气候变化情景下基于 MaxEnt 的麦瘟病在全球及中国的适生性分析

杜志宏[1,2#]， 刘 伟[1#]， 曹学仁[3]， 聂 晓[1,2]， 范洁茹[1*]， 王保通[2*]，
周益林[1*]， 刘万学[1]， 徐向明[4]

（1. 中国农业科学院植物保护研究所，植物病虫害生物学国家重点实验室，北京 100193；2. 旱区作物逆境生物学国家重点实验室，西北农林科技大学植物保护学院，杨凌 712100；3. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所，农业农村部热带作物有害生物综合治理重点实验室，海口 571101；
4. 英国 NIAB 东茂林研究所，东茂林 ME19 6BJ）

摘要 麦瘟病是小麦生产上的一种毁灭性真菌病害，过去仅在南美洲流行。2016 年该病害在亚洲的孟加拉国首次出现，给世界尤其我国小麦生产带来重大潜在威胁。本研究基于麦瘟病当前在全球（包括孟加拉国）的分布数据和生物气候数据，采用 MaxEnt 生态位模型和 ArcGIS 软件，预测了当前气候条件下麦瘟病在全球特别是在我国的潜在适生区，以及 RCP2.6、RCP4.5、RCP6.0 和 RCP8.5 4 种气候变化情景下 2030s、2050s 和 2070s 麦瘟病在中国潜在适生区分布范围，进而以刀切法分析了影响其分布的主要气候因子，并采用 ROC 对预测结果进行检验。结果表明，在当前和未来不同气候情景下，麦瘟病在中国的中风险和高风险区面积将呈增加趋势，未来情景下与当前气候情景下相比，中风险和高风险区的面积比例增加范围为 0.08%～1.63%，其中温度和湿度条件对麦瘟病的潜在分布区影响最大。此研究结果对于我国麦瘟病的检疫和防控提供了技术支撑。

关键词 麦瘟病； MaxEnt 模型； 气候变化； 气候情景； 适生区分布

中图分类号： S435.121.4 **文献标识码**： A **DOI**： 10.16688/j.zwbh.2021638

Suitability analysis of wheat blast in the world and China under climate change scenarios based on MaxEnt

DU Zhihong[1,2#]， LIU Wei[1#]， CAO Xueren[3]， NIE Xiao[1,2]， FAN Jieru[1*]， WANG Baotong[2*]，
ZHOU Yilin[1*]， LIU Wanxue[1]， XU Xiangming[4]

（1. *State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing* 100193, *China*; 2. *State Key Laboratory of Crop Stress Biology in Arid Areas, College of Plant Protection, Northwest A & F University, Yangling* 712100, *China*; 3. *Key Laboratory of Integrated Pest Management on Tropical Crops, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Institute of Environment and Plant Protection, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou* 571101, *China*; 4. *NIAB EMR, East Malling*, Kent ME19 6BJ, *UK*）

Abstract Wheat blast is a devastating fungal disease, which occurred only in South America in the past. However, since the disease first appeared in Bangladesh in Asia in 2016, it posed a significant potential threat to the world's, especially to China's wheat production. Based on the distribution data and biological climate data of wheat blast in the world (including Bangladesh), MaxEnt model and ArcGIS software were used to predict the suitable areas for wheat blast in the world under the current climate, especially in China, and the distribution range and potential suitable areas of wheat blast in China in the 2030s, 2050s and 2070s under RCP2.6, RCP4.5, RCP6.0 and RCP8.5 climate change scenarios, and then the main environmental factors affecting its distribution

收稿日期： 2021-11-15 **修订日期**： 2022-04-08
基金项目： 国家重点研发计划(2021YFC2600400)；中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(Y2017XM09)
* 通信作者 E-mail：范洁茹 fanjieru1981@126.com；王保通 wangbt@nwsuaf.edu.cn；周益林 yilinzhou6@163.com

were analyzed by Jackknife, and the prediction results were tested by receiver operator characteristic curve (ROC). The results showed that, under current and future different climate scenarios, the medium- and high-risk areas of wheat blast in China would increase, and the increased proportion of medium- and high-risk areas would range between 0.08% — 1.63%. Temperature and humidity had the greatest influences on the potential distribution areas of wheat blast. This study provides a technical support for quarantine, prevention and control of wheat blast in China.

Key words wheat blast; MaxEnt model; climate change; climate scenario; suitable distribution

由 *Magnaporthe oryzae triticum*(MoT)致病型引起的麦瘟病是小麦生产上一种毁灭性病害,目前主要在南美洲热带和亚热带地区发生流行[1]。此病害 1985 年在巴西 Parana 州首次发现[2],随后在玻利维亚(1996 年)、巴拉圭(2002 年)及阿根廷东北部(2007 年)相继发现并报道,该病害发生后可导致小麦减产 10%～100%[3]。2009 年麦瘟病在巴西大流行,导致小麦大面积田块绝产,引起国际社会的广泛重视。2011 年 5 月 18 日,美国首次发现一例麦瘟病病例,这是麦瘟病首次在南美洲以外的地区被报道[4]。2016 年 2 月麦瘟病在亚洲的孟加拉国首次被发现,随后迅速在孟加拉国的 8 个县扩展蔓延,估计 2016 年的发病面积超过 1.5 万 hm^2。基因组和转录组测序结果均表明,孟加拉国麦瘟病菌株与南美洲麦瘟病菌株的序列有极高的遗传相似性[5-6],这是该病害首次在亚洲报道,这也说明除南美洲以外麦瘟病也可在亚洲等气候适宜区域暴发流行,因此加强对麦瘟病适生区的预测和监测尤为重要。

