

DOI: 10.20103/j.stxb.202312312889

王瑛, 杨采青, 王丽丽, 张露, 张爱兵. 菜粉蝶及其近缘种东方菜粉蝶全球潜在分布区预测. 生态学报, 2024, 44(18): 8185-8195.

Wang Y, Yang C Q, Wang L L, Zhang L, Zhang A B. Prediction for the global potential distribution area of the serious agricultural pest *Pieris rapae* and its closely related species *Pieris canidia*. Acta Ecologica Sinica, 2024, 44(18): 8185-8195.

菜粉蝶及其近缘种东方菜粉蝶全球潜在分布区预测

王 瑛, 杨采青, 王丽丽, 张 露, 张爱兵*

首都师范大学生命科学学院, 北京 100048

摘要:重要农业害虫菜粉蝶(*Pieris rapae*)及其近缘种东方菜粉蝶(*Pieris canidia*)幼虫主要危害十字花科的多种蔬菜和油料作物,对农业粮食安全造成重大威胁。收集到菜粉蝶和东方菜粉蝶分布数据共计 248393 个,其中野外调查收集 361 个。基于上述现存分布点,利用 6 种物种分布模型算法对历史、当代和未来气候条件下两种粉蝶在全球的潜在分布区进行了预测。结果表明:(1)基于去除空间自相关后的 6 个气候变量构建的 13 种算法的模型预测结果中,有 6 种算法的模型评估指标的值高于随机状态(0.5)。(2)当代气候条件下,菜粉蝶的潜在分布区主要包括北美洲、南美洲南部、欧洲西部、中国东南部以及澳大利亚南部;东方菜粉蝶主要分布于南美洲北部和亚洲南部等地区。相比于东方菜粉蝶,菜粉蝶在 3 个时期的潜在分布区面积都要更大,但是东方菜粉蝶在未来气候条件下潜在分布区增加的面积将会更大,具有更高的潜在入侵概率。(3)相比于作为入侵生物的菜粉蝶,其近缘种东方菜粉蝶更能适应高温多雨的气候,面对未来全球变暖的趋势,东方菜粉蝶很有可能成为入侵物种,有必要对其未来气候条件下的潜在分布区,加强虫害监测和防控预报。研究对重要农业害虫菜粉蝶和东方菜粉蝶在不同气候条件下的潜在分布区进行预测和比较,为其防治提供理论依据。

关键词:菜粉蝶;东方菜粉蝶;潜在分布区预测;物种分布模型(SDMs);入侵昆虫

Prediction for the global potential distribution area of the serious agricultural pest *Pieris rapae* and its closely related species *Pieris canidia*

WANG Ying, YANG Caiqing, WANG Lili, ZHANG Lu, ZHANG Aibing*

College of Life Sciences, Capital Normal University, Beijing 100048, China

Abstract: Larvae of the serious agricultural pest *Pieris rapae* and its closely related species *Pieris canidia* mainly harm a variety of Brassicaceae vegetables and oil crops, posing a major threat to agricultural food security. In this study, a total of 248393 occurrence data were collected, among which 361 were collected by field investigation. Based on these occurrence data, six species distribution model algorithms were used to predict the global potential distribution areas of the two species under historical, current and future climate conditions. The results showed that: (1) among the model prediction results of 13 algorithms based on 6 climate variables after removing spatial autocorrelation, the values of 6 model evaluation indicators were higher than the random state (0.5). (2) Under the current climate conditions, the potential distribution areas of *P. rapae* mainly included North America, southern South America, western Europe, southeast China and southern Australia; *P. canidia* was mainly distributed in northern South America and southern Asia. Compared with *P. canidia*, the potential distribution area of *P. rapae* in the three periods was larger, but the potential distribution area of *P. canidia* would increase in the future, with a higher potential invasion probability. (3) Compared with the invasive species, *P. rapae*, its closely related species, *P. canidia*, had a better capacity to adapt to the hot and rainy climate. Faced with the trend of

基金项目:国家自然科学基金项目(32170421,32200343);北京市自然科学基金项目(5232001);“十四五”北京市属高校高水平科研创新团队支持计划(BPHR20220114)

收稿日期:2023-12-31; 网络出版日期:2024-05-20

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zhangab2008@cnu.edu.cn

global warming in the future, *P. canidia* is likely to become an invasive species. Therefore, it is necessary to strengthen pest monitoring, prevention and control forecasting for its potential distribution areas under future climate conditions. This study predicted and compared the potential distribution areas of the two species under different climatic conditions, and provided a theoretical basis for the control of these two serious agricultural pests.

Key Words: *Pieris rapae*; *Pieris canidia*; potential distribution area; species distribution modelling (SDMs); invasive insect

菜粉蝶 (*Pieris rapae*) 隶属于鳞翅目 (Lepidoptera) 粉蝶科 (Pieridae) 菜粉蝶属 (*Pieris*), 是世界上分布最广、数量最多的农林害虫之一。一年多代, 且世代交替, 一个完整世代大约 34—70 d。卵通常散产于叶背, 卵期 4—10 d, 孵化率高, 幼虫分散为害, 喜食叶肉组织, 以蛹越冬^[1]。幼虫食性广, 主要危害十字花科 (Brassicaceae)、菊科 (Asteraceae)、旋花科 (Convolvulaceae) 等 9 个科近 35 种植物^[2], 其中涉及多种蔬菜和油料作物, 如青菜、白菜、油菜等, 对农业粮食安全造成重大威胁。最新的一项全球尺度的研究表明, 菜粉蝶可能最早起源于欧洲东部, 伴随芸薹属 (*Brassica*) 作物的大量种植和丝绸之路的繁盛, 向东入侵到亚洲和西伯利亚, 向西入侵到欧洲西部、北美洲, 然后通过新西兰入侵至澳大利亚^[3]。尽管, 基于公众科学的研究已经获取了大量关于菜粉蝶的全球分布数据, 但是对于当代人类足迹无法到达的区域, 以及过去和未来气候条件下, 菜粉蝶的分布范围及变化趋势的研究, 仍鲜有报道。

东方菜粉蝶 (*Pieris canidia*) 隶属于菜粉蝶属, 是菜粉蝶的近缘种, 幼虫食性和成虫形态与菜粉蝶极为相似^[4], 成虫的野外鉴别特征主要是东方菜粉蝶的体型比菜粉蝶稍大, 后翅外缘有黑色斑点, 而菜粉蝶后翅外缘一般没有黑色斑点 (图 1)。基于数据库的分布数据显示, 东方菜粉蝶主要分布于中国、韩国、越南、日本、老挝、缅甸、柬埔寨、泰国等地区 (图 1)。考虑到其与菜粉蝶极高的系统发育相关性, 推测东方菜粉蝶可能存在全球入侵性, 但是目前鲜有研究对该物种潜在分布区进行预测, 或将其与菜粉蝶进行比较, 这对于十字花科等重要蔬菜种植的虫害预报和防治非常不利。

