

昆虫种群流行病的相对聚集性 指标与抽样式研究^{*}

张文军 庞 义 齐艳红

(中山大学生物防治国家重点实验室, 广州 510275)

摘 要 提出适用于昆虫疾病传播方式及其强度分析的相对聚集性指标, 它们是发病种群聚集度与复合种群聚集度之比. 相对聚集度大, 则发病中心明显, 疾病水平传播的效应就较强; 相对聚集度小, 则发病个体分布稀疏, 疾病的垂直传播和环境传播效应较为突出. 同时, 给出了用于昆虫种群流行病田间调查的理论抽样量公式和序贯抽样公式.

关键词 昆虫流行病, 相对聚集性指标, 抽样式

分类号 Q 968.1

昆虫疾病的空间传播和分布对了解疾病流行的机理、过程和强度以及对害虫微生物防治实践具有重要意义. 空间传播和分布最合理的是数学描述, 但其报道仍然很少, 已成为昆虫流行病学中急待解决的重要问题^[1,2]. 昆虫种群在田间有不同的空间格局, 相对于发病种群是非均匀的环境载体, 不能沿用现有的方法分析昆虫种群流行病的空间格局. 因而, 本文提出了适用于昆虫疾病传播方式及其强度分析的相对聚集性指标, 并给出理论抽样式和序贯抽样式, 供进一步研究或应用.

1 原理与方法

1.1 聚集指标

描述昆虫种群聚集性的指标种类较多, 但最为常用的是 C 指标, 扩散指标 (I_δ) 和聚块性指标 $m^*/\bar{x}$ 等.

1.1.1 C 指标 $C = s^2/\bar{x}$, 式中, s^2 为方差, $\bar{x}$ 为均值, $C > 1$, 聚集分布; $C = 1$, 随机分布; $C < 1$, 均匀分布. C 值愈大, 种群聚集性愈强.

1.1.2 I_δ 指标 $I_\delta = [(n-1)s^2 - n\bar{x} + n\bar{x}^2]/[n\bar{x} - 1]$, 式中, n 为样方数. $I_\delta > 1$, 聚集分布; $I_\delta = 1$, 随机分布; $I_\delta < 1$, 均匀分布. I_δ 值愈大, 则种群聚集性愈强.

1.1.3 $m^*/\bar{x}$ 指标 $m^*/\bar{x} = (s^2 - \bar{x} + \bar{x}^2)/\bar{x}^2$, 式中, $m^*/\bar{x} > 1$, 聚集分布; $m^*/\bar{x} = 1$, 随机分布; $m^*/\bar{x} < 1$, 均匀分布. $m^*/\bar{x}$ 值愈大, 则种群聚集性愈强.

1.2 相对聚集性指标

现有的昆虫种群空间格局理论建立在一个基础之上, 即环境载体是同质的、均匀的. 从

^{*} 广东省自然科学基金 (960057) 资助项目

收稿日期: 1997-03-05 张文军, 男, 32 岁, 副教授

而,对于某个给定的种群,可直接测度其分布格局.然而,对昆虫种群流行病,复合种群(易感种群+发病种群)自身就有不同的空间格局,相对于发病种群,是异质的和非均匀的环境载体,不能直接沿用已有的方法分析其聚集强度.

在一昆虫种群中,流行病的发生发展主要有以下数条成因:① 外部迁入:发病昆虫从种群外部迁入该种群,或病原携带者通过捕食、寄生或排泄等途径将病原传入种群,形成传染源;② 潜伏感染:种群内的部分个体潜伏携带病原,在外界条件诱导下发病,形成传染源;③ 垂直传播:种群内部不同世代间的病原代代传播;④ 环境传播:普遍携带病原的空气、土壤和植物将病原传播于种群,引起发病;⑤ 水平传播:以发病虫体为中心,通过周围健康昆虫的运动和取食等途径传播病原,形成明显的发病中心.

依据疾病传播方式的相似性,可将②,③项合称为垂直传播,①,④项合称为环境传播.进一步分析可发现,传播方式④易造成疾病分布的均匀性,方式①~③易造成随机性,方式⑤则造成疾病聚块.