MaxEnt(maximum entropy)是一种常用的物种地理分布预测模型软件,特别是在只依据分布数据,且存在分布点数量不确定、各气候环境因子之间相关性不明确的情况下也能获得较高的预测精度[7]。这为麦瘟病潜在适生区的分析预测提供了可能。2011 年曹学仁等[8]利用 MaxEnt 预测指出南亚东南部、东南亚为麦瘟病的潜在适生区,孟加拉国麦瘟病的发生与该预测结果相吻合。

20 世纪后期以来,随着全球变暖的加剧,中国的气候同步发生了很多显著变化[9-10],特别是近些年,据欧盟气候监测机构哥白尼气候变化服务 2021 年 1 月 8 日报道,2016 年和 2020 年均为有记录以来气温最高的年份。而且从 2015 年以来的 6 年,是有记录以来最热的 6 年,这表明了全球气温变暖近年来呈现出一个持续且深化的趋势。Tang 等[11]对我国冬麦区 1970 年—2012 年小麦生长季节温度的统计分析也发现,其呈明显上升趋势,上升速率可达 0.329℃/10 年。目前,对未来气候变化情景的多模式的集合模拟结果表明,21 世纪全球范围内平均温度将继续升高,不同排放情景下增温幅度不同。到了 21 世纪末期(2090 年—2099 年),相对于 1980 年—1999 年,因温室效应导致的全球平均气温预估将升高 1.1～6.4℃[12]。预估 21 世纪我国温度上升幅度较大的地区主要集中在东北、西部和华中地区,但全国范围内年均温增幅与全球相当,且冬季增温幅度高于夏季、日最高温度增幅低于日最低温度增幅[13]。

大量研究表明,物种分布格局会受气候变化的直接影响。曹学仁等[8]、彭居俐等[14]、何心尧等[15]指出,随着气候变化,麦瘟病在我国的潜在适生区可能会进一步扩大。由于麦瘟病是小麦上的一种新病害,目前全球许多国家特别是我国尚无此病害发生的报道,该病一旦发生将会给当地小麦生产带来严重的产量损失,因此分析麦瘟病在全球以及未来气候情景下在我国适生区分布是十分必要的。本研究采用 MaxEnt 预测模型对 2013 年 IPCC 第五次评估报告[16]中 4 种温室气体排放情景下(典型浓度路径,representative concentration pathways, RCPs,其中 RCP2.6 为最低温室气体排放情景,RCP4.5 为中等温室气体排放情景,RCP6.0 为较高温室气体排放情景,RCP8.5 为最高温室气体排放情景)2030s、2050s 和 2070s 麦瘟病在我国的潜在分布范围进行预测分析,旨在为相关部门制定麦瘟病检疫政策和防控策略提供依据。

1　材料与方法

1.1　麦瘟病分布数据

通过国外发表的相关文献和发布的有关报道,收集到巴西、玻利维亚、巴拉圭、阿根廷等国

家以及亚洲 2016 年首次报道发生此病害的孟加拉国麦瘟病的发生分布情况，整理共得到 87 个麦瘟病发生分布点，并将麦瘟病各实际发生分布点按物种名、经度和纬度排列保存为(. csv)文件格式。

1.2 生物气候数据和地图数据

在 WorldClim(http://www.worldclim.org/)下载当前气候(1970 年－2000 年)下环境变量中的 19 个生物气候变量(表 1)；未来生物气候数据在 CCAF(Climate Change, Agriculture and Food Security)网站(http://www.ccafs-climate.org)中下载，空间分辨率都为 2.5 min(每一栅格相当于约 22 km^2)；中国矢量地图(1∶400 万)从国家基础地理信息系统(http://nfgis.nsdi.gov.cn)下载。

表 1 应用于 MaxEnt 模型的 19 个生物气候变量汇总表

Table 1 Summary of 19 bioclimatic variables applied to MaxEnt model

代号 Code	环境变量 Environmental variable
Bio1	年平均气温 Annual mean temperature
Bio2	月平均昼夜温差 Mean diurnal range [Mean of monthly (max temp-min temp)]
Bio3	等温性 Isothermality
Bio4	温度季节性变动系数 Temperature seasonality (standard deviation×100)
Bio5	最热月最高气温 Max temperature of warmest month
Bio6	最冷月最低气温 Min temperature of coldest month
Bio7	温度年较差 Temperature annual range
Bio8	最湿季平均气温 Mean temperature of wettest quarter
Bio9	最干季平均气温 Mean temperature of driest quarter
Bio10	最暖季平均气温 Mean temperature of warmest quarter
Bio11	最冷季平均气温 Mean temperature of coldest quarter
Bio12	年降水量 Annual precipitation
Bio13	最湿月降水量 Precipitation of wettest month
Bio14	最干月降水量 Precipitation of driest month
Bio15	降水量季节性变异系数 Precipitation seasonality (coefficient of variation)
Bio16	最湿季降水量 Precipitation of wettest quarter
Bio17	最干季降水量 Precipitation of driest quarter
Bio18	最暖季降水量 Precipitation of warmest quarter
Bio19	最冷季降水量 Precipitation of coldest quarter