物种分布模型 (Species distribution models, SDMs) 是用于研究驱动物种范围模式和动态的宏观生态过程的常用工具^[5–6]。SDMs 基于生态位理论, 从物种分布数据提取的气候或其他特征数据, 利用数学模型归纳其生态位需求, 将其投射到目标区域得到该物种的潜在分布范围^[7]。SDMs 通常用于估计物种的栖息地适宜性^[8], 确定物种的环境耐受性^[9], 以及预测物种对气候变化和其他干扰的反应^[10–12]。随着数据可获得性不断提高, 软件可操作性增强, 使得 SDMs 得到前所未有的广泛使用。但是该方法本身其实非常复杂, 需要考虑诸多方面, 包括: 环境变量之间共线性的检验^[13], 伪不分布点的生成策略^[14–16]; 不同算法间的整合^[17–19]以及不同的模型评估指标^[20–21]。这些方面都将影响模型的预测效果, 尤其是算法的选择。虽然最大熵算法 (Maxent) 被证明在有些情况下是更优的^[22–23], 但是在没有进行不同算法比较的基础上就贸然指定某种算法, 这种做法是有待商榷的。

本研究以菜粉蝶和东方菜粉蝶为研究对象, 在全球尺度构建 13 种算法的物种分布模型, 预测两种蝴蝶在古代、当代和未来气候条件下的潜在分布区。从入侵和非入侵物种的角度, 比较二者潜在分布区时间和空间变化情况, 为菜粉蝶的全球防治及其近缘种东方菜粉蝶的潜在入侵性评估提供依据。

1 实验方法

1.1 分布数据获取及预处理

研究收集到菜粉蝶和东方菜粉蝶分布数据共计 248393 个, 其中野外实地调查收集 361 个, 其余均从公共数据库获取, 包括 BOLD (<http://www.boldsystems.org>)、GBIF (<https://www.gbif.org/>, DOI: 10.15468/dl.fafu4u) 和 iNaturalist (<https://www.inaturalist.org/>)。对于原始分布数据, 采用 R 包 “CoordinateCleaner” 内的 *clean_*

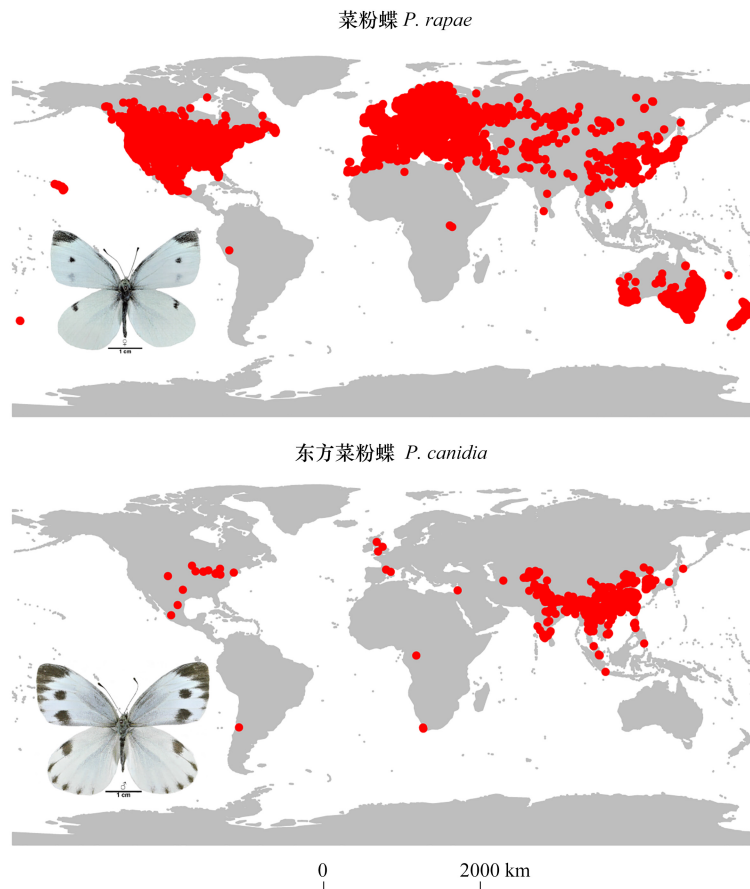


图 1 菜粉蝶和东方菜粉蝶全球分布数据

Fig.1 Global occurrence of *P. rapae* and *P. canidia*

coordinates 函数进行质控,排除分布数据中常见的空间和时间错误^[24]。为了避免分布点数据过多造成的空间自相关,我们依据气候图层的栅格精度对质控后的分布数据进行稀疏化,确保每个栅格内只保留一个分布记录,用于后续的气候数据提取。

1.2 时间场景和气候变量的筛选

近期研究表明,19 个气候因子中的复合因子会影响建模的效果^[25],因此本研究构建物种分布模型时,去除了 Bio08(最湿季均温)、Bio09(最干季均温)、Bio18(最暖季降水量)和 Bio19(最冷季降水量),使用其余的 15 个气候因子,采用 PEARSON 相关性检验的方法进行气候因子共线性分析,阈值设置为 0.7,并使用 R 包“corrplot”^[26]的 *corrplot* 函数进行可视化。历史气候数据选用末次盛冰期(LGM),版本为 WorldClim 1.4,全球气候模型选择 CCSM4。当代气候是基于 1970—2000 年的历史数据,版本为 WorldClim version 2.1。未来气候数据时间段为 2081—2100 年,版本为 WorldClim version 2.1(CMIP6),全球气候模型选择 BCC-CSM2-MR,共享社会经济路径情景选用 SSP585。以上气候变量的空间分辨率均为 10 arc-minutes。本研究选用的所有气候因子均下载自 WorldClim 数据库(<https://www.worldclim.org/>)。

1.3 模型拟合、映射和评估

本研究使用 R 包“ENMTML”^[27]中的 *ENMTML* 函数,分别预测两种粉蝶在三个时间段的全球潜在分布区。伪不分布点在气候上基于 Bioclim 模型受到约束,同时在地理空间上基于地理缓冲区,远离现有的发生数据 14 km 以外,其中 14 km 主要参考已有研究中黑脉金斑蝶(*Danaus plexippus*)飞行磨实验中的单次飞行最远距离^[28],伪不分布点数量与实际分布点数量一致。为了测试并比较不同 SDM 算法的效果,本研究选用了 13

