

中国松材线虫病空间分布格局

潘宏阳^{1,2,3,*}, 叶建仁^{1,2}, 吴小芹^{1,2}

(1. 南京林业大学森林资源与环境学院, 江苏 南京 210037; 2. 江苏省有害生物入侵预防与控制重点实验室, 江苏 南京 210037;
3. 国家林业局森林病虫害防治总站, 辽宁 沈阳 110034)

摘要:应用地统计学和克里格插值方法, 分析了松材线虫病在中国的空间分布结构和空间相关性。研究表明, 松材线虫病在中国呈聚集分布。在全国和江苏、安徽、广东、浙江 5 个不同空间尺度下, 半变异函数均为球形, 空间依赖性距离分别可达 10.1888°、3.4464°、2.1581°、3.08° 和 2.4376°。松材线虫病在中国有着 2 个明显的聚集分布区域, 一个位于 (30.5 ~ 32.5°N, 117.7 ~ 120.5°E), 以南京为中心, 包括江苏、安徽大部 and 浙江西北部, 另一个位于 (22.5 ~ 24°N, 113 ~ 114.5°E), 在广东境内。松材线虫病在中国早期空间分布自然扩散模型为 $R = 5.4743e^{0.4139t}$ ($R^2 = 0.9204$)。

关键词: 松材线虫病; 空间格局; 聚集区域

文章编号: 1000-0933 (2009)08-4325-07 中图分类号: Q143 文献标识码: A

Spatial distribution patterns of pine wilt disease in China

PAN Hong-Yang^{1,2,3,*}, YE Jian-Ren^{1,2}, WU Xiao-Qin^{1,2}

1 College of Forest Resources and Environment Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China

2 Jiangsu Key Laboratory for Prevention and Management of Invasive Species, Nanjing 210037, China

3 General Station of Forest Pest Management, SFA, Shenyang 110034, China

Acta Ecologica Sinica, 2009, 29(8): 4325 ~ 4331.

Abstract: The spatial distribution pattern of pine wilt disease was analyzed with geostatistics. The results showed that pine wilt disease was an aggregated distribution within China, at the scale of the entire country, the semivariogram function of spatial distribution can be described by a spherical model with a spatial dependence range of 10.1888°. At the provincial scale, the distribution patterns of Jiangsu, Anhui, Guangdong and Zhejiang provinces could also be described by the spherical model with spatial dependence range of 3.4464°, 2.1581°, 3.0800°, and 2.4376° respectively. In addition, 2 aggregated distribution areas were found. One was centered in Nanjing with a range of (30.5 – 32.5°N, 117.7 – 120.5°E), which include almost all of the area of Jiangsu and Anhui provinces as well as the north-west position of Zhejiang province. The second aggregated distribution area was in Guangdong Province (22.5 – 24.0°N, 113.0 – 114.5°E). The natural distribution model of the early stage of pine wilt disease in China can be formulated as $R = 5.4743e^{0.4139t}$ ($R^2 = 0.9204$).

Key Words: pine wilt disease; spatial distribution; aggregated area

松材线虫病是由松材线虫 (*Bursaphelenchus xylophilus*) 引起的具有毁灭性的森林病害, 属我国重大外来入侵种, 已被我国列入对内、对外的森林植物检疫对象。该病自 1982 年传入我国以来, 扩散蔓延迅速, 目前全国已有 14 省(市、区)发生, 面积达 7.7 万 hm^2 , 导致大量松树枯死, 对我国的松林资源、自然景观和生态环境造成严重破坏, 造成了严重的经济和生态损失^[1,2]。种群的空间结构是种群生态学重要内容之一, 它揭示了种

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(200704026)

收稿日期: 2008-04-25; 修订日期: 2009-02-12

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

群个体某一时刻的行为习性和诸环境因子的综合影响以及物种选择栖境的内在特征和空间结构的异质性程度^[3]。对格局动态的研究,有助于揭示物种间的联系及物种对环境的适应性,揭示物种适应环境变化的规律^[4],更有助于分析松材线虫病在中国的扩散规律,为防控策略制定提供理论依据。但目前,松材线虫病在中国的空间大格局研究尚未见报道。根据区域变量的理论,在空间上松材线虫病疫点分布数量是区域化变量。应用地理统计学及克里格插值方法,对松材线虫病疫点在中国的区域分布进行空间分析,以期揭示松材线虫病在中国的扩散规律和疫点间的相互联系,为执行切实有效的防控对策、开展针对性的预防工作、遏制松材线虫病在我国的进一步扩散蔓延提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 资料收集

