

外来入侵害虫橄榄果蝇 *Bactrocera oleae* 在中国的适生区预测*

张 雪, 李白尼, 魏 武, 张文军
(中山大学生命科学学院, 广东 广州 510275)

摘 要: 基于两种常用的生态位模型 GARP 和 MAXENT, 通过模拟橄榄果蝇的生态需求, 分析了其在中国的适宜生境, 结合地理信息系统 GIS 从而模拟出橄榄果蝇在中国的潜在地理分布区。该研究在理论上为掌握橄榄果蝇的扩散趋势和监测范围提供指导。研究表明, GARP 模型预测我国南方大部分地区为橄榄果蝇的适生区; MAXENT 模型的预测结果显示我国西南三省云贵川以及广西为橄榄果蝇的适生区。综合分析, 我国云南、四川和贵州的部分地区为橄榄果蝇的高度适生区, 对于此地区应该加强对该虫的检疫控制。

关键词: 橄榄果蝇; GARP; MAXENT; 生态位模型; 适生性分析; 中国

中图分类号: Q968.1 文献标志码: A 文章编号: 0529-6579 (2011) 01-0089-04

Prediction of Potential Distribution Areas of Olive Fruit Fly (*Bactrocera oleae*) in China

ZHANG Xue, LI Baini, WEI Wu, ZHANG Wenjun

(School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510275, China)

Abstract: Two ecological niche models, GARP and MAXENT, were used to simulate the ecological conditions of the olive fruit fly, *Bactrocera oleae*. Suitability analysis and Geographic Information System (GIS) were applied to simulate potential distribution areas of the olive fruit fly in China. The GARP results showed that the most areas of southern China are the suitable areas of olive fruit fly. MAXENT model showed that the provinces in southwest China, Yunnan, Guizhou, Sichuan and Guangxi are suitable distribution areas of the olive fruit fly. Comprehensive analysis indicated that Yunnan, Sichuan and Guizhou are the most suitable distribution areas of the olive fruit fly.

Key words: olive fruit fly; GARP; MAXENT; ecological niche model; suitability analysis; China

生物入侵是一个与全球经济可持续发展息息相关的问题, 有害生物风险分析尤为重要。防止外来生物造成危害的重要手段就是阻止可能造成入侵物种进入适合其生存的地区^[1]。抓住早期关键环节, 就能在防止生物入侵时起到事半功倍的作用^[2], 为此就需找到入侵种的适生区域。

橄榄果蝇 *Bactrocera oleae* 属于昆虫纲, 双翅目, 实蝇科, 果实蝇属, 对油橄榄及其产品产生严重危害^[3], 我国于 2007 年 6 月将果实蝇属列为我国进境植物检疫性有害生物。关于油橄榄果蝇在我

国适生性的研究是首次, 本研究基于两种生态位模型 GARP (遗传算法模型) 和 MAXENT (最大熵模型), 预测油橄榄果蝇在我国的适生区, 综合判定该虫在我国的潜在适生区, 将作为检疫政策制定的科学依据, 减少经济损失。

1 材 料

1.1 橄榄果蝇的分布数据

本研究关于橄榄果蝇的分布数据来源于两个数据库。全球生物多样性信息交换所 (Global Biodi-

* 收稿日期: 2010-01-01

基金项目: 科技部“973”计划资助项目 (2006CB102005); 国家科技支撑基金资助项目 (2008BADA5B03)

作者简介: 张雪 (1984 年生), 女, 研究生; 通讯作者: 张文军; E-mail: zhwj@mail.sysu.edu.cn

versity Information Facility, GBIF) 和中非皇家博物馆 (Royal Museum for Central Africa, <http://projects.bebif.be/enbi/fruitfly>)。对于只给出地名的数据在地名数据库 (Geographic Names Database, GNDB) 查找相应经纬度, 共得到橄榄果蝇精确分布数据 182 个。

1.2 环境数据

本研究用到的环境数据均来源于互联网——世界气候数据库^[4], 网址为: <http://www.worldclim.org/>。气候变量选择 19 个对物种分布有重要影响的生物气候变量, 如表 1 所示。

表 1 适生区预测研究中所使用的环境变量
Table 1 Environmental variables used in potential distribution prediction