种常用的模型预测算法,通过 7 种评估质量模型的指数,选择对两种蝴蝶均有较好预测效果的 6 种模型进行后续分析。所涉及的模型包括最大熵模型(Maxent simple, MXS)^[29—30]、广义线性模型(Generalized Linear Model, GLM)、广义可加模型(Generalized Additive Model, GAM)、高斯过程(Gaussian Process Usage, GAU)、随机森林模型(Random Forest, RDF)^[31]和支持向量机模型(Support Vector Machine, SVM)^[32]。为了提高模型后期验证的准确性,本研究采用十折交叉验证。模型评估采用的 7 种指标,包括受试者操作特征曲线下面积(Area Under Curve, AUC)、真实技巧统计值(True Skill Statistics, TSS)、Kappa 系数、Jaccard 系数、Sorensen 系数、Boyce 指数和遗漏率 OR。其中,除遗漏率 OR 为越接近 0 值时模型效果越好外,其余指数均为越接近 1 时模型效果越好,因而本研究在绘图时采用 1-OR,对其结果进行展示。本研究以最佳算法的平均值,即 TSS 值超过平均值的算法,对 6 种模型的预测结果进行整合,得到物种在每个栅格内最终的分布概率^[33],每个单独的模型和整合后的模型都以灵敏度与特异度和的最大值(MAX_TSS)作为划分存在-缺失的阈值,将连续概率分布转化为二元分布^[21]。

1.4 气候适应性差异

本研究采用两种方法比较菜粉蝶和东方菜粉蝶在气候生态位上的差异。第一种方法分别对两种蝴蝶实际分布点的 19 个气候因子进行逐对的差异显著性检验;第二种方法则基于 Bray-Curtis 距离采用非度量多维尺度分析(NMDS)对 19 个气候因子整体(Bio01—19)、温度相关变量(Bio01—11)和降水相关变量(Bio12—19)分别进行降维比较。以上分析分别采用 R 包“ggpubr”^[34]和“vegan”^[35]完成。

2 结果

2.1 分布数据与气候因子确定

经过数据稀疏化,菜粉蝶得到有效分布点 24982 个,东方菜粉蝶为 1160 个(图 1)。变量共线性分析结果如图 2 所示,图中蓝色圆圈越大/颜色越深,表明两个气候变量之间正相关性越大,红色圆圈越大/颜色越深,表明两个气候因子之间负相关性越大。经过变量共线性筛选,本研究最终选用 Bio02(气温日较差)、Bio05(最暖月最高温)、Bio07(气温年较差)、Bio13(最湿月降水量)、Bio14(最干月降水量)和 Bio15(降水季节性变化)物种分布模型的(图 2)。

2.2 模型评估结果

6 种算法模型评估结果显示,菜粉蝶和东方菜粉蝶的建模结果均较好(图 3),遗漏率均低于 0.0603(东方菜粉蝶的最大熵模型),菜粉蝶 6 种模型的其他评估指标都高于随机状态下的 0.5;东方菜粉蝶除了 Boyce 指数为 0.6989 以外(整合平均最优模型),其他指标均高于 0.75。菜粉蝶和东方菜粉蝶 7 种指标中的 6 种均显示随机森林算法构建模型最优,而最差模型则是最大熵模型。

2.3 气候适应性差异

菜粉蝶和东方菜粉蝶气候适应性差异的分析结果均显示,二者在气候适应方面存在显著差异(图 4,图 5)。19 个气候因子逐对差异显著性结果显示,在温度方面,菜粉蝶适应更低的平均温度(Bio01、Bio08—11)、更大的温度差异(Bio02—04、Bio07)和更低的低温(Bio06)(图 4);东方菜粉蝶则耐受更高的高温(Bio05)(图 4)。在降水方面,东方菜粉蝶适应更高的年平均降水量(Bio12)、最湿季降水量(Bio16)和最湿月降水量(Bio13),更低的最干季降水量(Bio17)和最干月降水量(Bio14),同时其降水季节性变化(Bio15)也显著更高(图 4)。东方菜粉蝶分布区的最暖季降水量(Bio18)显著更高(雨热同期),而菜粉蝶则是最冷季降水量(Bio19)显著更高(雨热不同期)(图 4)。非度量多维尺度分析(NMDS)结果也显示,无论将 19 个气候因子作为整体,还是将气候因子按温度组和降水组分别考虑,菜粉蝶和东方菜粉蝶在气候因子方面均存在显著差异($P < 0.001$)(图 5)。

