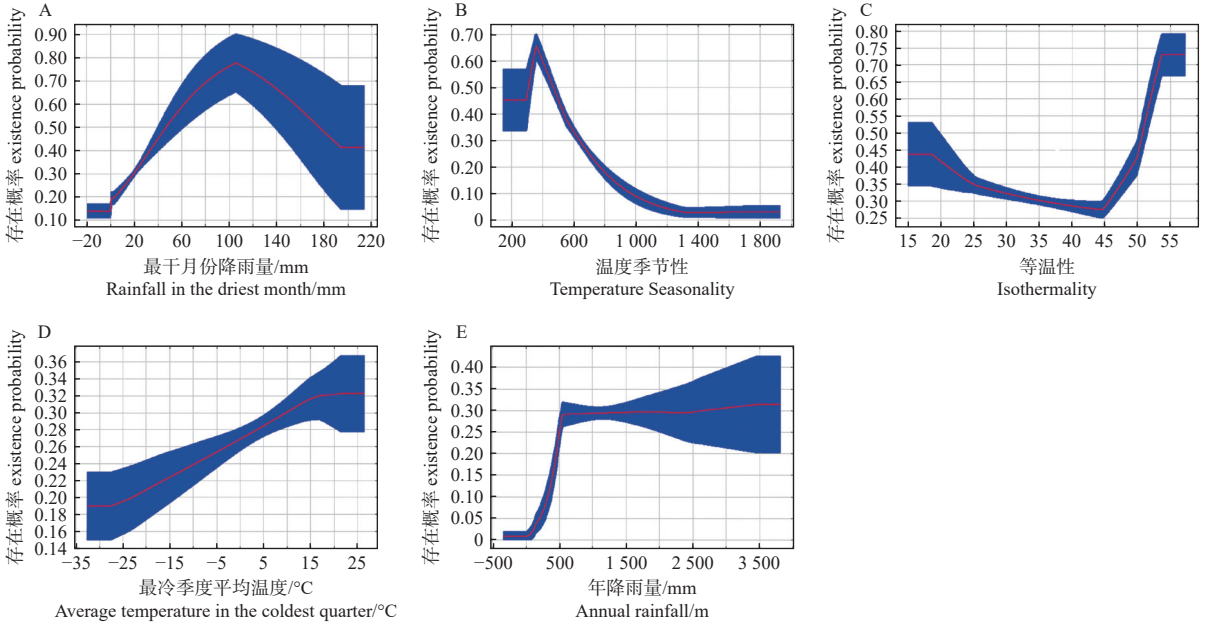
2.6 云南省核桃炭疽病 MaxEnt 模型环境因子响应曲线

通过 MaxEnt 模拟的核桃炭疽病适宜性对主要环境变量的响应曲线发现 (图 6), 在 7.2 °C 以前, 平均日较差无适生性, 7.2 °C 以后曲线随着温度的增加而上升, 在 13.2 °C 时达到最大且后趋于平缓状态; 等温性、最干月份降雨量二者的曲线与平均日较差的大致相同, 等温性达到 54 时最大后趋于平缓, 最干月份降雨量达到 23 mm 时达到最大值后也趋于平缓; 温度季节性在 312 之前, 曲

线平缓, 312 后曲线随其增大而升高, 但在 360 之后呈下降趋势; 最暖季度平均降雨量在 290 mm 之前无适生性, 在 410 mm 达到最高, 之后又稍微下降并趋于平缓。总体来说, 在云南省核桃炭疽病 MaxEnt 模型中适生区气候特点是平均日较差为 12~13.3 °C、等温性为 50~54、最干月份降雨量为 12.8~23 mm、温度季节性为 312~360 和最暖季度平均降雨量为 290~410 mm 之间。