系统收集了 1982~2005 年中国松材线虫病历年疫情普查数据、专项调查报告、疫情分析报告、国家报告等资料,全面掌握松材线虫病在中国发生流行历史和危害状况。

1.2 统计分析

按照经度 $0.5^{\circ}\text{N} \times 1^{\circ}\text{E}$ 的尺度将松材线虫病在我国的分布区域($22^{\circ} \sim 38^{\circ}\text{N}$, $105^{\circ} \sim 123^{\circ}\text{E}$)分割成 18×32 个小区,统计各小区内疫点出现频次。

1.3 分析方法

1.3.1 半变异函数分析^[5~10]

根据区域变量的理论,在空间上生物种群数量是区域化变量,因此可用区域化变量理论和方法进行研究。本文通过计算松材线虫病疫点分布的实验半变异函数、拟合半变异函数、分析半变异函数结构来描述松材线虫病疫点空间格局和空间相关关系(表 1)。对于观察的数据系列 $z(x_i)$, $i=1, 2, 3, \dots, n$, 样本半变异函数 $R^*(h)$ 可用下式计算: $R^*(h) = \frac{1}{2N(h)} \sum_{i=1}^{N(h)} [z(x_i) - z(x_{i+h})]^2$, 其中 $N(h)$ 是被 h 分割的数据对 (x_i, x_{i+h}) 对数, $z(x_i)$ 和 $z(x_{i+h})$ 分别是在点 x_i 和 x_{i+h} 处样本的测量值, h 是分割两样点的距离。半变异函数有 3 个重要参数, 及基台值(sill), 变程(range)或称空间依赖性范围(range of spatial dependence)和块金值(nugget)或称区域不连续性值(localized discontinuity)。这 3 个参数反映了变异曲线图的形状结构, 即反映了种群空间格局或空间相关类型, 同时还能给出这种空间相关的范围。几种常用的理论模型如球型、指数型、高斯型(gaussian)和线型都可拟合实验半变异函数。球型半变异函数说明所研究的种群是聚集分布。指数型与球型模型类似但其基台值是渐近线。非水平状直线型的半变异函数表明种群是中等程度的聚集分布。如果是随机分布, 则 $R^*(h)$ 随距离无一定规律性变化, 完全随机或均匀的数据, $R^*(h)$ 呈水平直线或稍有斜率, 块金值等于基台值, 表明抽样尺度下没有空间相关性。

一般用决定系数(R^2)判断模型拟合的好坏。决定系数是回归平方和占总平方和的比值, F 为检验决定系数的统计量, 计算公式为: $F = \frac{R^2}{1-R^2} \cdot \frac{N-k}{k-1}$ 。式中, k 为回归模型中自变量的个数。若计算的 F 值大于显著性水平 α (0.05 或 0.01) 与自由度 f 的临界值 $F_{\alpha f}$ 时, R^2 是有意义的^[11]。

1.3.2 克里格插值分析(Kriging)

利用克里格插值法进一步揭示松材线虫病在中国的聚集分布区域。克里格插值法将任一个点的估计值通过该点影响范围内的 n 个有效样本值 $Z(x_i)$ 的线性组合得到, 即 $Z_v^* = \sum_{i=1}^n \lambda_i Z(x_i)$ 。式中, λ_i 是与样点观察 $Z(x_i)$ 有关的加权系数, 用来表示各个样点值 $Z(x_i)$ 对估计值 Z_v^* 的贡献。对于任一给定的区域和数据信息 $Z(x_i)$, $i=1, 2, \dots, n$, 存在一组加权系数 λ_i 。如果使得估计方差为最小, 其区域内的真值就能在最小的可能置信区间内产生。