1.3 分析方法

将收集整理得到的 87 个麦瘟病发生点的分布数据和生物气候数据导入 MaxEnt(http://www.cs.princeton.edu/~schapire/maxent/，版本 3.2)软件中，随机选择 75%的分布点作为训练样本(training data)，25%的分布点作为验证样本(test data)，利用刀切法(Jackknife)分析各生物气候变量对麦瘟病潜在分布影响的重要性，并运用刀切法检验生物气候变量对于分布增益的贡献，即单独用每一变量建立模型(蓝色条带)，然后生物气候变量被轮流逐一剔除，并用剩余的变量参与运算模型(青色条带)，同时还会生成一个所有变量都参与运行的结果(红色条带)，以确定各变量对预测模型的重要性[17]。

根据分布点生物气候变量利用 MaxEnt 软件建立预测模型并分析得出麦瘟病潜在分布区和适生概率 x(指数)，通过 ArcGIS 10.2(美国 ESRI 公司)中空间分析模块分别显示并计算当前和未来气候模式下麦瘟病在中国以及全球其他地区的潜在分布区及面积。

根据适生概率 x(指数)大小，将风险等级划分为高风险区($x>25\%$)、中风险区($5\%<x\leqslant 25\%$)、低风险区($0.01\%<x\leqslant 5\%$)和基本不发生区($0\%\leqslant x\leqslant 0.01\%$)，并将预测结果在地图上用不同颜色分级显示。

1.4 模型检验

模型提供刀切法检验，采用受试者工作特征曲线下方面积(AUC)来检验模型模拟结果的准确性，不同的 AUC 值代表不同的诊断级别：不及格($0.5\leqslant AUC<0.6$)、较差($0.6\leqslant AUC<0.7$)、一般($0.7\leqslant AUC<0.8$)、良好($0.8\leqslant AUC<0.9$)、优秀

(0.9≤AUC≤1.0)。

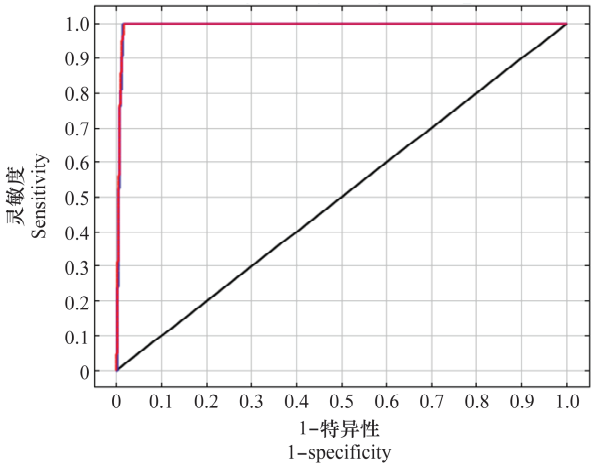
2　结果与分析

2.1　当前气候条件下麦瘟病在全球的适生性分析

根据麦瘟病目前在全球发生分布的数据(增加了孟加拉国等国家的发生分布数据)获得的麦瘟病在全球的适生区分布可以得出,麦瘟病在全球的中风险区和高风险区主要集中在南美洲中东部、北美洲南部、非洲东南沿海、马达加斯加东南沿海、印度东南部、孟加拉国、缅甸东南部、泰国中北部、中国南部少数地区和澳大利亚东部沿海等地区。

2.2　MaxEnt 模型预测结果检验

从当前气候条件下基于 19 个生物气候变量的 MaxEnt 模型运行的受试者工作特征曲线(receiver operator characteristic, ROC)结果(图 1)可以看出,训练集(training data)AUC 的值为 0.995,测试集(test data)AUC 的值为 0.994,表明模型预测结果准确性较高。



图中红色、蓝色、黑色分别表示训练集(AUC=0.995)、测试集(AUC=0.994)和随机预测结果(AUC=0.5)
In the figure, training data (AUC=0.995), test data (AUC=0.994) and random prediction (AUC=0.5) are indicated in red, blue and black, respectively

图 1　麦瘟病 MaxEnt 模型的受试者工作特征曲线

Fig. 1　Receiver operator characteristic(ROC) curves of MaxEnt model for wheat blast