2.4 不同时期两种蝴蝶的潜在分布区预测结果

末次盛冰期气候条件下,菜粉蝶全球潜在分布区主要包括北美洲沿海、南美洲、欧洲西部、非洲南部、亚洲

15个气候因子共线性分析结果

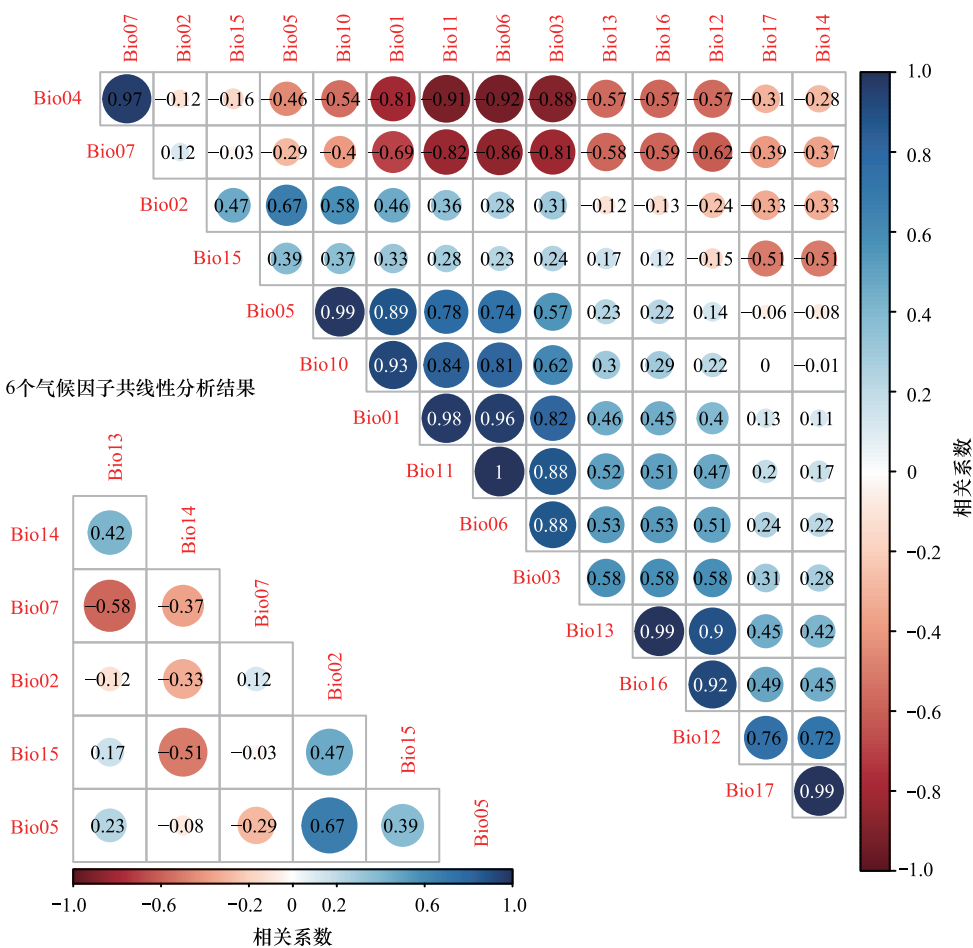


图2 气候因子共线性分析

Fig.2 Correlation analysis of bioclimatic variables

Bio01: 年平均气温、Bio02: 气温日较差、Bio03: 等温性、Bio04: 气温季节性变化、Bio05: 最暖月最高温、Bio06: 最冷月最低温、Bio07: 气温年较差、Bio10: 最暖季均温、Bio11: 最冷季均温、Bio12: 年平均降水量、Bio13: 最湿月降水量、Bio14: 最干月降水量、Bio15: 降水季节性变化、Bio16: 最湿季降水量、Bio17: 最干季降水量

南部和澳大利亚沿海地区; 东方菜粉蝶主要分布于赤道附近的低纬度地区以及各大洲的沿海地区(图6)。当代气候条件下, 菜粉蝶全球潜在分布区主要包括北美洲、南美洲南部、欧洲西部、中国东南部以及澳大利亚南部(图6); 东方菜粉蝶主要分布于南美洲北部和亚洲南部等地区(图6)。未来气候条件下, 菜粉蝶全球潜在分布区主要包括除了美国中部、非洲北部以及亚洲的西部和北部地区以外的区域(图6); 东方菜粉蝶主要分布于北美北部沿海、南美、欧洲、非洲南部、亚洲南部和澳大利亚沿海地区(图6)。随着时间的推移, 菜粉蝶和东方菜粉蝶的潜在分布区面积都在变大, 期间菜粉蝶的分布区面积始终要比东方菜粉蝶范围更广(图6, 表1)。值得注意的是, 东方菜粉蝶从当代到未来范围扩张的面积要比菜粉蝶更大(表1)。

3 讨论

3.1 模型整合的必要性

在物种分布建模过程中, 前人的研究一般依据多个模型评估指标, 在相同的建模数据基础上对不同算法构建的模型结果进行检验, 选择统计学上精度最高的算法^[36-37]。然而模型评估指标之间也可能出现不一致情况, 如本研究中, 两种蝴蝶 Boyce 指数值最高的模型和其他指数最高值对应的模型都不一致, 而且种间也存在

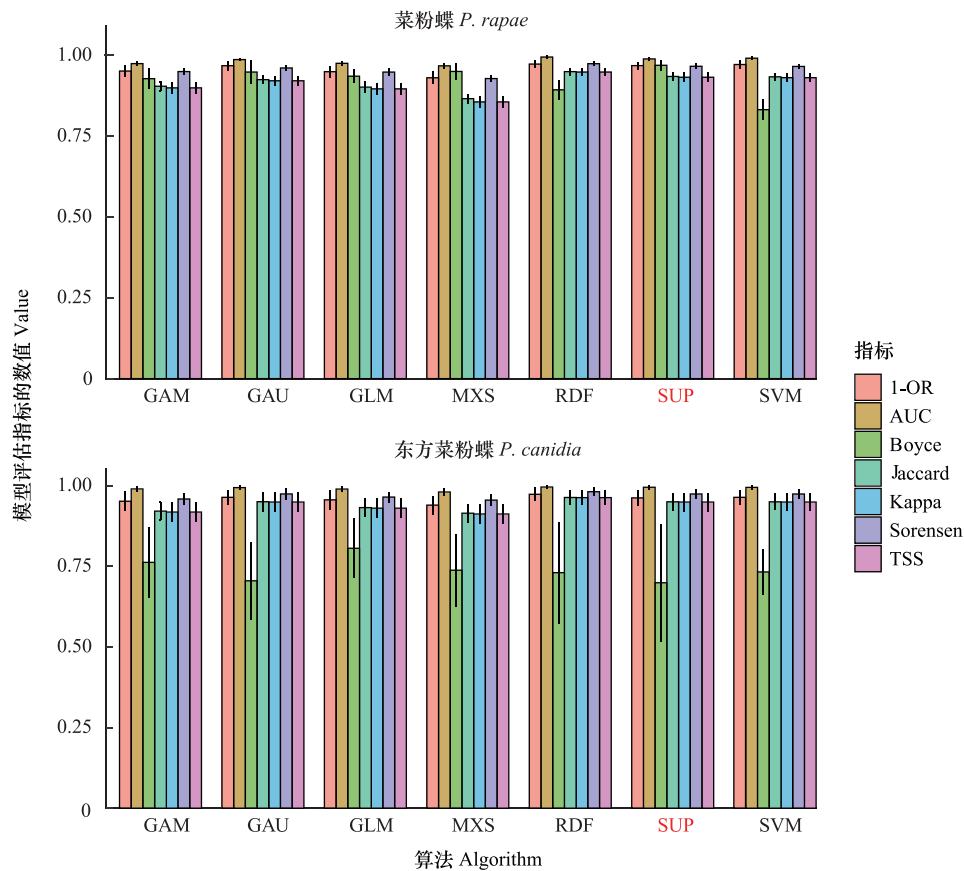


图 3 菜粉蝶和东方菜粉蝶 6 种算法单独建模和整合建模的模型评估结果

Fig.3 The model evaluation results of the six algorithms modeling and ensemble modeling of *P. rapae* and *P. canidia*

GAM:广义可加模型 Generalized Additive Model、GAU:高斯过程 Gaussian Process Usage、GLM:广义线性模型 Generalized Linear Model、MXS:最大熵模型 Maxent simple、RDF:随机森林模型 Random Forest、SUP:最佳算法的平均值 Average of the best models、SVM:支持向量机模型 Support Vector Machine;1-OR:1 减去遗漏率、AUC:受试者操作特征曲线下面积 Area Under Curve、Boyce:Boyce 指数、Jaccard:Jaccard 系数、Kappa:Kappa 系数、Sorensen:Sorensen 系数、TSS:真实技巧统计值 True Skill Statistics

表 1 菜粉蝶和东方菜粉蝶在历史、当代和未来气候条件下潜在分布区面积变化

Table 1 Area changes of the potential distribution areas of *P. rapae* and *P. canidia* under LGM, current and future climatic conditions