2.7 核桃炭疽菌在云南省的适生区分布预测

在收集核桃炭疽病分布点和预测中国核桃炭疽

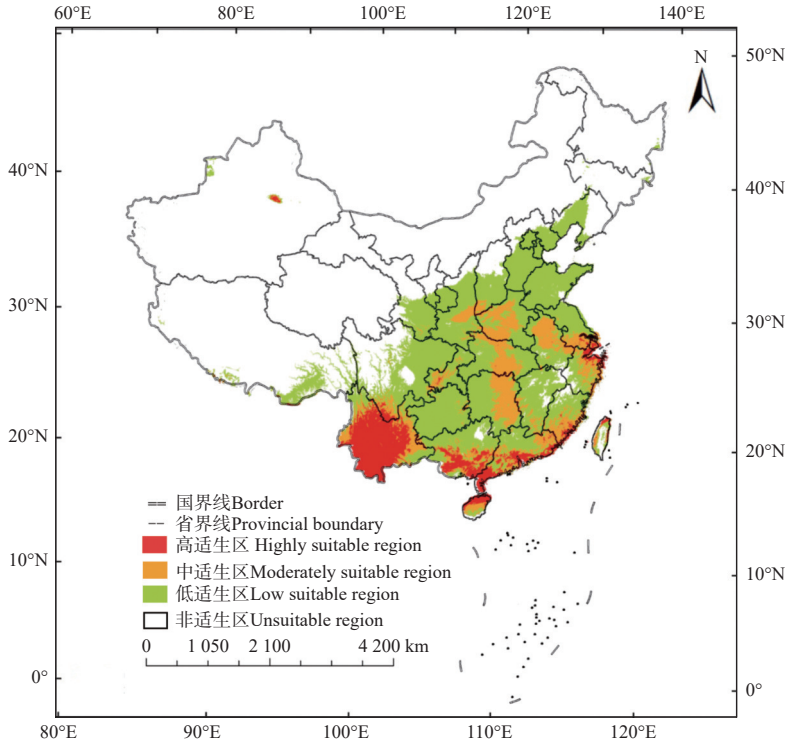


A. 最干月份降雨量; B. 温度季节性; C. 等温性; D. 最冷季度平均温度; E. 年降雨量。

A. Rainfall in the driest month; B. Temperature seasonality C. Isothermity; D. Average temperature of the coldest quarter; E. Annual rainfall

图 4 中国核桃炭疽病 MaxEnt 模型主要环境因子响应曲线

Fig. 4 Response curve of environmental factors in MaxEnt model of walnut anthracnose in China



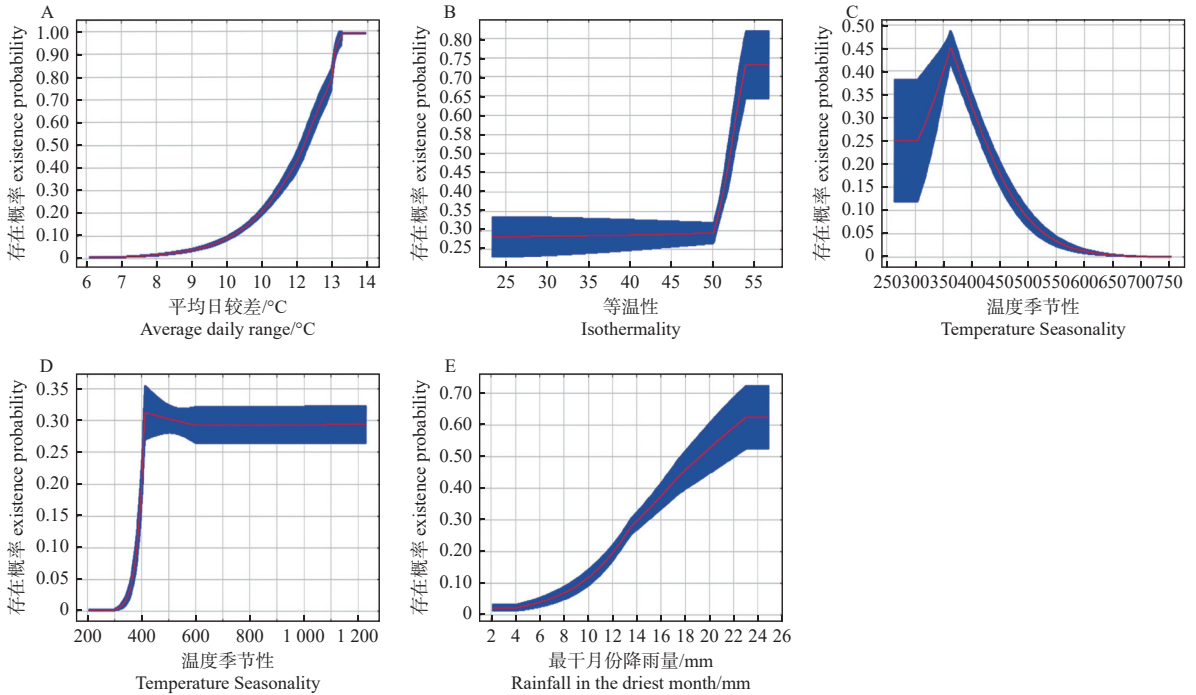
审图号: GS (2019) 1697 号。Baes drawing review NO: GS (2019) 1697.