2.3　当前气候条件下麦瘟病在我国潜在分布区预测

将 1∶400 万中国行政图作为底图,从麦瘟病在全球的适生区分布图中提取出麦瘟病在中国的适生区分布图(图 2),可以看出,该病在我国的潜在适生区范围相对较小,高风险区只在海南和台湾有零星分布;中风险区包括云南南部、广西中部、广东中南部、福建与广东交界地区以及台湾北部和东部沿海等地区,但以上这些地区大多不种小麦或者小麦种植面积不大;低风险区的范围比较大,包括四川东南部、陕西中南部、河南大部、重庆、湖北、江苏、安徽、浙江、云南、贵州等重要的小麦产区;其他地区为基本不发生区。

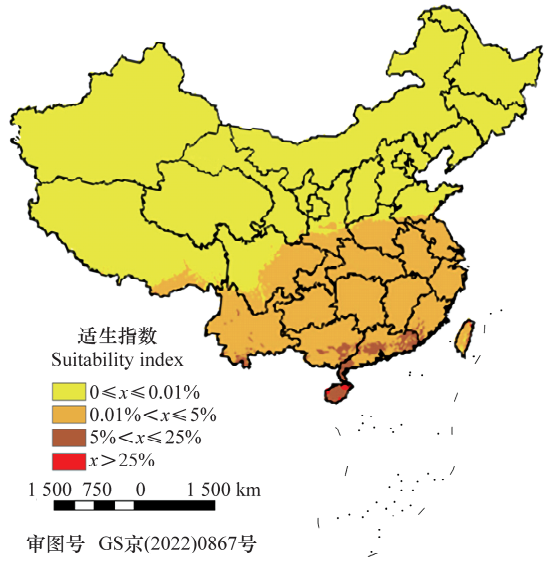
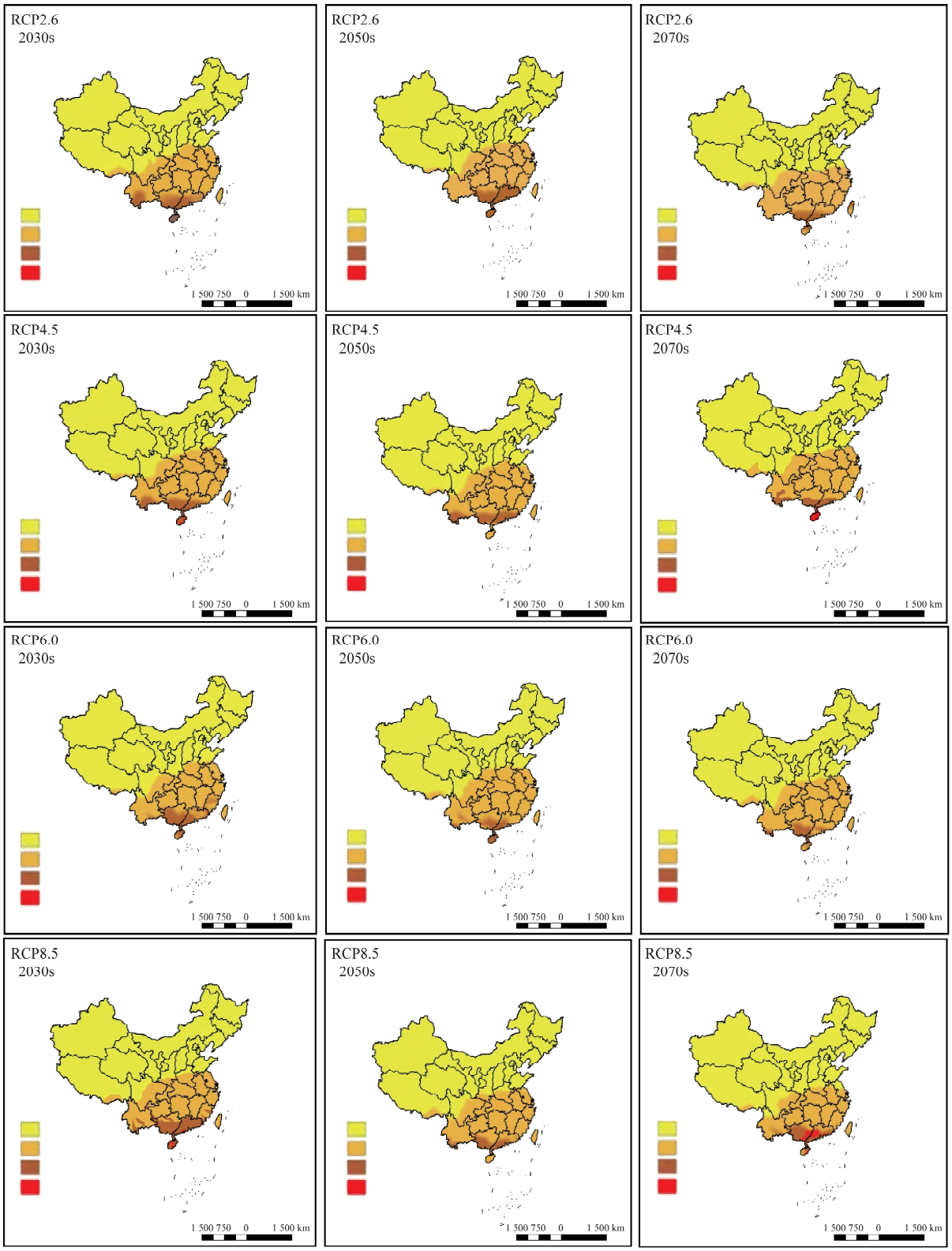