2 结果与分析

2.1 松材线虫病疫点数量的半变异函数和空间格局

松材线虫病疫点空间格局分布分析结果显示, 在不同的经纬度区域内显示了明显的空间格局(图 1~图

5)。松材线虫病疫点分布在全国及江苏、安徽、广东、浙江等主要疫区均为聚集分布,其半变异函数均为球形。在全国,松材线虫病疫点分布的半变异函数的变程为 10.1888° ,即半变异函数在 10.1888° 时达到基台值,表明疫点分布的空间依赖性距离可达 10.1888° 跨度,其空间结构可用球型模型 $R(h) = 0.00032h^3 - 0.0033h^2 + 0.0551h + 0.2588$ 拟合,表明松材线虫病疫点在全国分布为聚集型。江苏、安徽、广东、浙江等省内松材线虫病疫点分布的半变异函数的变程分别为 3.4464° 、 2.1581° 、 3.0800° 和 2.4376° ,表明松材线虫病疫点分布的空间依赖性距离也分别如此,它们的空间分布格局用球形模型拟合,分别为 $R(h) = -0.0044h^3 - 0.0092h^2 + 0.2202h + 0.4582$ 、 $R(h) = 0.0059h^3 - 0.1513h^2 + 0.5706h + 0.4261$ 、 $R(h) = 0.0058h^3 - 0.111h^2 + 0.5187h + 0.0392$ 、 $R(h) = -0.025h^3 + 0.1151h^2 - 0.1155h + 0.9711$ 。在这些区域,松材线虫病疫点分布的空间格局均为聚集型。经检验,所模拟的球形模型在 99% 的置信度下均达到显著水平(见表 1)。

块金值(nugget)表示随机变异的大小,主要有两个来源:一是来源于最小取样间隔内的自然过程造成的变异,二是来源于实验误差。浙江省具有较大的块金值,可能与松材线虫病在该省分布较为广泛(58 个县级行政区域中已有 29 个有松材线虫病分布)且单位取样区域间疫点数变化较大有关,这也与本文后部分用克立格插值法得出浙江省有 2 个聚集分布区域相吻合。而广东省的块金值较小,可能是松材线虫病在该省分布较为集中有关。基台值(sill)反映某区域化变量在研究范围内变异的强度,它是最大滞后距的可迁性变异函数的极限值,可以认为是该变量在研究区域的总变差。块金值/基台值反映随机变异占总变异的大小,一般认为块金值/基台值在 25% ~ 75% 之间时,空间相关性中等。从表 2 可以看出浙江、安徽等省的基台值均较广东省大,广东省块金值与基台值的比值最大,而浙江最低。这也应该是由于松材线虫病在浙皖分布广泛而在广东相对集中导致。

表 1 不同区域松材线虫病疫点分布的实验半变异函数值 $R^*(h)$
Table 1 Observed semivariogram $R^*(h)$ for wilt pine disease distributing in different origins

距离 Distance	$R^*(h)$					距离 Distance	$R^*(h)$ (全国)	距离 Distance	$R^*(h)$ (全国)
	全国	江苏	安徽	广东	浙江				
1	0.2820	0.6768	0.8667	0.4660	0.9250	11	0.5406	21	0.4337
2	0.3611	0.8309	0.9479	0.5814	1.0833	12	0.5302	22	0.3338
3	0.4153	0.8426	1.0278	0.8551	0.8611	13	0.5201	23	0.3272
4	0.4675	0.9250	0.6042	0.7692	0.8333	14	0.5043	24	0.3115
5	0.4375	0.9615	0.2500	0.5745	0.1250	15	0.4954	25	0.2861
6	0.4665	0.3000		0.3690		16	0.4800	26	0.2702
7	0.4992	0.1071		0.1622		17	0.4759	27	0.3148
8	0.5177			0.0313		18	0.4744	28	0.3257
9	0.5255			0.0370		19	0.4698	29	0.3976
10	0.5345			0.0455		20	0.4322	30	0.0526

上述研究表明,松材线虫病在中国,无论是从全国大格局看,还是从主要疫情分布省份看,都呈聚集分布。同时,疫点与疫点之间存在一定的依赖性,并且某一疫点在不同空间尺度下对疫情向周边的扩散存在一定程度的影响。

表 2 不同区域松材线虫病疫点的理论半变异函数模型 $R(h)$ 、决定系数 R^2 及分布类型
Table 2 Models, R^2 value and spatial patterns for wilt pine disease distributing in different origins