图 5 核桃炭疽病在中国适生区分布预测

Fig. 5 Distribution prediction of walnut anthracnose in suitable areas in China

病适生区范围时, 云南省是中国核桃炭疽病发生点最多和高度适生区分布最广泛的地区。进一步利用 MaxEnt 预测得到当前气候下云南省核桃炭疽病

适生区范围, 结果显示: 该病在云南省生态适宜区总面积约为 22.64 万平方公里, 约占总面积的 57.44%, 主要集中在滇西地区; 高度适生区面积



A. 平均日较差; B. 等温性; C. 温度季节性; D. 最暖季节平均降雨; E. 最干月份降雨量。

A. Average daily range; B. Isothermity; C. Temperature seasonality; D. Average rainfall in the warmest quarter; E. Rainfall in the driest month.

图 6 云南省核桃炭疽病 MaxEnt 模型环境因子响应曲线

Fig. 6 Response curve of environmental factors of MaxEnt model of walnut anthracnose in Yunnan province

约为 3.46 万平方公里, 约占总面积的 8.78%, 主要集中西双版纳傣族自治州、普洱市、临沧市、楚雄彝族自治州和大理白族自治州, 在丽江市、玉溪市、昆明市也有零星分布; 中度适生区面积约为 7.13 万平方公里, 约占总面积的 18.07%, 主要分布在高度适生区边缘地带, 包括景谷傣族彝族自治县、思茅县、双柏县、禄丰市、大姚县、易门县、安宁市和晋宁区等大部分地区。低度适生区面积约为 12.05 万平方公里, 约占总面积的 30.57%, 在普洱市、临沧市、大理白族自治州、楚雄彝族自治州、红河哈尼族彝族自治州、怒江傈僳族自治州等少部分地区以及玉溪市、昆明市、保山市、丽江市的大部分地区, 在德宏傣族景颇族自治州也有零星分布 (图 7)。

3 讨论

当前生态位模型预测物种适生区分布已是一种重要的预测手段, 其中应用最广泛的是 MaxEnt 模型, 已有多位研究者用其对物分布进行预测。具体而言: 张童等^[30]利用 MaxEnt 模型对中国的软枣猕猴桃潜在的适宜分布区进行预测, 韩晓潮等^[31]用 MaxEnt 构建小麦黄花叶病的适生区分布。本研

究应用 MaxEnt 模型对当前气候条件下中国区域尺度和云南区域尺度核桃炭疽病的适生区域进行了预测, 其预测结果较为理想。同时, 物种分布又受多个环境变量的影响, 但在开展模型构建时应用环境变量过多, 则会导致生态模型的空间维度增加, 不利于进行适生区分布预测^[32]。因此, 构建合适的模型需要对环境因子做出合适的筛选非常必要, 本研究剔除了贡献率极低的环境因子, 成功建立了预测模型, 但模型选择过程中无法更好地明确环境变量对核桃炭疽菌生长和发育的影响, 且预测模型仅是对物种可能潜在适生区分布的预测, 并不能完全代替实地调查。模型预测的研究仅考虑了影响核桃炭疽病发生较为重要的环境因素, 有待于开发结合特殊性因素 (物种的生态学和生物学特性等) 的软件, 从而更好地针对性预测适生性区域。