聚集指标具有相对意义,以聚集指标分析发病种群和复合种群的聚集度,显然,若发病种群的聚集度大于复合种群,说明发病种群在复合种群内有明显的发病中心,形成了发病聚块,而且,发病种群的相对聚集度愈大,则其发病中心愈为显著.反之,相对于复合种群,发病中心就不明显,发病个体均匀或随机散布.因此,可以用发病种群聚集度与复合种群聚集度之比测度种群流行病的相对聚集性.从而,由 C 指标, I 指标及 $m^*/\bar{x}$ 指标可导出相对聚集性指标 D_c , D_δ 及 D_m .

1.2.1 D_c 指标 $D_c = s_p^2 \bar{x}_0 / (s_0^2 \bar{x}_p)$, 式中, s_p^2 , s_0^2 分别为发病种群和复合种群方差, $\bar{x}_p$, $\bar{x}_0$ 分别为发病种群和复合种群均值,方差和均值定义为

$$s^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2, \quad \bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$$

其中, x_i 为第 i 个样方中的发病昆虫总数(昆虫总数), $i = 1, 2, \dots, n$.

1.2.2 D_δ 指标

$$D_\delta = \frac{[(n-1)s_p^2 - n\bar{x}_p + n\bar{x}_p^2](n\bar{x}_0 - 1)\bar{x}_0}{[(n-1)s_0^2 - n\bar{x}_0 + n\bar{x}_0^2](n\bar{x}_p - 1)\bar{x}_p}$$

式中, s_p^2 , s_0^2 分别为发病种群和复合种群方差, $\bar{x}_p$, $\bar{x}_0$ 分别为发病种群和复合种群均值, n 为样方数.

1.2.3 D_m 指标

$$D_m = \frac{(s_p^2 - \bar{x}_p + \bar{x}_p^2)\bar{x}_0^2}{(s_0^2 - \bar{x}_0 + \bar{x}_0^2)\bar{x}_p^2}$$

若 $D_c > 1$, $D_\delta > 1$ 或 $D_m > 1$, 则发病昆虫为相对聚集分布,有明显的发病中心,疾病的水平传播强度大. D_c , D_δ 或 D_m 愈大,则发病中心愈显著,水平传播效应愈强.若 $D \leq 1$, $D_\delta \leq 1$, 或 $D_m \leq 1$, 则发病昆虫为相对均匀或随机分布,发病中心不明显,疾病的环境传播或垂直传播效应较强.

1.3 抽样公式

病原是昆虫流行病发生发展的主要因子,对于有些疾病,即使初始发病数量很少,若条件适宜,也会在极短时间内爆发流行.而对其它疾病,开始流行需要一定的发病阈值.因而,通过抽样准确地确定疾病流行水平是十分必要的.

1.3.1 理论抽样量公式 设有一混合种群,令 x_i 为第 i 个样方中的发病率,即

$$x_i = \text{第 } i \text{ 样方的发病虫数} / \text{第 } i \text{ 样方的昆虫总数} \quad i = 1, 2, \dots, n$$

一般情况下, 方差 s^2 随均值 $\bar{x}$ 单调变化, 由此, 可得到关系式

$$s^2 = a\bar{x}^b \quad (1)$$

已知由样本均值 ($\bar{x}$) 估计总体均值的误差是

$$d = t_{\alpha}(s^2 / q)^{1/2} \quad (2)$$

取允许误差 $D = d / \bar{x}$, 连同 (1) 式代入 (2) 式, 并变换, 得理论抽样量公式为

$$q = (at^2 / D^2) \bar{x}^{b-2} \quad (3)$$

式中, q 为抽样样方数, $\bar{x}$ 为估计发病率, t_{α} 为 t 分布值, $t_{0.05} = 1.96$, 表示 95% 的可信度, D 为允许误差, 可取 $D = 0.05, 0.1, 0.2$

对给定的昆虫种群, 首先估计发病率, 计算抽样样方数 q . 然后, 按适宜方式取 q 个样方, 分别计算发病率并平均, 即为满足允许误差和可信度要求的种群发病率.

1.3.2 序贯抽样式 已知发病率方差 s^2 和均值 $\bar{x}$ 的关系如式 (1), 而样本均值 $\bar{x}$ 与总体均值 u 的关系为 $u = \bar{x} \pm t_{\alpha}(s^2 / n)^{1/2}$.

设 A 为发病率阈值, 抽样 n 次, 就有 $nu = nA \pm t_{\alpha}(naA^b)^{1/2}$, 从而, 得序贯抽样式为 $H_s = nA + t_{\alpha}(naA^b)^{1/2}$, $H_x = nA - t_{\alpha}(naA^b)^{1/2}$, 式中, n 为抽样样方数, A 为发病率阈值, t_{α} 为 t 分布值, $t_{0.05} = 1.96$, a, b 为 (1) 式的参数.