区域 Origin	模型 Model	方程 Equation	变程 RSM	块金值 nugget	基台值 sill	Nugget/ sill	决定系数 R^2	F	空间格局 Pattern
全国	球形	$R(h) = 0.00032h^3 - 0.0033h^2 + 0.0551h + 0.2588$	10.1888	0.2588	0.8161	0.32	0.7960	89.75	聚集
江苏	球形	$R(h) = -0.0044h^3 - 0.0092h^2 + 0.2202h + 0.4582$	3.4464	0.4582	0.9277	0.49	0.8743	34.78	聚集
安徽	球形	$R(h) = 0.0059h^3 - 0.1513h^2 + 0.5706h + 0.4261$	2.1581	0.4261	1.0122	0.42	0.9588	69.82	聚集
广东	球形	$R(h) = 0.0058h^3 - 0.111h^2 + 0.5187h + 0.0392$	3.0800	0.0392	0.7533	0.05	0.9498	170.28	聚集
浙江	球形	$R(h) = -0.025h^3 + 0.1151h^2 - 0.1155h + 0.9711$	2.4376	0.9711	1.0114	0.96	0.9454	51.95	聚集

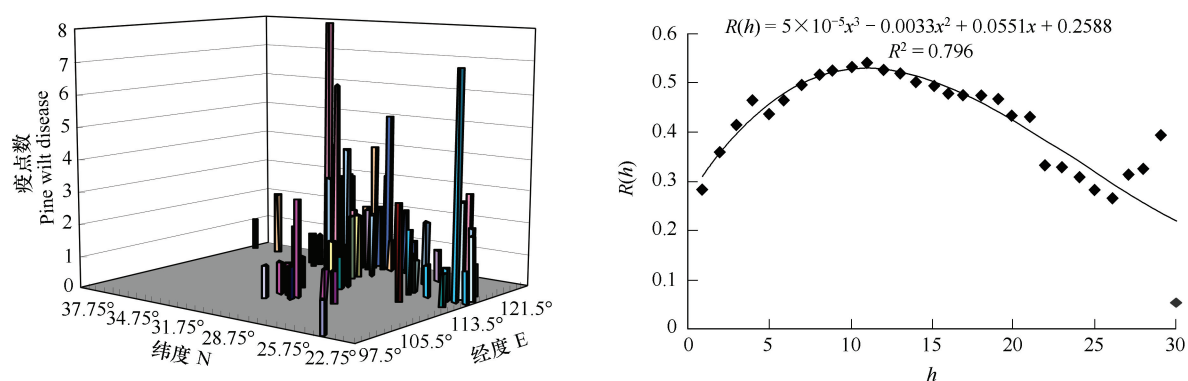


图1 中国松材线虫病疫点分布的三维直方图及实验半变异函数曲线图

Fig. 1 Three-dimensional distributing and the experimental semivariogram of wilt pine disease in China

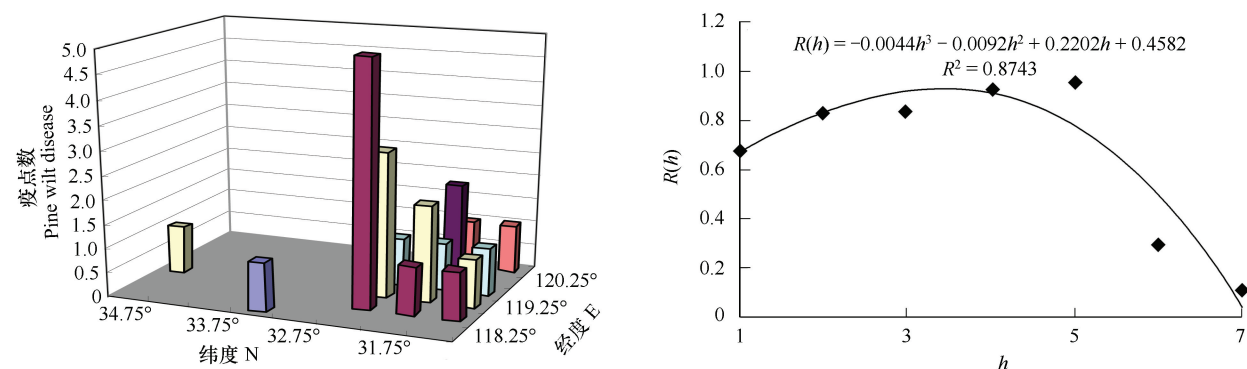


图2 江苏省松材线虫病疫点分布的三维直方图及实验半变异函数曲线图

Fig. 2 Three-dimensional distributing and the experimental semivariogram of wilt pine disease in Jiangsu province