图 2　MaxEnt 模型预测麦瘟病当前在中国的潜在分布区

Fig. 2　The current potential distribution of wheat blast in China predicted by the MaxEnt model

2.4　未来气候情景下麦瘟病在我国潜在分布区预测

和当前气候条件下相比,未来 2030s、2050s 和 2070s 不同气候情景(RCP2.6、RCP4.5、RCP6.0、RCP8.5)下麦瘟病在我国的潜在分布区将均有所扩大(图 3),主要集中在云南、广西、广东、福建、海南和台湾。麦瘟病在我国潜在分布的各等级适生区中,中风险和高风险区的实际参考意义较大,由于高风险区的面积较小,所以把中风险和高风险区面积之和看成整体来研究。由 ArcGIS 空间分析统计得出的当前和未来各气候情景下麦瘟病的各级适生区面积所占总面积的比例可以看出:与当前气候情景下中风险和高风险区面积比例之和相比,在 RCP2.6 情景下麦瘟病中风险和高风险区面积比例之和在 2030s、2050s、2070s 分别增加了 1.63%、0.71%和 0.08%;在 RCP4.5 情景下,分别增加了 1.10%、0.87%和 0.19%;在 RCP6.0 气候情景下,分别增加了 1.34%、0.12%和 0.27%;在 RCP8.5 情景下,分别增加了 1.44%、0.14%和 0.94%(表 2)。



根据适生指数(x)划定麦瘟病在我国的适生风险区，在未来不同气候情景下，图例■■■■黄色、橙色、棕色、红色均分别表示基本不发生区(0%≤x≤0.01%)、低风险区(0.01%<x≤5%)、中风险区(5%<x≤25%)和高风险区(x>25%)

The habitats of wheat blast in China were classified according to the suitability index (x), under different climate scenarios, ■■■■ yellow, orange, brown and red represented minimal-risk area (0%≤x≤0.01%), low-risk area (0.01%<x≤5%), medium risk area (5%<x≤25%) and high risk area (x>25%), respectively

审图号　GS京(2022)0867号

图 3　未来不同气候情景下麦瘟病在我国适生区分布

Fig. 3　Suitable distribution of wheat blast in future different climate scenarios in China

表 2　不同气候情景下麦瘟病在我国不同适生等级所占的面积比例[1)]

Table 2　Area proportion of suitable habitats of wheat blast in different climate scenarios in China

气候情景 Climate scenario	基本不发生区面积比例/% Minimal-risk area proportion	低风险区面积比例/% Low-risk area proportion	中风险区面积比例/% Medium-risk area proportion	高风险区面积比例/% High-risk area proportion	增加面积比例/% Increased area proportion
当前(1970－2000) Current (1970－2000)	74.45	24.13	1.33	0.09	—
RCP2.6(2030s)	75.02	21.93	2.93	0.12	1.63
RCP4.5(2030s)	75.24	22.23	2.38	0.14	1.10
RCP6.0(2030s)	75.47	21.77	2.61	0.15	1.34
RCP8.5(2030s)	74.94	22.20	2.78	0.08	1.44
RCP2.6(2050s)	75.06	22.81	2.11	0.02	0.71
RCP4.5(2050s)	75.13	22.58	2.23	0.06	0.87
RCP6.0(2050s)	73.63	24.82	1.53	0.01	0.12
RCP8.5(2050s)	75.14	23.30	1.55	0.01	0.14
RCP2.6(2070s)	77.35	21.14	1.48	0.02	0.08
RCP4.5(2070s)	75.70	22.68	1.45	0.16	0.19
RCP6.0(2070s)	76.81	21.54	1.66	0.03	0.27
RCP8.5(2070s)	77.78	19.86	2.17	0.19	0.94