随机抽取样方, 每查一个样方, 计算该样方发病率, 发病率累加值介于 H_s 和 H_x 之间时, 继续调查; 若发病率累加值 $< H_x$, 认为种群发病率低于阈值 A ; 若发病率累加值 $> H_s$, 认为种群发病率超过阈值 A .

2 验证分析

关于昆虫种群疾病田间分布的数学描述, 目前缺少研究, 仅 Fuxa^[3]和 Soper 等^[4]做过两例调查分析. 昆虫流行病在野外的发生往往不很确定, 不易观察到自然造成的足够的田间分布信息. 目前缺乏这方面的详细资料.

对病原真菌赤霉菌, 其菌丝在散落田间的玉米残杆上越冬, 次春产生可见的子囊壳. 玉米残杆在田间有不同的分布格局. 这样, 所有残杆组成一个复合种群, 而发病残杆在其内形成了发病种群. 因此, 在分布格局的定量意义下, 玉米残杆上赤霉菌的发生发展就与昆虫种群流行病完全相同. 它们的区别是, 玉米残杆上的发病种群以菌量作为计数标准. 但就玉米残杆赤霉菌的描述角度分析, 其数据对前述方法的验证并无实质性影响.

对陕西省各地的玉米残杆和赤霉菌菌量进行取样调查, 并汇总分析, 得到玉米残杆和菌量分布的各参数见表 1, 2 所示. 用聚集指标 C , I_0 和 m^* 分析 (见表 1). 以地面作为环境载体, 则渭南的菌量聚集度最大, 依次为泾阳, 礼泉, 富平, 兴平, 以及三原, 似乎以渭南玉米残杆种群的疾病聚集强度最大. 然而, 各地区的玉米残杆也有不同的聚集度 (表 2), 表明菌量聚集中有一部分由玉米残杆本身的聚集所引致. 而玉米残杆的聚集度以泾阳最大, 依次为三原, 富平, 渭南, 兴平, 礼泉. 以相对聚集性指标 D_c , D_0 和 D_m 计算 (表 3), 则礼泉的玉米残杆赤霉病聚集度最大, 依次为渭南, 兴平, 泾阳, 富平, 以及三原. 此外, 若以相对聚集度接近于 1 的三原分析, 其菌量按表 1 是聚集的, 但因玉米残杆自身有接近于菌量的聚集度, 可推知, 菌量在玉米残杆上似为随机分布. 这些推论均与田间的实际观察结果相符合. 也与 Fuxa^[3]和 Soper 等^[4]对昆虫病真菌病的分布描述一致.

表 1 各地玉米残杆上赤霉菌量的田间分布

Tab. 1 Spatial distribution of scab inoculum on corn stalks in different regions

项目	渭南	富平	三原	泾阳	礼泉	兴平
s^2	2. 576 0	0. 804 0	5. 236 4	9. 985 7	3. 887 6	4. 963 7
$\bar{x}$	0. 476 2	0. 345 7	1. 160 5	1. 013 9	0. 666 7	0. 936 5
C	5. 409 5	2. 325 7	4. 512 2	9. 848 8	5. 831 1	5. 300 3
I_0	12. 871 3	6. 602 0	3. 980 6	9. 714 2	8. 672 5	5. 626 7
$m^* / \bar{x}$	10. 259 8	4. 834 9	4. 026 4	9. 727 5	8. 246 3	5. 591 9
n	6	7	10	10	10	10

连片抽样,单位是 m^2

表 2 各地玉米残杆的田间分布

Tab. 2 Spatial distribution of corn stalks in different regions

项目	渭南	富平	三原	泾阳	礼泉	兴平
s^2	1. 368 7	1. 792 9	3. 150 0	11. 480 4	0. 911 6	2. 6083
$\bar{x}$	0. 714 3	0. 790 1	1. 111 1	1. 611 1	0. 744 5	1. 190 5
C	1. 916 1	2. 269 2	2. 835 0	7. 125 8	1. 231 2	2. 190 9
I_0	2. 394 1	2. 680 8	2. 633 4	4. 648 5	1. 313 4	1. 982 9
$m^* / \bar{x}$	2. 282 6	2. 606 4	2. 651 6	4. 802 2	1. 301 5	2. 000 3
n	6	7	10	10	10	10