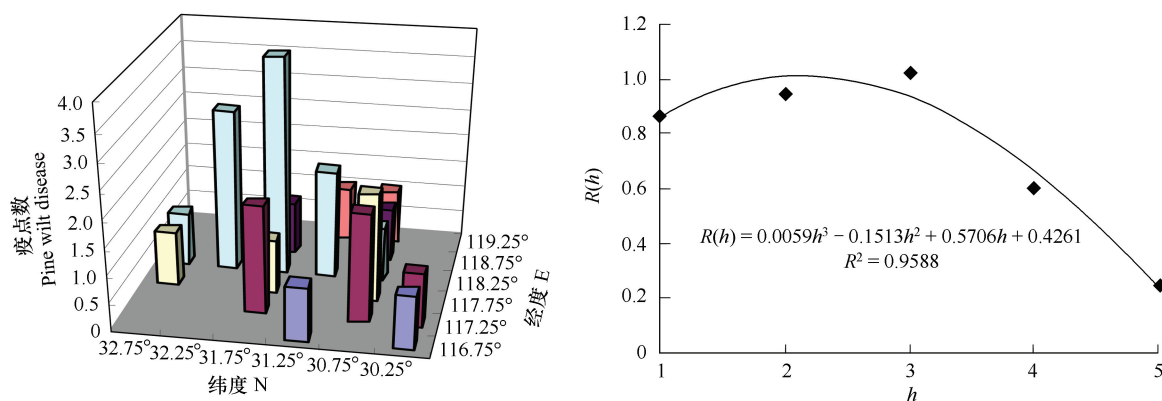


图3 安徽省松材线虫病疫点分布的三维直方图及实验半变异函数曲线图

Fig. 3 Three-dimensional distributing and the experimental semivariogram of wilt pine disease in Anhui province

2.2 中国松材线虫病区域分布的克里格插值(Kriging)分析

地统计学分析形象地描述了松材线虫病疫点在空间分布上的相互依赖关系及其具体分布情况。为客观的描述松材线虫病疫点分布的具体情况,应用 Kriging 插值分析方法作进一步分析。

从图6~图7 明显看出,松材线虫病在中国有着2个明显的聚集分布区域。第1个聚集分布区域为(22.5~24°N, 113~114.5°E)。该区域显示的是广东境内,分布着中国现有14个松材线虫病疫点。第2个

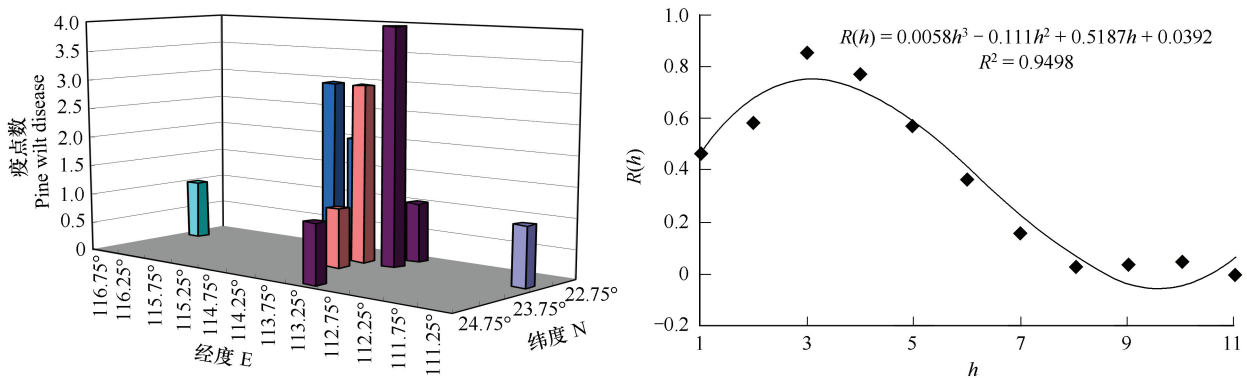


图4 广东省松材线虫病疫点分布的三维直方图及实验半变异函数曲线图

Fig. 4 Three-dimensional distributing and the experimental semivariogram of wilt pine disease in Guangdong Province