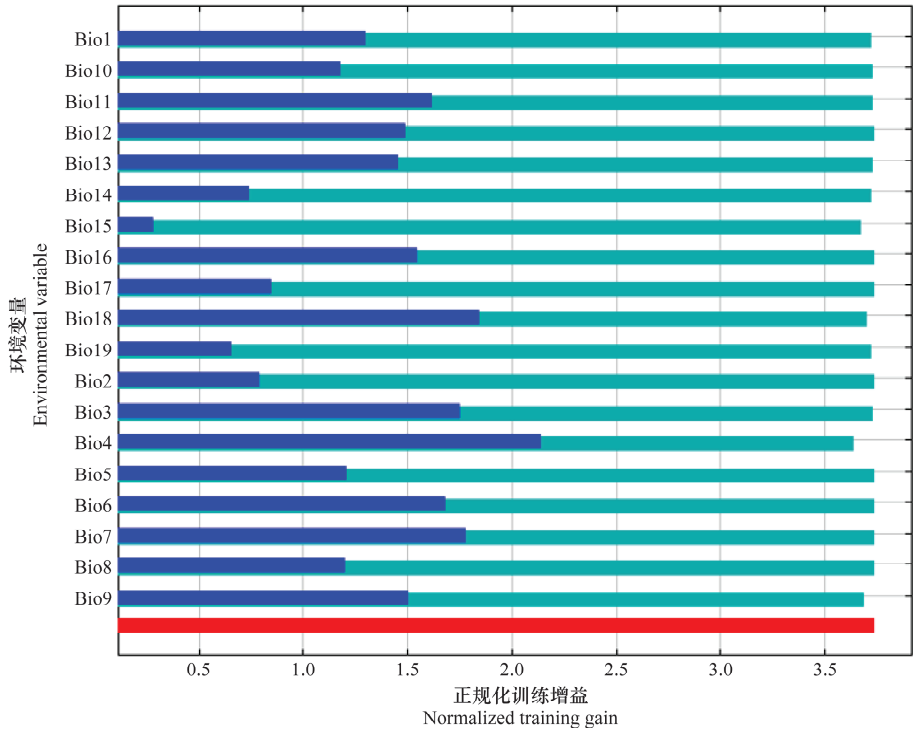
1) 增加面积比例:中、高风险区面积之和与当前面积相比。
Increased area proportion: The ratio of medium-risk and high-risk areas to current area.

2.5　影响麦瘟病分布的主要气候变量

本研究利用刀切法分析了各生物气候变量对潜在分布影响的重要性,并运用刀切法检验生物气候变量对于分布增益的贡献,即单独用每一变量建立模型(蓝色条带),然后生物气候变量被轮流逐一剔除,并用剩余的变量参与运算模型(青色条带),同时还会生成一个所有变量都参与运行的结果(红色条带),结果发现温度季节性变动系数(Bio4)、最暖季降水量(Bio18)、温度年较差(Bio7)、等温性(Bio3)和最冷月最低气温(Bio6)对最终预测结果的影响较大,最冷季度平均气温(Bio11)和最湿季降水量(Bio16)对麦瘟病的潜在分布也发挥重要作用(图 4)。通过将 12 个月的平均温度和降水数据导入 MaxEnt 软件进行建模分析发现,12 月、1 月、2 月、3 月温度和 1 月、2 月、3 月、4 月降水量对麦瘟病的潜在分布影响最大。同时由得出的麦瘟病存在概率对这 8 个变量的响应曲线(图 5,图 6)可以看出,12 月、1 月、2 月和 3 月平均温度分别达到约 27～29.5℃、26～30℃、25～28.5℃和 25～28℃时麦瘟病存在概率大于 50%;1 月、2 月、3 月和 4 月降水量分别达到 135～240 mm、120～210 mm、105～160 mm 和 70～125 mm 时麦瘟病存在概率大于 50%。

3　结论与讨论

本研究在增加了孟加拉国 2016 年发生麦瘟病的分布点数据后,利用 MaxEnt 模型预测在当前气候情景下麦瘟病在全球及中国潜在分布区的结果表明,麦瘟病潜在分布区与曹学仁等[8]的研究结果相比可以看出,除亚洲外,在全球其他地区的潜在适生区的分布基本一致,但亚洲的印度东南部、孟加拉国、缅甸东南部、泰国中北部、中国南部少数地区为中风险区和高风险区,而且在中国中风险区和低风险区的面积明显增大,分布范围向北扩展,特别是低风险区包括了我国西南、长江中下游、黄淮的河南省等主要麦区;另外,本研究所得的测试集 AUC 值为 0.994,说明预测结果具有较高的准确性[18]。已有研究指出,全球气候变化可能为麦瘟病的发生创造有利的环境条件[19],本研究对未来不同气候情景下麦瘟病在我国潜在分布区预测的结果发现,麦瘟病中风险和高风险区面积之和总体呈增加之势,这也预示着随着气候变化麦瘟病在全球实际发生范围的不断扩大,其在我国发生的潜在风险会呈增大趋势。



图中蓝色、青色、红色分别表示：除此变量、仅此变量、全部变量

Blue, cyan and red represent variables except this variable, only this variable, and all variables, respectively

图 4　气候变量对麦瘟病发生贡献的刀切法检验

Fig. 4　Jackknife test for the contribution of climate variables to the occurrence of wheat blast