年平均温	Annual Mean Temperature
昼夜温差月平均值	Mean Diurnal Range (Mean of monthly (max temp-min temp))
昼夜温差与年温差比值	Sothermality
温度变化方差	Temperature Seasonality (standard deviation * 100)
最热月份最高温	Max Temperature of Warmest Month
最冷月份最低温	Min Temperature of Coldest Month
年温变化范围	Temperature Annual Range
最湿季度平均温度	Mean Temperature of Wettest Quarter
最干季度平均温度	Mean Temperature of Driest Quarter
最暖季度平均温度	Mean Temperature of Warmest Quarter
最冷季度平均温度	Mean Temperature of Coldest Quarter
年平均湿度	Annual Precipitation
最湿月份湿度	Precipitation of Wettest Month
最干月份湿度	Precipitation of Driest Month
温度变化方差	Precipitation Seasonality (Coefficient of Variation)
最湿季度湿度	Precipitation of Wettest Quarter
最干季度湿度	Precipitation of Driest Quarter
最暖季度湿度	Precipitation of Warmest Quarter
最冷季度湿度	Precipitation of Coldest Quarter

1.3 软件来源

本研究用到的生态位模型均来自互联网, 来源见表 2 (Table 2)。

1.4 地图数据来源

从国家基础地理信息系统 (<http://nfgis.nsd.gov.cn>) 下载获得的 1:400 万的中国地图作为分析底图, 通过 Arc GIS 将生态位模型模拟的运算结果在图中显示出来, 确定适生区域。

表 2 软件来源列表

Table 2 A list of software sources

软件	版本	用途	来源
Desktop-GARP	1.1.6	GARP 应用	http://www.nhm.ku.edu/desktopgarp/Download.html
MAXENT	2.3	MAXENT 应用	http://www.cs.princeton.edu/~schapira/maxent/
Arc GIS	9.2	地理信息处理	ESRI

2 方法

2.1 GARP

在 excel 中, 以“物种名称、经度、纬度”顺序输入 182 个点坐标, 并保存为 (.csv) 格式, 上传橄榄果蝇分布数据和环境数据后, 进行参数设置, 具体如下: Train sample size : Test sample size = 70% : 30% (or 100%); 训练数据样本大小: 验证数据样本大小 = 70% : 30%; convergence limit of 0.01 收敛极限为 0.01; maximum number of iterations of 1 000 最大迭代数量为 1 000; Runs : 500 运行次数为 500。

2.2 MAXENT

将 (.csv) 格式的橄榄果蝇分布数据上传, 数据输入有两部分, 左边是物种分布数据, 右边是环境变量输入窗口, 只需指定环境因子图层所在文件夹位置, 程序会自动搜索符合条件的 ASC II 栅格图层, 指定输出目录, 其它设置默认便可, 点击运行, 预测结果输出在指定的目录下。

3 结果与分析

3.1 GARP 模型结果

根据 Anderson 提出的方法^[5], 为了选出最优的模型我们对模型进行了 500 次重复运算, 然后从中选出 10 个最优的模型。得到的 10 个最优模型集以栅格格式输出, 将其导入 Arc GIS 中, 利用空间分析模块 (Spatial Analyst) 对结果进行叠加处理, 结果如图 1 颜色越深代表适生性越高。从图中可以看出, 橄榄果实蝇在我国的适生区主要集中于云南的大部分、四川东部、广东和广西北部的大部分、海南北部、河南和陕西南部的小部分、江苏南部; 以下各省的大部分地区: 贵州、湖南、湖北、江西、福建、浙江、安徽, 均显示较高的适生性。

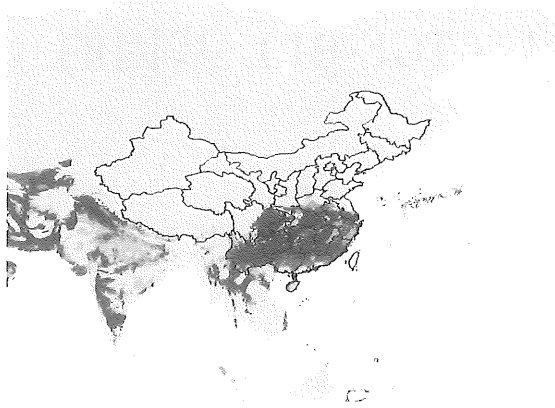


图 1 GARP 模型预测橄榄果实蝇在我国的适生区
Fig. 1 The potential distribution map of olive fruit fly in China predicted by GARP