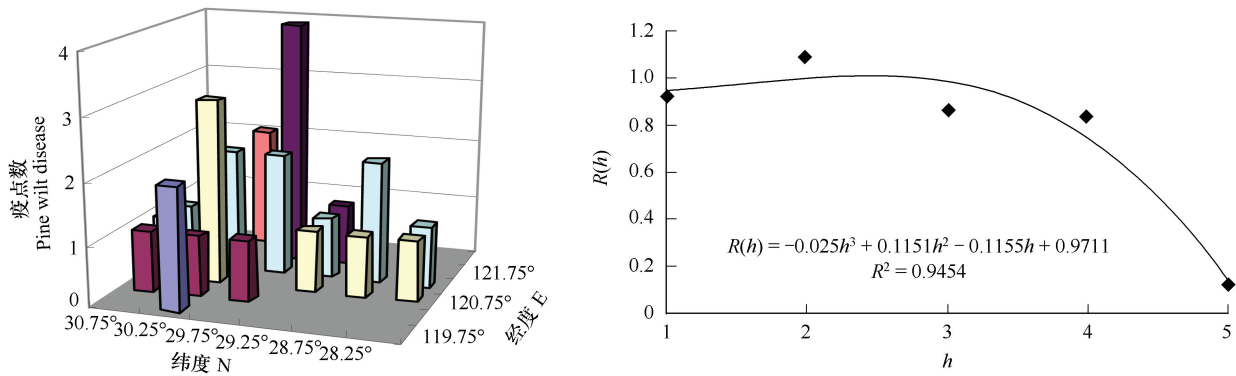


图5 浙江省松材线虫病疫点分布的三维直方图及实验半变异函数曲线图

Fig. 5 Three-dimensional distributing and the experimental semivariogram of wilt pine disease in Zhejiang

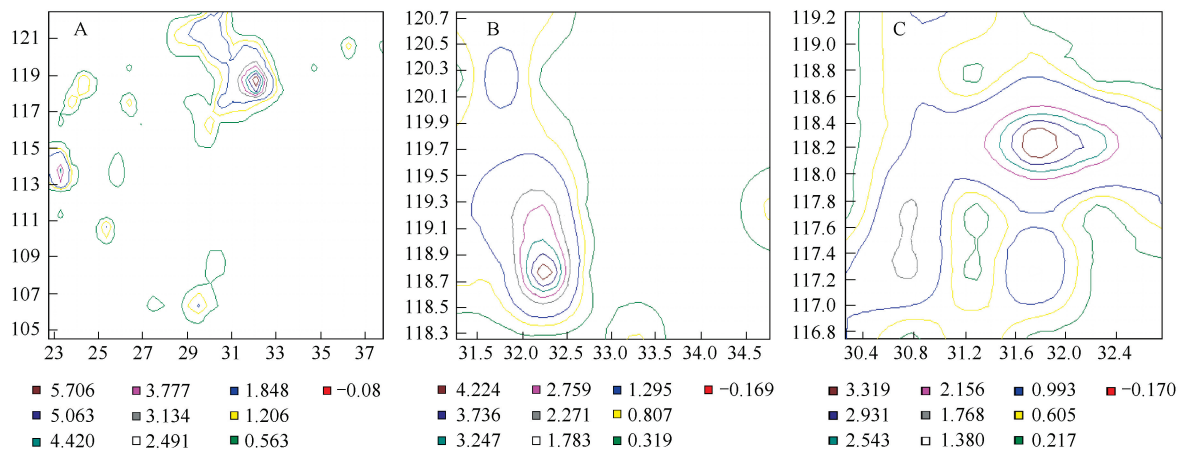


图6 中国松材线虫病疫点聚集分布图

Fig. 6 The disturbing of pine wilt disease

A: 全国; B: 江苏; C: 安徽 横坐标为纬度, 纵坐标为经度 (A: whole county; B: Jiangsu; C: Anhui; X-coordinate(lat.) Y-coordinate(long.))

聚集分布区域分布范围较广(30.5 ~ 32.5°N, 117.7 ~ 120.5°E), 显示的江苏和安徽及浙江西北部, 分布着现有松材线虫病 44 个疫点, 占全国总疫点数的 32.35%。其核心区域在(31.2 ~ 32.5°N, 117.8 ~ 119.8°E), 以江苏南京为中心。