面积类型 Class	菜粉蝶潜在分布区面积/(10 ⁶ × km ²) Potential distribution area of <i>P. rapae</i>	东方菜粉蝶潜在分布区面积/(10 ⁶ × km ²) Potential distribution area of <i>P. canidia</i>
只有末次盛冰期有 The area present only at LGM		0.0003
只有当代有 The area present only at current	11.94	2.95
只有未来有 The area present only at future	17.00	49.23
只有未来没有 The area absent only at future	0.01	0.002
只有当代没有 The area absent only at current	34.25	14.87
只有末次盛冰期没有 The area absent only at LGM	25.86	13.97
一直都有 The area present forever	26.69	2.52
末次盛冰期的分布面积 The area absent at LGM	61.03	17.40
当代的分布面积 The area absent at current	64.50	19.45
未来的分布面积 The area present at future	103.81	80.60
末次盛冰期到当代的面积净变化 Net area present from LGM to current	3.47	2.05
当代到未来的面积净变化 Net area present from current to future	39.31	61.15
末次盛冰期到未来的净面积变化 Net area present from LGM to future	42.77	63.19

LGM:末次盛冰期 Last Glacial Maximum;不同时间段面积比较的净变化等于后一时期的面积减去前一时期的面积,正值表示面积增加,负值表示面积减少

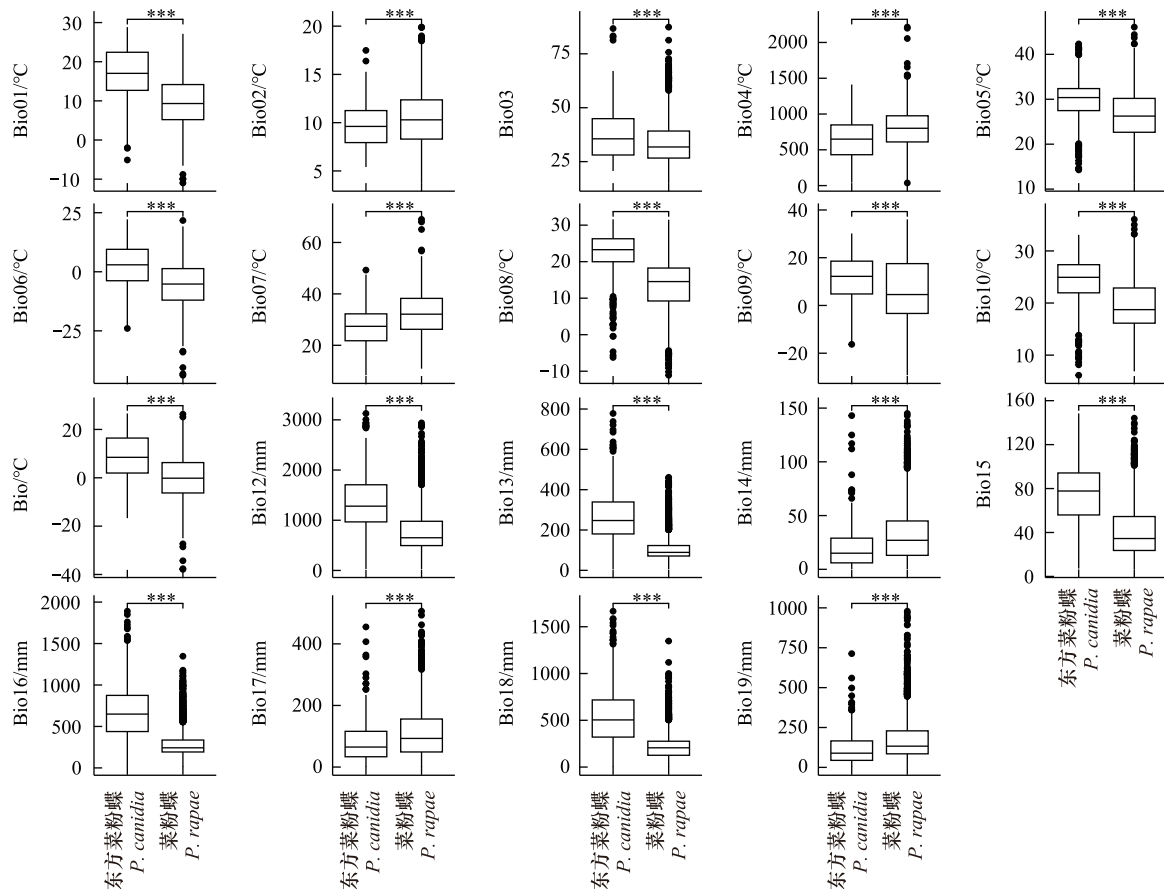


图4 菜粉蝶和东方菜粉蝶对 19 气候因子的适应性差异比较

Fig.4 Comparison of the difference of adaptation to 19 bioclimatic variables between *P. rapae* and *P. canidia*

在差异。此外最优的模型算法不一定在所有建模条件下都能达到统计学最优,也不一定有效地降低普遍存在的抽样偏差^[38]。因此为了减少模型的不确定性,提高模型的准确性,使用整合模型(Ensemble model)进行预测已成为物种分布研究的趋势^[39-40]。整合模型将主要趋势和所有模型的总体变化进行映射,并集成不同算法模型的优势,如变量的重要性或模型响应曲线^[39, 41]。本研究通过整合 TSS 值超过平均值的算法,对 6 种算法的预测结果进行整合,最后得到每个物种在每个栅格内最终的分布概率。

3.2 菜粉蝶和东方菜粉蝶气候适应性及分布范围的比较

基于 19 个气候因子的逐对差异显著性检验和非度量多维尺度分析结果均显示,菜粉蝶和东方菜粉蝶在温度和湿度适应方面具有显著差异(图 4),表明二者的气候生态位已经发生显著分化。温度的比较结果显示,东方菜粉蝶更适应高温环境(Bio01、Bio03、Bio05、Bio06、Bio08、Bio09、Bio10、Bio11),而菜粉蝶能适应更剧烈的温度变化(Bio02、Bio04、Bio07)。降水量的比较结果显示,东方菜粉蝶在最湿月(Bio13)、最湿季度(Bio16)以及全年(Bio12)都可以适应更高的降水量,同时还可以在最干月(Bio14)和最干季(Bio17)适应更低的降水,体现出极宽的降水适应生态幅,可以应对剧烈的降水季节性变化。最暖季(Bio18)和最冷季(Bio19)的降水比较结果显示,东方菜粉蝶更适应雨热同期的气候,例如季风气候;而菜粉蝶更适应雨热不同期的气候,例如地中海气候。