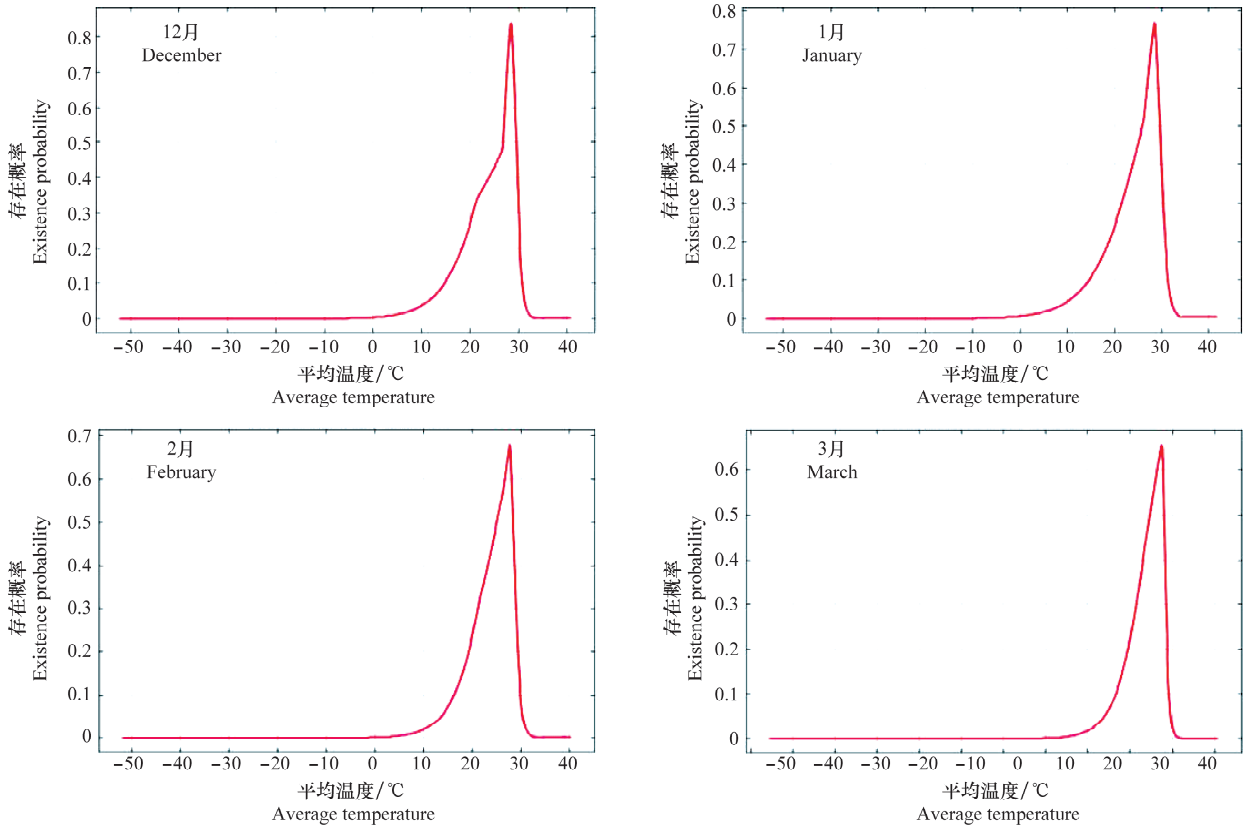


图 5　麦瘟病存在概率的平均温度响应曲线

Fig. 5　Mean temperature response curves of the presence probability of wheat blast