连片抽样,单位是 m^2

表 3 各地玉米残杆赤霉病的相对聚集性指标

Tab. 3 Relative aggregation indices for spatial distribution of scab inoculum on corn stalks in different regions

项目	渭南	富平	三原	泾阳	礼泉	兴平
D_c	2. 823 2	1. 024 9	1. 591 6	1. 382 1	4. 736 1	2. 419 2
D_0	5. 376 3	2. 462 7	1. 511 6	2. 089 7	6. 603 1	2. 837 6
D_m	4. 494 8	1. 855 0	1. 518 5	2. 025 6	6. 335 9	2. 795 5
n	6	7	10	10	10	10

玉米残杆赤霉病的传播过程与通常的昆虫流行病有所不同. 所以, 对其传播方式及强度不做进一步验证分析. 但是, 水平传播引起有发病中心的聚块, 而环境传播和垂直传播则不同于水平传播, 是业已经过确定的事实, 进一步验证的必要性不大.

已测得表 1~3 中各地的玉米残杆赤霉病发病率方差为 5. 048 8, 1. 287 9, 4. 241 6, 3. 847 1, 7. 013 8, 3. 502 2, 均值为 0. 666 7, 0. 437 5, 1. 000 0, 0. 629 3, 0. 895 5, 0. 786 6. 由 (1) 式, 回归得 $a= 6. 305 9$, $b= 1. 556 1$, 相关系数 $r= 0. 800 4$. 代入 (3) 式, 并取 $D= 0. 1$, $t_{0.05}= 1. 96$, 则得表 4 的理论抽样量序列.

表 4 玉米残杆赤霉病的理论抽样量

Tab. 4 Optimal sampling number for scab incidence on corn stalks

$\bar{x}$	0. 01	0. 05	0. 10	0. 15	0. 20	0. 25	0. 30	0. 5	0. 40
q	18 709	9 158	6 732	5 623	4 949	4 482	4 134	3 861	3 638

玉米残杆上的赤霉病属昆虫病原真菌的一个类群, 后者除为害玉米残杆外, 散播的孢子囊孢子可使玉米螟发病^[6], 若已知造成流行的发病阈值 $A = 0.9$, 则得序贯抽样式为 $H_s = 0.9n + 4.5345n^{1/2}$, $H_x = 0.9n - 4.5345n^{1/2}$.

参 考 文 献

- 1 Fuxa J R, Tanada Y. 昆虫疾病流行学. 王丽英译. 北京: 北京农业大学出版社, 1992. 114~ 115
- 2 Tanada Y, Kaya H K. Insect Pathology. San Diego Academic Press, 1993. 1~ 300
- 3 Fuxa J R. Dispersion and spread of the entomopathogenic fungus *Nomuraea rileyi* (Moniliales: Moniliaceae) in a soybean field. Environ Entomol, 1984, 13: 252
- 4 Soper R S, Madeod D M. Descriptive Epizootiology of an Aphid Mycosis. US Dept Agric Tech Bull, 1981: 1632
- 5 张文军, 商鸿生. 连续性空间分布型模型与应用研究. 应用生态学报, 1992, 3 (2): 169~ 172
- 6 耶夫拉霍娃. 昆虫病原真菌. 黄传贤译. 北京: 科学出版社, 1982. 1~ 255

Relative Aggregation Indices and Sampling Formulae for Epizootic Diseases of Insects

Zhang Wenjun* Pang Yi Qi Yanhong

Abstract The existing theory on spatial distribution of insects was based on the postulate that the environmental carrier is homogeneous and uniform. With the epizootic diseases of insects, however, the gross insect population has various distribution pattern and is the heterogeneous and un-uniform environmental carrier to infected insect population. Therefore the existing theory on spatial distribution can not be directly used in epizootic diseases of insects. The relative aggregation indices (RAI) to calculate the transmission mechanisms and strength of insect disease, which were the proportion of aggregative strength between infected insect population and gross ones, were developed in this paper for the insect population. With the increase of RAI, the infestation center tend to be more apparent and the effect of horizontal transmission increases. The effect of vertical and environmental transmission become more important as the decrease of RAI. Also, the optimal sampling formula and sequential sampling formula for insect diseases were developed.

Keywords epizootic disease of insects, relative aggregation indices, sampling formulae

* State Key Laboratory for Biocontrol, Zhongshan University, Guangzhou 510275