本研究所预测的影响核桃炭疽病适生性区域分布的 MaxEnt 模型主导环境因子, 与路晓月等^[33]报道影响该病的环境因子结果相符, 即该病的发生病情指数与空气相对湿度、日平均温、降雨量等呈极显著的相关关系, 如空气湿度越大、降雨量充沛, 便有利于炭疽菌的扩散和生长。同时, 核桃炭疽病发病的早晚和轻重受环境湿度因素影响较大, 在湿

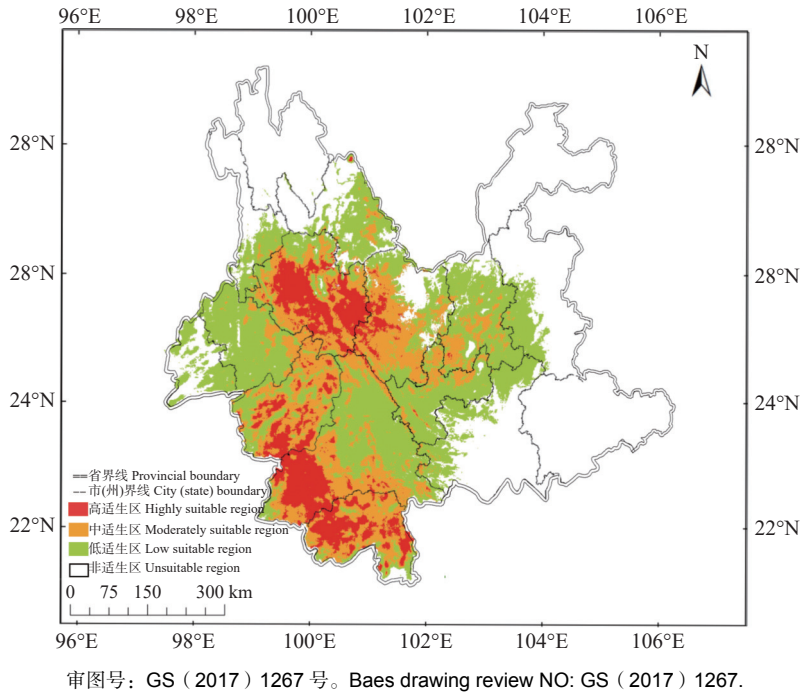


图 7 核桃炭疽病在云南省适生区分布预测

Fig. 7 Distribution prediction of walnut anthracnose in suitable areas of Yunnan province

润多雨的季节、年份发病严重, 雨水多、湿度大, 有利于病原菌的侵染。核桃炭疽病在中国的适生区分布主要分布在云南省、广西壮族自治区、广东省、福建省、江西省、湖南省和贵州省等湿润和半湿润地区, 进一步分析, 明确在云南省的适生区主要分布在西双版纳傣族自治州、普洱市、临沧市、楚雄市和大理白族自治州等多个地区。核桃炭疽病 MaxEnt 模型预测的适生区气候特点基本符合高温、多雨的特点, 上述预测的适生区也与已经获取该病分布点结果相一致。此外, 植物炭疽属真菌中不同病原菌的生物学特性基本具有一致的规律, 该属内有少部分“种”存在较强的寄主选择性, 而大多数“种”并没有显著的寄主选择性。不同“种”间的致病力表现出一定的分化, 不同“种”对同一寄主植物或同一“种”对不同寄主植物的致病力强弱也存在一定差异^[34, 35]。关于引起核桃炭疽病的病原菌研究, 因地区不同其病原菌也存在一定的差异性, 目前引起核桃炭疽病的主要炭疽属真菌为胶孢炭疽菌, 但不同种炭疽属真菌在侵染核桃时是否存在致病力差异, 其致病力的差异是否会对 MaxEnt 模型预测适生区造成影响均有待进一步研究。