随着时间的推移,菜粉蝶和东方菜粉蝶的分布区面积都逐渐扩大(图 6;表 1),且菜粉蝶 3 个时期的潜在分布区范围都比东方菜粉蝶大(图 6,表 1),这与当代全球实际分布点范围相一致(图 1)。但值得注意的是,相较于当代,东方菜粉蝶在未来气候条件下,分布区面积的净增加量将超过菜粉蝶,将增加约 6114 万 km²,主要包括北美洲北部、南美洲南部及沿海地区,欧洲沿海地区、非洲南部、中国西部地区以及澳大利亚沿海地区。

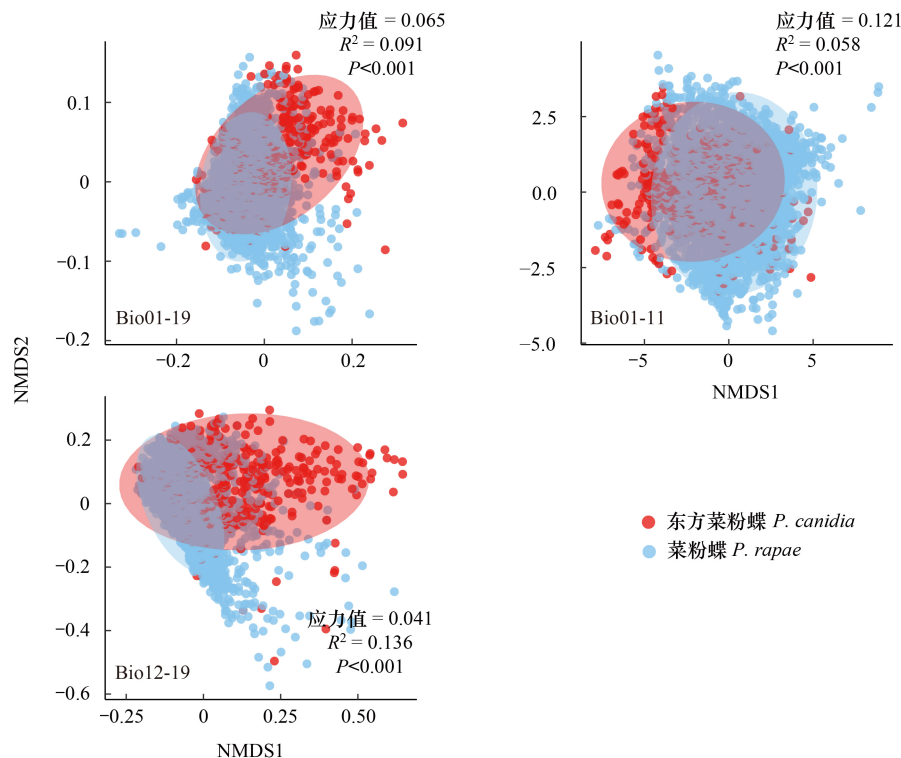


图5 19个气候因子的非度量多维尺度分析

Fig.5 Non-metric multidimensional scaling results of 19 bioclimatic variables

结合东方菜粉蝶对温度和湿度的适应性,本研究推测,未来东方菜粉蝶相比于菜粉蝶会具有更广的扩散面积,可能与它更能适应未来变暖的气候条件有关。

3.3 菜粉蝶和东方菜粉蝶的全球防治

目前菜粉蝶的分布点数据的收集主要来自南美洲、欧洲、亚洲南部和澳洲部分地区(图1),但是当代的潜在分布区预测结果显示,南美洲南部、非洲南部也非常适合菜粉蝶生存,有必要加强在这两个区域的虫害监测和预报(图6)。东方菜粉蝶的分布点数据主要来自亚洲南部地区,而在其他大洲零星出现,不排除存在野外环境下东方菜粉蝶由于后翅破损,导致无法识别后翅外缘的黑斑,而被误认为是菜粉蝶的情况。基于现有的分布数据的预测结果显示,南美洲北部地区也同样适合东方菜粉蝶生存(图6),该地区可能需要提高检验力度,防止菜粉蝶随着蔬菜和油料作物的进出口贸易,而被引入。

野外样线监测发现,菜粉蝶和东方菜粉蝶经常出现混合发生的情况。本研究也将二者当代和未来气候条件下的潜在分布区进行了叠加,结果显示,目前二者的分布重叠区域主要位于中国东部、朝鲜半岛和日本,而在未来气候条件下,二者的重叠区将遍及6大洲(图7)。基于二者形态和食性具有极高的相似性,结合东方菜粉蝶更偏好高温多雨的气候且更能耐受干旱的特点,本研究建议,在目前在防治菜粉蝶的同时需要提高对东方菜粉蝶危害情况的监测,避免未来气候条件下二者同时爆发,严重危害农业粮食安全。

4 结论

菜粉蝶和东方菜粉蝶虽然形态和食性非常相似,但是二者的气候生态位已经发生了显著分化:东方菜粉蝶更适应高温环境,可以应对剧烈的降水季节性变化,且更适应雨热同期的气候;菜粉蝶能适应更剧烈的温度变化,应对更低温的环境,且更适应雨热不同期的气候。在历史、当代和未来气候条件下,两种蝴蝶全球范围内的潜在分布区都一直在扩大。其中有必要在南美洲南部、非洲南部加强对菜粉蝶的虫害监测和预警。此外,未