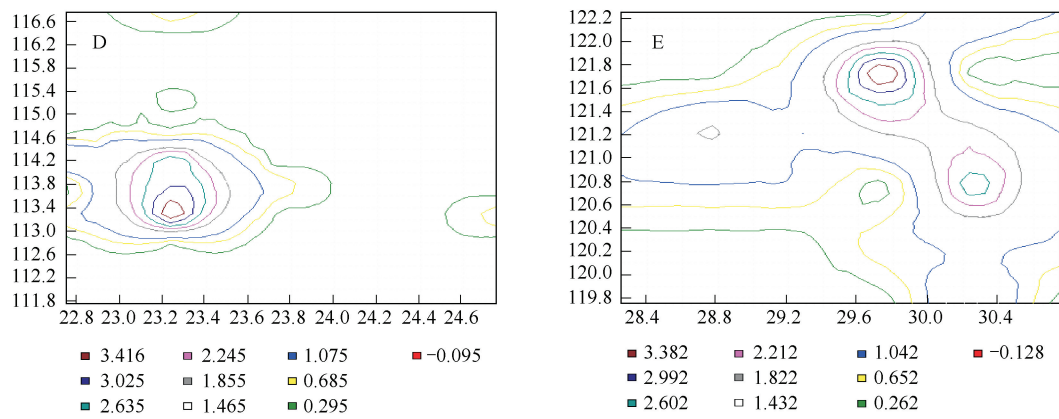


图7 广东(D)和浙江(E)松材线虫病疫点聚集分布图

Fig. 7 The disturbing of pine wilt disease in Guangdong Province(D) and Zhejiang Province(E)

在江苏、安徽、广东和浙江等省,松材线虫病分布也有着明显的聚集区域。在江苏,以(32.25°N,118.75°E)为中心点呈显著性聚集分布,3个以上疫点分布区域为(32~32.5°N,118.6~119°E)。松材线虫病在安徽省的分布相对江苏来说,在区域聚集度上相对较低,但也有一个相对较为突出的聚集分布核区(31.65~31.90°N,118.15~118.35°E)。在广东,松材线虫病以(23.2~23.3°N,113.2~113.5°E)为核心,呈明显的聚集分布。松材线虫病在浙江有2个核心分布区域,分别为(29.55°~29.90°N,121.45~121.90°E)和(30.20~30.35°N,120.70~120.87°E),且前一个聚集分布区较后一个聚集度高。

2.3 松材线虫病在中国早期的空间分布自然扩散模型

为进一步分析松材线虫病在聚集分布区域围绕聚集核心向外围扩散的规律和特征,对苏皖核心区各疫点发生时间和距核心区距离进行了回归模拟(图8)。结果显示,在苏皖核心区,在首次传入后的头9年内,松材线虫病以南京为中心逐年向外扩散,其扩散半径模型为 $R = 5.4743e^{0.4139t}$ ($R^2 = 0.9204$)。其中, R 表示新疫点距核心区的距离,即扩散半径; t 表示距核心区首次发现后的年间距。

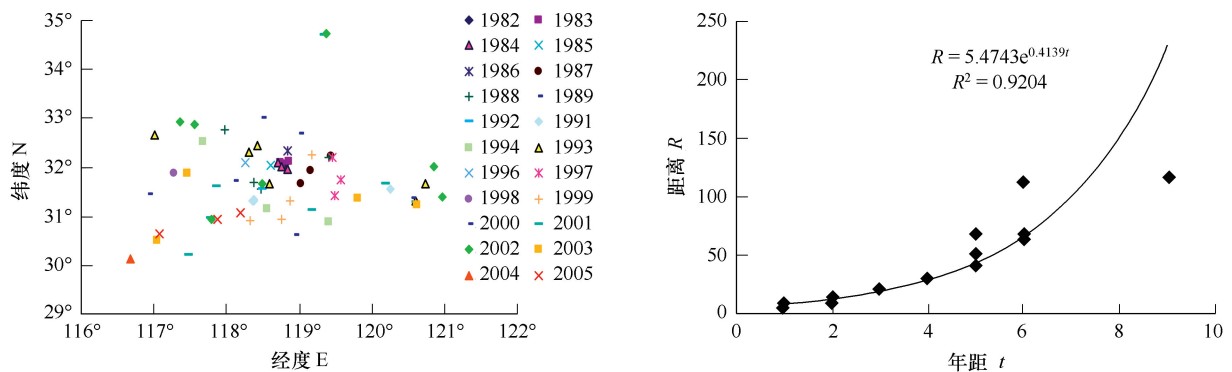


图8 苏皖地区松材线虫病疫点扩散图和扩散距离模型

Fig. 8 The pervasion distance model of pine wilt disease in Jiangsu and Anhui province

3 结果与讨论

3.1 松材线虫病在中国发生具有明显的区域聚集特征,全国及江苏、安徽、广东、浙江等主要发生省的松材线虫病发生疫点的空间半变异函数模型均为球型,在空间格局上呈聚集分布,且疫点与疫点之间存在不同程度的依赖性。