3.2 MAXENT 模型结果

将 MAXENT 模型运算导入 Arc GIS 软件中。结果如图 2 所示，可以看出 MAXENT 模型预测的橄榄果实蝇适生区区域比 GARP 模型预测的结果要小。MAXENT 模型预测的橄榄果实蝇在我国的适生区主要集中在云南、贵州、四川、广西四个省。



图 2 MAXENT 模型预测橄榄果实蝇在我国的适生区
Fig. 2 The potential distribution map of olive fruit fly in China predicted by MAXENT

3.3 综合分析

将 GARP 模型计算结果与 MAXENT 模型计算结果叠加生成综合适生性分析图，见图 3 (Fig. 3)。可见，我国云南、四川和贵州为橄榄果实蝇的高度适生区，对该区域应加强检疫。对于其他地区可有选择性的加以防控。

4 讨论与展望

适生性模型可以对物种的发生进行精确的空间

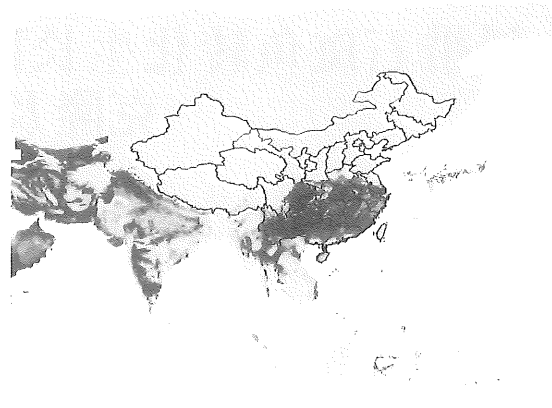


图 3 橄榄果实蝇在我国的综合适生性分析图
Fig. 3 The potential distribution map of olive fruit fly in China predicted by comprehensive analysis

定量描述^[6]，但预测模型并不能完全反映物种真实的生存环境，是去建立一个与真实情况相接近的有生物学意义的模型。本研究中采用两种模型进行适生性分布预测结果也是存在差异的，这主要是由于采用了不同的模型算法所引起的，没有绝对的一致合理的模拟方法^[7]。因此应综合各个模型的结果，不能单一的运用某一模型以弥补各类模型的自身缺点。本研究通过综合分析两种模型结果的预测结果来增加结果的准确性。

从预测结果中可见，云南和四川是橄榄果实蝇的高度适生区，我国的油橄榄种植业主要集中于这两个省份以及甘肃省。本研究中所使用的两种模型所预测的结果均没有显示甘肃省为油橄榄果实蝇的适生区，这表明，如果甘肃省发展油橄榄种植业，可以投入较少的力量在此害虫的检疫和防治上。云南和四川两省应加强对此虫的控制，加强检疫力度，从源头控制此虫的进入。

由于我国在物种分布模拟方面的研究起步较国外晚，目前我国自行开发的软件不多，比较早期的主要有魏淑秋等^[8]建立的农业气候分析的数据库系统。近年来左闻韵等^[9]建立以支持向量机 (Support Vector Machine, SVM) 为核心的预测系统。总的来说，我国自行开发的模型相对较少，应用性不强，缺乏一个相对统一的，易操作的平台。故在未来的研究中可以加强软件的开发，建立一些应用性较强，易操作的软件。物种适生区的研究与全球气候息息相关，可以将气候变化和物种分布模型更好的结合起来，预测在未来气候变化条件下外来入侵物种的潜在分布也是今后研究的一个方向。

(下转第 98 页)