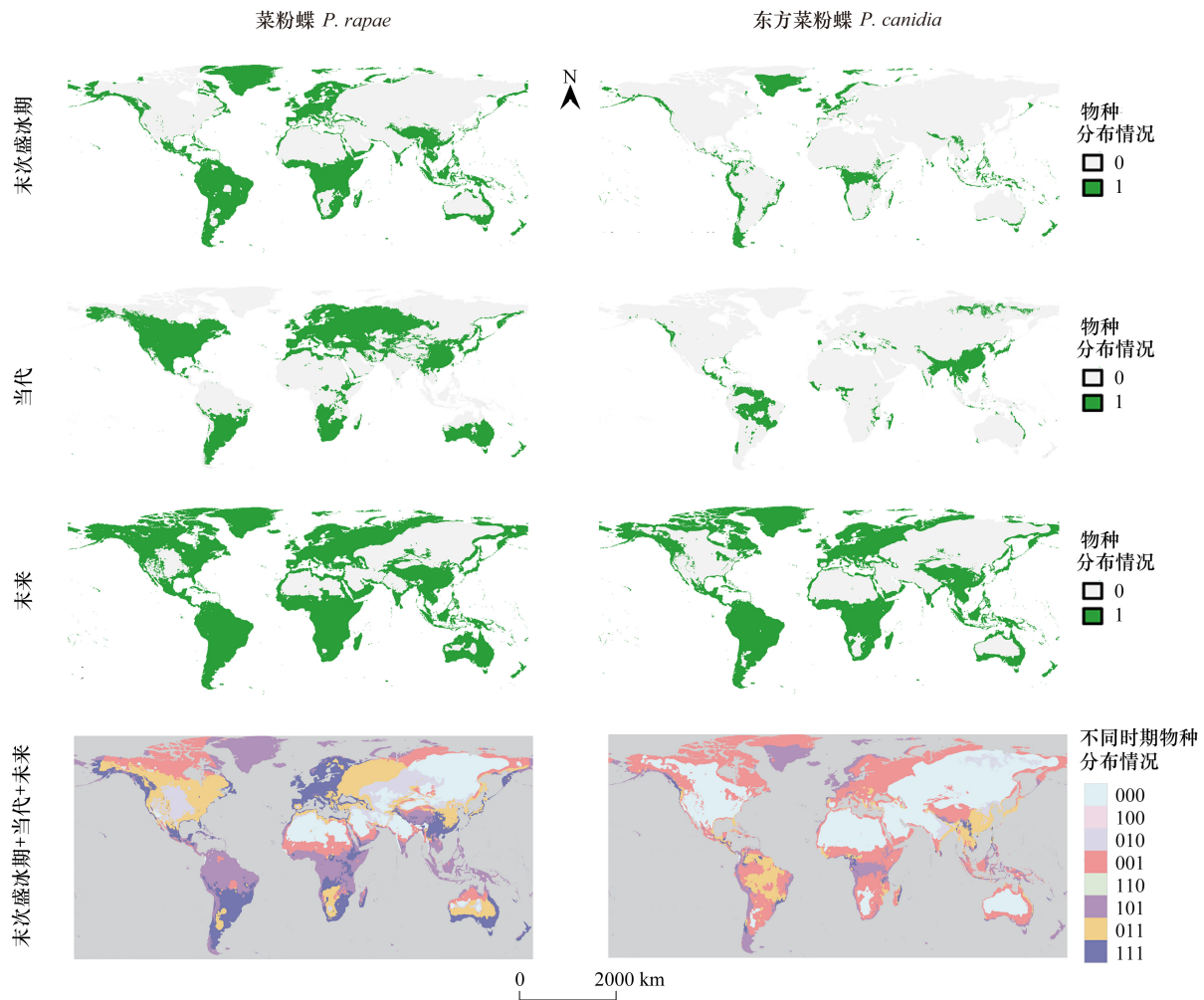


图6 菜粉蝶和东方菜粉蝶在历史、当代和未来气候条件下潜在分布区预测及动态变化

Fig.6 Prediction and dynamic changes of the potential distribution areas of *P. rapae* and *P. canidia* under LGM, current and future climatic conditions

0 表示没有分布,1 表示有分布

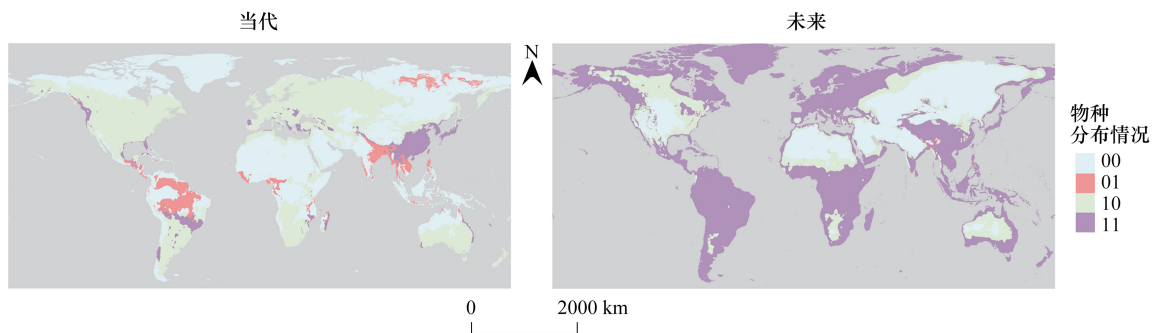


图7 菜粉蝶和东方菜粉蝶当代和将来气候条件下潜在分布区叠加

Fig.7 Overlap of the potential distribution areas of *P. rapae* and *P. canidia* under current and future climatic conditions

物种分布情况第一列是菜粉蝶的分布,第二列是东方菜粉蝶的分布情况

来气候条件下,在东方菜粉蝶具有巨大入侵风险的区域也需要做好虫害预警和防控,防止两种害虫同时爆发,造成重大农业损失。本研究为菜粉蝶的全球防治及其近缘种东方菜粉蝶的潜在入侵性评估提供了依据。

参考文献 (References):