利用 MaxEnt 模型首次对核桃炭疽病适生性分析, 了解核桃炭疽病对不同环境因子的响应幅度, 对防治相关措施有较强的指导性, 可更好地实现科

学高效的监测和防治措施, 有助于降低核桃种植区域潜在的生态和经济损失。本研究中国核桃炭疽病模型 119 个样本, 云南省核桃炭疽病模型 45 个样本, 样本数量充足。若期望进一步提高模型预测结果的精确性, 可考虑增加影响核桃炭疽病生长的环境因子, 如土地利用、人类干扰等。因此, 应结合当地核桃炭疽病的发生特点、流行规律和实地考察情况进一步加强病害的预警、监测以及防治工作, 关于核桃炭疽病的流行规律有待进一步深入研究, 进而为预测模型提供更加丰富的参考和依据, 提升模型在地理空间和气候背景下的预测准确性。

4 结论

核桃炭疽病在中国有着较为广泛的适生范围, 其生态适宜区总面积约为 317.12 万平方公里, 约占国土总面积的 33.03%, 主要分布在我国华中、华东、华南的全部地区以及西南大部分地区和“三北”(西北、华北、东北) 少部分地区; 云南省是中国核桃炭疽病发生点最多和高度适生区分布最广泛的地区, 基于当前气候条件下该病生态适宜区总面积约为 22.64 万平方公里, 约占总面积的 57.44%, 主要集中在滇西地区。影响核桃炭疽病适生性的主导环境因子主要有年降雨量、最干月份降雨量、温度季节性、最冷季度平均温度、年平均

温、等温性、平均日较差和最暖季度平均降雨量等。其预测适生区与已经获取核桃炭疽病分布点结果相一致,未来应结合当地核桃炭疽病菌的生物学特征和实地分布情况进一步加强核桃炭疽病的预测和防治。

参考文献:

- [1] 韩长志, 祝友朋, 王韵晴. 核桃细菌性黑斑病的研究进展[J]. 林业科学研究, 2021, 34(04): 184-190.
- [2] LUO Y, F J A NIEDERHOLZER, D G FELTS, *et al.* Inoculum quantification of canker-causing pathogens in prune and walnut orchards using real-time PCR[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2020, 129(5): 1337-1348.
- [3] 巨云为, 赵盼盼, 黄麟等. 薄壳山核桃主要病害发生规律及防控[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2015, 39(04): 31-36.
- [4] WANG Q-H, K FAN, D-W LI, *et al.* Walnut anthracnose caused by *Colletotrichum siamense* in China[J]. *Australasian Plant Pathology*, 2017, 46: 585-595.
- [5] WANG Q-H, K FAN, D-W LI, *et al.* Identification, virulence and fungicide sensitivity of *Colletotrichum gloeosporioides* ss responsible for walnut anthracnose disease in China[J]. *Plant disease*, 2020, 104(5): 1358-1368.
- [6] WANG Q, D LI, C DUAN, *et al.* First report of walnut anthracnose caused by *Colletotrichum fructicola* in China[J]. *Plant Disease*, 2018, 102(1): 247-247.
- [7] SAVIAN L, M MUNIZ, T POLETO, *et al.* First report of *Colletotrichum nymphaeae* causing anthracnose on *Juglans regia* fruits in southern Brazil[J]. *Plant Disease*, 2019, 103(12): 3287.
- [8] 孟珂, 张亚波, 常君, 等. 8种杀菌剂对9种薄壳山核桃炭疽病病原菌的毒力测定[J]. 林业科学研究, 2021, 34(01): 153-164.
- [9] BIAN J-Y, YU-LANSONG, QINGSUN, MEI-LINGYANG, JI-YUNJU, YUN-WEILI, DE-WEIHUANG, LIN. The fungal endophyte epicoccum dendrobii as a potential biocontrol agent against *Colletotrichum gloeosporioides*[J]. *Phytopathology*, 2021, 111(2): 293-303.
- [10] CHOUB V, H AJUNA, S WON, *et al.* Antifungal activity of *Bacillus velezensis* CE 100 against anthracnose disease (*Colletotrichum gloeosporioides*) and growth promotion of walnut (*Juglans regia* L.) trees[J]. *International journal of molecular sciences*, 2021, 22(19): 10438.
- [11] ANAGNOSTIS A, ASIMINARI, E PAPAGEORGIOU, *et al.* A convolutional neural networks based method for anthracnose infected walnut tree leaves identification[J]. *Applied Sciences*, 2020, 10(2): 469.
- [12] ELITH J, C H. GRAHAM, R P. ANDERSON, *et al.* Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data[J]. *Ecography*, 2010, 29(2): 129-151.
- [13] STOCKWELL D, D P PETERS. The GARP modelling system: Problems and solutions to automated spatial prediction[J]. *International Journal of Geographical Information Science*, 1999, 13(2): 143-158.
- [14] THUILLER W, B LAFOURCADE, R ENGLER, *et al.* BIOMOD – a platform for ensemble forecasting of species distributions[J]. *Ecography*, 2010, 32(3): 369-373.
- [15] BELBIN L. Comparing two sets of community data: A method for testing reserve adequacy[J]. *Australian Journal of Ecology*, 1992, 17(3): 255-262.
- [16] BEAUMONT L J, L HUGHES, M POULSEN. Predicting species distributions: use of climatic parameters in BIOCLIM and its impact on predictions of species' current and future distributions[J]. *Ecological Modelling*, 2005, 186(2): 251-270.
- [17] PINEDA E, J M LOBO. Assessing the accuracy of species distribution models to predict amphibian species richness patterns[J]. *Journal of Animal Ecology*, 2009, 78(1): 182-190.
- [18] DEL RIO S, R CANAS, E CANO, *et al.* Modelling the impacts of climate change on habitat suitability and vulnerability in deciduous forests in Spain[J]. *Ecological Indicators*, 2021, 131: 108202.
- [19] 刘佳琪, 魏广阔, 史常青, 等. 基于MaxEnt模型的北方抗旱造林树种适宜区分布[J]. 北京林业大学学报, 2022, 44(07): 63-77.
- [20] RAGHAVAN R K H, A. C. G. LAWRENCE, K. E. GANTA, R. R. PETERSON, A. T. POMROY, W. E. Predicting the potential distribution of *Amblyomma americanum* (Acari: Ixodidae) infestation in New Zealand, using maximum entropy-based ecological niche modelling[J]. *Experimental & applied acarology*, 2020, 80(2): 227-245.
- [21] 周玉婷, 葛雪贞, 邹娅, 等. 基于Maxent模型的长林小蠹的全球及中国适生区预测[J]. 北京林业大学学报, 2022, 44(11): 90-99.
- [22] 林司曦, 叶建仁. 栎树猝死病在中国的人侵风险评估[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2020, 44(06): 161-168.
- [23] ZHANG J, J ZHU, W GUO. A machine learning-based approach to predict the fatigue life of three-dimensional cracked specimens[J]. *International Journal of Fatigue*, 2022, 159: 106808.
- [24] 梁莉, 洗晓青, 赵浩翔, 等. 基于MaxEnt模型的白缘象甲潜在地理分布区识别[J]. 昆虫学报, 2022, 65(10): 1334-1342.
- [25] STEVEN, J., PHILLIPS, *et al.* Opening the black box: an open-source release of Maxent[J]. *Ecography*, 2017, 40: 887-893.
- [26] MORENO R, R ZAMORA, J R MOLINA, *et al.* Predictive modeling of microhabitats for endemic birds in South Chilean temperate forests using Maximum entropy (Maxent)[J]. *Ecological Informatics*, 2011, 6(6): 364-370.
- [27] SWETS, J. Measuring the accuracy of diagnostic systems[J]. *Science*, 1988, 240(4857): 1285-1293.
- [28] 喜超, 木霖, 李胜, 等. 基于MaxEnt和ArcGIS预测大藻在云南的潜在适生区[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2018, 33(01): 7-16.
- [29] 王艳君, 高泰, 石娟. 基于MaxEnt模型对舞毒蛾全球适生区