3.2 松材线虫病在中国有2个较为显著的聚集分布区:一个位于(22.5~24°N,113~114.5°E),在广东境内;另一个是(30.5~32.5°N,117.7~120.5°E),涵盖了江苏、安徽的大部和浙江西北部,其核心区域为(31.2

~32.5°N, 117.8~119.8°E), 以江苏南京为中心。

3.3 松材线虫病传入中国早期, 存在一定程度的自然扩散, 其扩散半径模型为 $R = 5.4743e^{0.4139t}$ ($R^2 = 0.9204$)。

3.4 松材线虫病疫点分布空间格局的变化对于探索松材线虫病的发生发展、扩散以及空间分布型的形成具有重要意义。半变异函数模型可用于分析松材线虫病扩散的空间动态格局, 判断空间格局的类型, 评估变量随机性和结构性所占比例, 测定空间依赖范围及决定变量的最大变异方向。地理统计学作为一种分析工具, 与其他空间理论分布分析方法并不是相互排斥而是相互补充的。结合地理信息系统和时间序列的分析可以研究松材线虫病分布动态的空间格局和扩散特征, 并可预测松材线虫病的发生危害范围, 分析影响松材线虫病发生的重要环境因子, 确定松材线虫病发生危害的最适条件和区域, 为林业有害生物种群时空动态研究及探索种群的自然控制机理提供了有力支撑。

References:

- [1] The State Administration of Forestry. Epidemic situation of pine wilt disease in China in 2004. Communication of epidemic situation in forestry, 2005, (1).
- [2] The State Administration of Forestry. The notification about the result of pest control against pine wilt disease in 2005 and the annual mission in 2006. 2006, (26).
- [3] Ding Y Q. Insect Population Mathematics Ecology. Beijing: Science Press, 1980.
- [4] Zou Y D. The effectiveness of native natural enemy in pest management. Beijing: Chinese Forest Press, 1997. 9—10.
- [5] Liebhold A M, Rossi W P. Geostatistics and geographic information systems in applied insect ecology. Ann Rev Entomol, 1993, (38): 303—327.
- [6] Rossi R E, Mulla D J, Journel A G, et al. Geostatistical tools for modeling and interpreting ecological spatial dependence. Ecol Monographs, 1992, 62(2): 277—314.
- [7] Schitzko D J. Effect of sample placement on the geostatistical analysis of the spatial distribution of *Lygus hesperus* (Heteroptera: Miridae) in lentils. J Econ Entomol, 1990, 83(5): 1888—1900.
- [8] Vieira S R, Hatfield J L. Geostatistical theory and application to variability of some agronomical properties. Hilgardia, 1989, 51: 1—75.
- [9] Hou J R, Huang J X. Theory and Method of Geostatistics. Beijing: Geological Publishing House, 1985.
- [10] Shi G S, Li D M. Spatial distribution of masson pine caterpillar pupae and its parasitic natural enemy guilds for the overwintering generation in the different pine forests. Acta Ecologica Sinica, 1997, 7(4): 386—392.
- [11] Wang J, Fu B J, Qiu Y, et al. Spatiotemporal variability of soil moisture in small catchment on Loess Plateau—semivariograms. Acta Geographica Sinica, 2000, 55(4): 428—438.

参考文献:

- [1] 国家林业局. 2004 年全国松材线虫病疫情. 国内林业疫情通报, 2005, (1).
- [2] 国家林业局. 国家林业局关于 2005 年松材线虫病防治任务完成情况和 2006 年防治任务的通知. 2006, 林造发[2006]26 号.
- [3] 丁岩钦. 昆虫种群数学生态学原理. 北京: 科学出版社, 1980.
- [4] 邹运鼎. 害虫管理中的天敌评价理论与应用. 北京: 中国林业出版社, 1997. 9~10.
- [9] 侯景儒, 黄竞先. 地质统计学的原理和方法. 北京: 地质出版社, 1985.
- [10] 石根生, 李典谟. 不同松林马尾松毛虫蛹及其寄生天敌群子的空间格局分析. 生态学报, 1997, 7(4): 386~392.
- [11] 王军, 傅伯杰, 邱扬, 等. 黄土丘陵小流域土壤水分的时空变异特征——半变异函数. 地理学报, 2000, 55(4): 428~438.