- [1] 赵嘉德, 解天龙, 业荣. 菜粉蝶世代及生活史规律研究. 农村实用技术, 2016, (2): 33-35.
- [2] 毛增辉, 郝家胜, 朱国萍, 胡静, 司曼曼, 朱朝东. 菜粉蝶线粒体基因组的全序列测定和分析. 昆虫学报, 2010, 53(11): 1295-1304.
- [3] Ryan S F, Lombaert E, Espeset A, Vila R, Talavera G, Dincă V, Doellman M M, Renshaw M A, Eng M W, Hornett E A, Li Y Y, Pfrender M E, Shoemaker D. Global invasion history of the agricultural pest butterfly *Pieris rapae* revealed with genomics and citizen science. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2019, 116(40): 20015-20024.
- [4] Okamura Y, Sato A, Tsuzuki N, Murakami M, Heide-Fischer H, Vogel H. Molecular signatures of selection associated with host plant differences in *Pieris* butterflies. Molecular Ecology, 2019, 28(22): 4958-4970.
- [5] Elith J, Leathwick J R. Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. Annual Review of Ecology Evolution and Systematics, 2009, 40: 677-697.
- [6] Booth T H, Nix H A, Busby J R, Hutchinson M F. BIOCLIM: the first species distribution modelling package, its early applications and relevance to most current MAXENT studies. Diversity and Distributions, 2014, 20(1): 1-9.
- [7] Barbosa A M, Sillero N, Martínez-Freiría F, Real R. Ecological niche models in Mediterranean herpetology: past, present, and future. // Zhang W J. Ecological Modelling. Hauppauge: Nova Science Publishers, 2012: 173-204.
- [8] Guisan A, Thuiller W. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. Ecology Letters, 2005, 8(9): 993-1009.
- [9] Sunday J M, Bates A E, Dulvy N K. Thermal tolerance and the global redistribution of animals. Nature Climate Change, 2012, 2(9): 686-690.
- [10] Thomas C D, Cameron A, Green R E, Bakkenes M, Beaumont L J, Collingham Y C, Erasmus B F N, de Siqueira M F, Grainger A, Hannah L, Hughes L, Huntley B, van Jaarsveld A S, Midgley G F, Miles L, Ortega-Huerta M A, Townsend Peterson A, Phillips O L, Williams S E. Extinction risk from climate change. Nature, 2004, 427(6970): 145-148.
- [11] Morón-Ordóñez A, Lahoz-Monfort J J, Elith J, Wintle B A. Evaluating 318 continental-scale species distribution models over a 60-year prediction horizon: what factors influence the reliability of predictions? Global Ecology and Biogeography, 2017, 26(3): 371-384.
- [12] Iverson L R, Prasad A M, Matthews S N, Peters M. Estimating potential habitat for 134 eastern US tree species under six climate scenarios. Forest Ecology and Management, 2007, 254(3): 390-406.
- [13] De Marco Júnior P, Nóbrega C C. Evaluating collinearity effects on species distribution models: an approach based on virtual species simulation. PLoS One, 2018, 13(9): e0202403.
- [14] Engler R, Guisan A, Rechsteiner L. An improved approach for predicting the distribution of rare and endangered species from occurrence and pseudo-absence data. Journal of Applied Ecology, 2004, 41(2): 263-274.
- [15] Barbet-Massin M, Jiguet F, Albert C H, Thuiller W. Selecting pseudo-absences for species distribution models: how, where and how many? Methods in Ecology and Evolution, 2012, 3(2): 327-338.
- [16] Senay S D, Worner S P, Ikeda T. Novel three-step pseudo-absence selection technique for improved species distribution modelling. PLoS One, 2013, 8(8): e71218.
- [17] Marmion M, Parviainen M, Luoto M, Heikkinen R K, Thuiller W. Evaluation of consensus methods in predictive species distribution modelling. Diversity and Distributions, 2009, 15(1): 59-69.
- [18] Thuiller W, Lafourcade B, Engler R, Araújo M B. BIOMOD-a platform for ensemble forecasting of species distributions. Ecography, 2009, 32(3): 369-373.
- [19] Hao T X, Elith J, Guillera-Arroita G, Lahoz-Monfort J J. A review of evidence about use and performance of species distribution modelling ensembles like BIOMOD. Diversity and Distributions, 2019, 25(5): 839-852.
- [20] Leroy B, Delsol R, Hugué B, Meynard C N, Barhoumi C, Barbet-Massin M, Bellard C. Without quality presence-absence data, discrimination metrics such as TSS can be misleading measures of model performance. Journal of Biogeography, 2018, 45(9): 1994-2002.
- [21] Allouche O, Tsoar A, Kadmon R. Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, kappa and the true skill statistic (TSS). Journal of Applied Ecology, 2006, 43(6): 1223-1232.
- [22] Elith J, Graham C H, Anderson R P, Dudík M, Ferrier S, Guisan A, Hijmans R J, Huettmann F, Leathwick J R, Lehmann A, Li J, Lohmann L G, Loiselle B A, Manion G, Moritz C, Nakamura M, Nakazawa Y, McC M Overton J, Townsend Peterson A, Phillips S J, Richardson K, Scachetti-Pereira R, Schapire R E, Soberón J, Williams S, Wisz M S, Zimmermann N E. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. Ecography, 2006, 29(2): 129-151.
- [23] Phillips S J, Dudík M. Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. Ecography, 2008, 31(2): 161-175.

- [24] Zizka A, Silvestro D, Andermann T, Azevedo J, Ritter C D, Edler D, Farooq H, Herdean A, Ariza M, Scharn R, Svantesson S, Wengstrom N, Zizka V, Antonelli A. CoordinateCleaner: standardized cleaning of occurrence records from biological collection databases. *Methods in Ecology and Evolution*, 2019, 10(5): 744-751.
- [25] Booth T H. Checking bioclimatic variables that combine temperature and precipitation data before their use in species distribution models. *Austral Ecology*, 2022, 47(7): 1506-1514.
- [26] Wei T, Simko V. (2021). R package 'corrplot': visualization of a correlation matrix. R package version 0.92. URL <https://CRAN.R-project.org/package=corrplot>.
- [27] de Andrade A F A, Velazco S J E, De Marco P Jr. ENMTML: an R package for a straightforward construction of complex ecological niche models. *Environmental Modelling & Software*, 2020, 125: 104615.
- [28] Davis A K, Chi J, Bradley C, Altizer S. The redder the better: wing color predicts flight performance in monarch butterflies. *PLoS One*, 2012, 7(7): e41323.
- [29] Phillips S J, Anderson R P, Schapire R E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 2006, 190(3/4): 231-259.
- [30] Phillips S J, Anderson R P, Dudík M, Schapire R E, Blair M E. Opening the black box: an open-source release of Maxent. *Ecography*, 2017, 40(7): 887-893.
- [31] Prasad A M, Iverson L R, Liaw A. Newer classification and regression tree techniques: Bagging and random forests for ecological prediction. *Ecosystems*, 2006, 9(2): 181-199.
- [32] Guo Q H, Kelly M, Graham C H. Support vector machines for predicting distribution of Sudden Oak Death in California. *Ecological Modelling*, 2005, 182(1): 75-90.
- [33] Velazco S J E, Villalobos F, Galvão F, De Marco P Jr. A dark scenario for Cerrado plant species: effects of future climate, land use and protected areas ineffectiveness. *Diversity and Distributions*, 2019, 25(4): 660-673.
- [34] Kassambara A. (2023). ggpubr: 'ggplot2' based publication ready plots. R package version 0.6.0. URL <https://rpkgs.datanovia.com/ggpubr/>.
- [35] Dixon P. VEGAN, a package of R functions for community ecology. *Journal of Vegetation Science*, 2003, 14(6): 927-30.
- [36] 许仲林, 彭焕华, 彭守璋. 物种分布模型的发展及评价方法. *生态学报*, 2015, 35(2): 557-567.
- [37] Li X H, Wang Y. Applying various algorithms for species distribution modelling. *Integrative Zoology*, 2013, 8(2): 124-135.
- [38] Randin C F, Dirnböck T, Dullinger S, Zimmermann N E, Zappa M, Guisan A. Are niche-based species distribution models transferable in space? *Journal of Biogeography*, 2006, 33(10): 1689-1703.
- [39] Guisan A, Thuiller W, Zimmermann N E. *Habitat Suitability and Distribution Models: With Applications in R*. Cambridge: Cambridge University Press, 2017.
- [40] Grenouillet G, Buisson L, Casajus N, Lek S. Ensemble modelling of species distribution: the effects of geographical and environmental ranges. *Ecography*, 2011, 34(1): 9-17.
- [41] Buisson L, Thuiller W, Casajus N, Lek S, Grenouillet G. Uncertainty in ensemble forecasting of species distribution. *Global Change Biology*, 2010, 16(4): 1145-1157.