- corhynchus mykiss* macrophage respiratory burst activity [J]. *Developmental and Comparative Immunology*, 1994, 18: 315 - 323.
- [19] JANG S I, HARDIE L J, SECOMBES C J. Elevation of rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* macrophage respiratory burst activity with macrophage derived supernatants [J]. *Journal of Leukocyte Biology*, 1995, 57: 943 - 947.
- [20] TAN Qian, ZAGRODNY A, PENG Chun, et al. Regulation of membrane progesterin receptors in the zebrafish ovary by gonadotropin, active, TGF- β and BMP-15 [J]. *Molecular and Cell Endocrinology*, 2009, 312: 72 - 79.
- [21] EINAR L, MICHAEL H P, XU Cheng, et al. Decreased expression of TGF- β , GILT and T-cell markers in the early stages of soybean enteropathy in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) [J]. *Fish Shellfish Immunology*, 2009, 27: 65-72.
- [22] DAVID W B, ANDREW S L. Evolution of the transforming growth factor-beta superfamily [J], *Progress in Growth Factor Research*, 1994, 5: 99 - 107.
- [23] ANNES J, MUNGER J, RIFKIN D. Making sense of latent TGF β activation [J]. *Journal Cell Science*, 2003, 116: 217 - 224.
- [24] TOMAS B, BLEU C C. The evolutionary history of lymphoid organs [J]. *Nature Immunology*, 2007, 8: 131 - 135.
- [25] ZWOLLO P, COLE S, BROMAGE E, et al. B cell heterogeneity in the teleost kidney: evidence for a maturation gradient from anterior to posterior kidney [J]. *The Journal of Immunology*, 2005, 174: 6608 - 6616.
- [26] MIRACLE A L, ANDERSON M K, LITMAN R T, et al. Complex expression patterns of lymphocyte-specific genes during the development of cartilaginous fish implicate unique lymphoid tissues in generating an immune repertoire [J]. *International Immunology*, 2001, 13: 567 - 580.
- [27] BRUBACHER J L, SECOMBES C J, ZOU J, et al. Constitutive and LPS-induced gene expression in a macrophage-like cell line from the rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) [J]. *Developmental and Comparative Immunology*, 2000, 24: 565 - 574.
- [28] LETTERIO J J, ROBERTS A B. Regulation of immune responses by TGF- β [J]. *Annual Review of Immunology*, 1998, 16: 137 - 161.
- [29] REYNAUD S, DESCHAU X P. The effects of 3-methylcholanthrene on lymphocyte proliferation in the common carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. *Toxicology*, 2005, 211: 156 - 164.
- [30] DERYNCK R, ZHANG Ye. Smad-dependent and Smad-independent pathways in TGF-beta family signaling [J]. *Nature*, 2003, 425: 577 - 584.
- [31] WAHL S M. Transforming growth factor-beta: innately bipolar [J]. *Current Opinion in Immunology*, 2007, 19: 55-62.
- [32] WAHL S M, SWISHER J, CHEN W, et al. TGF-beta: the perpetrator of immune suppression by regulatory T cells and suicidal T cells [J]. *Journal of Leukocyte Biology*, 2004, 76: 15 - 24.

(上接第 91 页)

参考文献:

- [1] TUCKER K C, RICHARDSON D M. An expert system for screening potentially invasive alien plants in south African fynbos [J]. *Environmental Management*, 1995, 44: 309 - 338.
- [2] 徐汝梅. 生物入侵——数据集成、数量分析与预警 [M]. 北京: 科学出版社, 2003.
- [3] RUGINI E, MENCUCINI M, BIASI R, et al. Olive (*Olea europaea* L.) [J]. *Protocol for Somatic Embryogenesis in Woody Plants*, 2005, 345 - 360.
- [4] HIJMANS R J, CAMERON S E, PARRA J L, et al. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land Areas [J]. *International Journal of Climatology*, 2005, 25: 1965 - 1978.
- [5] ANDERSON R P, LEW D, PETERSON A T. Evaluating predictive models of species' distributions: Criteria for selecting optimal models [J]. *Ecological Modelling*, 2003, 162: 211 - 232.
- [6] HEIN S, BINZENHOFER B, POETHKE H J, et al. The generality of habitat suitability models: A practical test with two insect groups [J]. *Basic and Applied Ecology*, 2007, 8: 310 - 320.
- [7] LAURA M. A comparison of the predictive abilities of four approaches for modelling the distribution of cetaceans [D]. Aberdeen, U. K: University of Aberdeen, 2004.
- [8] 魏淑秋, 章正, 郑耀水. 应用生物气候相似距对小麦矮化腥黑穗病在我国定殖可能性的研究 [J]. *北京农业大学学报*, 1995, 21(2): 127 - 131.
- [9] 左闻韵, 劳逆, 耿玉英, 等. 预测物种潜在分布区——比较 SVM 与 GARP [J]. *植物生态学报*, 2007, 31(4): 711 - 719.