- 的预测及分析 [J]. *北京林业大学学报*, 2021, 43 (09): 59-69.
- [30] 张 童, 黄治昊, 彭杨靖, 等. 基于 Maxent 模型的软枣猕猴桃在中国潜在适生区预测 [J]. *生态学报*, 2020, 40 (14): 4921-4928.
- [31] 韩晓潮, 明艳芳, 姬忠林, 等. 基于最大熵模型分析小麦黄花叶病在黄淮海地区的适生性 [J]. *中国农业科技导报*, 2020, 22 (04): 111-119.
- [32] 郭彦龙, 赵泽芳, 乔慧捷, 等. 物种分布模型面临的挑战与发展趋势 [J]. *地球科学进展*, 2020, 35 (12): 1292-1305.
- [33] 路晓月, 王子夜, 张晓飞, 等. 河北邢台核桃炭疽病发生动态及其与环境因子的相关性分析 [J]. *中国植保导刊*, 2022, 42 (10): 42-46.
- [34] BAXTERS A, VAN DER WESTHUIZEN, GCA, A EICKER. A review of literature on the taxonomy, morphology and biology of the fungal gems *Colletotrichum* [J]. *Phytophylactica*, 1985, 17 (1): 15-18.
- [35] PHOULIVONG S, L CAI, H CHEN, *et al.* *Colletotrichum gloeosporioides* is not a common pathogen on tropical fruits [J]. *Fungal Diversity*, 2010, 44: 33-43.

Adaptability Analysis of Walnut Anthracnose based on MaxEnt Model

BO Shu-wen¹, YU Hong-chou¹, HAN Chang-zhi^{1,2}

(1. College of Biodiversity Conservation, Southwest Forestry University; 2. The Key Laboratory of Forest Disaster Warning and Control of Yunnan province, Kunming 650224, China)

Abstract: [Objective] As an important ecological and economic tree species, walnut tree belongs to Juglandaceae deciduous and has been widely cultivated in the world. Anthracnose caused by *Colletotrichum* species including *C. gloeosporioides*, *C. siamense* etc., is one of the main diseases of walnut. According to the known distribution of walnut anthracnose, the range of its suitable growing areas was predicted and analyzed in China and Yunnan province, and the potential distribution range of walnut anthracnose in China was identified, which would help to take scientific and efficient monitoring and prevention measures in production and reduce potential ecological and economic losses. [Methods] The species distribution model MaxEnt was used to develop the model by selecting bioclimate variables and optimizing model parameters, and then applied the model to predict the suitable habitat of walnut anthracnose in China and Yunnan province. ArcGIS software was used to visualize the prediction results and deal with area statistics, and the results of the model were used to analyze the main environmental factors affecting walnut anthracnose. [Results] The results showed that the main environmental factors affecting the adaptability of walnut anthracnose were annual rainfall, rainfall in the driest month, temperature seasonality, average temperature in the coldest quarter, annual average temperature, isotherm, average daily range, and average rainfall in the warmest quarter. The total area of walnut anthracnose in China's ecological suitable areas was about 3.1712 million square kilometers, accounting for 33.03% of the total land area. It was mainly distributed in all areas of central, eastern and southern China, as well as most areas in the southwest and a few areas of the northwest, north and northeast in China. The suitable growth area of walnut anthracnose was mainly concentrated in western Yunnan, about 226400 square kilometers, accounting for 57.44% of the total land area. [Conclusion] Walnut anthracnose has a relatively wide range of suitable growth areas in China, especially in Yunnan province, where anthracnose has the largest number of occurrence points and the widest distribution of highly suitable areas. The predicted suitable growth areas are consistent with the obtained distribution points of walnut anthracnose. In the future, the prediction and control of walnut anthracnose should be further strengthened in combination with the biological characteristics and field distribution of the local walnut anthracnose pathogen.

Keywords: Walnut anthracnose; Adaptability; MaxEnt; China; Yunnan province