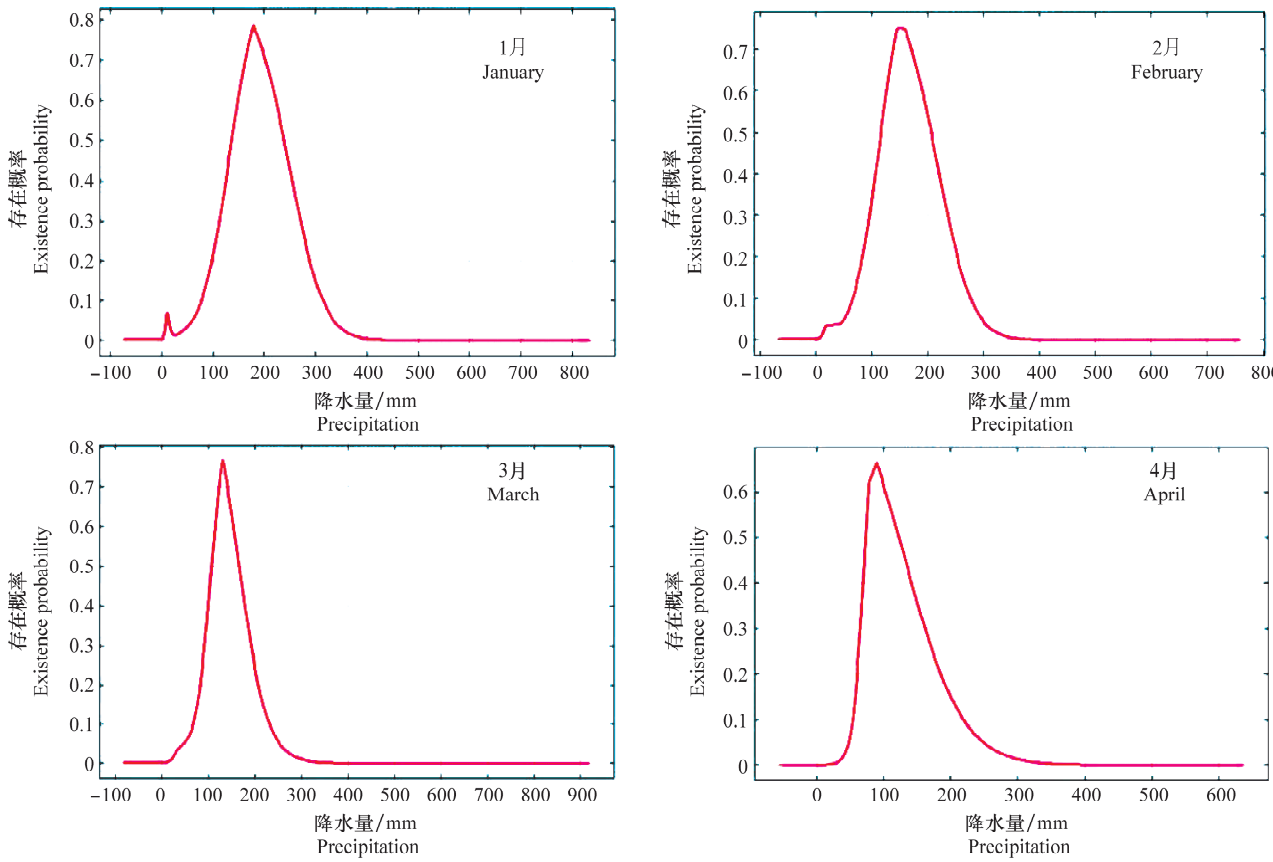


图 6　麦瘟病存在概率的降水量响应曲线

Fig. 6　Precipitation response curves of the presence probability of wheat blast

已有的研究表明,高温(18～30℃)和高湿度有利于麦瘟病的发展(如果保湿时间少于 10 h,则无论温度如何都不会发病)[20],本研究通过刀切法检验了 19 个环境变量对麦瘟病潜在分布的影响,结果表明温度和降水量对麦瘟病的发生流行有显著影响,这与前人的研究结果[20]相一致,而且从 12 月、1 月、2 月、3 月温度范围和 1 月、2 月、3 月、4 月降水量范围可以得出,麦瘟病潜在分布区与现实分布点有很高的吻合性,因此随着气候变暖,麦瘟病将可能向气候环境相似或相近的地区扩散流行。

2016 年 2 月,麦瘟病首次在孟加拉国被发现,随后麦瘟病在该国迅速扩展和暴发流行,表明该病害除在南美洲以外,也可在亚洲等气候适宜区域暴发流行,这对周边存在麦瘟病适生区的印度、巴基斯坦、尼泊尔及我国都产生严重威胁,而且已有报道指出,孟加拉国麦瘟病可能已传入世界第二大产麦国印度[21]。本研究的预测结果表明,麦瘟病在我国潜在适生区有扩大的趋势,因此需要相关部门紧密配合,建立健全监测、检疫机制和研究出防治技术预备体系,预防麦瘟病在我国南方部分地区侵入发生,以保障我国小麦生产的安全。

参考文献

[1] DUVEILLER E, HE X, SINGH P K. Wheat blast: An emerging disease in South America potentially threatening wheat production [M] // BONJEAN A, VAN GINKEL M. The world wheat book, Vol 3. Paris: Lavoisier, 2016: 1107 - 1122.

[2] IGARASHI S, UTIAMADA C M, IGARASHI L C, et al. *Pyricularia* em trigo. 1. Ocorrencia de *Pyricularia* sp. no estado do Parana [J]. Fitopatologia Brasileira, 1986, 11: 351 - 352.

[3] KOHLI M M, MEHTA Y R, GUZMAN E, et al. Pyricularia blast - a threat to wheat cultivation [J]. Czech Journal of Genetics & Plant Breeding, 2011, 47(4): S130-S134.

[4] FARMAN M L, PETERSON G L, LI C, et al. The lolium pathotype of *Magnaporthe oryzae* recovered from a single blasted wheat plant in the United States [J]. Plant Disease, 2017, 101(5): 684 - 692.

[5] MALAKER P K, BARMA N C, TEWARI T P, et al. First report of wheat blast caused by *Magnaporthe oryzae* pathotype *triticum* in Bangladesh [J]. Plant Disease, 2016, 100(11): 2330.

[6] ISLAM M T, CROLL D, GLADIEUX P, et al. Emergence of wheat blast in Bangladesh was caused by a South American lineage of *Magnaporthe oryzae* [J/OL]. BMC Biology, 2016, 14(1): 84. DOI: 10.1186/s12915-016-0309-7.

[7] 应凌霄，刘晔，陈绍田，等. 气候变化情景下基于最大熵模型的中国西南地区清香木潜在分布格局模拟[J]. 生物多样性，2016，24(4)：453－461.

[8] 曹学仁，陈林，周益林，等. 基于 MaxEnt 的麦瘟病在全球及中国的潜在分布区预测[J]. 植物保护，2011，37(3)：80－83.

[9] 秦大河. 气候变化的事实与影响及对策[J]. 中国科学基金，2003，17(1)：3－5.

[10] 姜大膀，富元海. 2℃全球变暖背景下中国未来气候变化预估[J]. 大气科学，2012，36(2)：234－246.

[11] TANG Xiuli, CAO Xueren, ZHOU Yilin, et al. Effects of climate change on epidemics of powdery mildew in winter wheat in China [J]. Plant Disease, 2017, 101(10): 1753－1760.

[12] JONATHAN T O, GERALD A M, BONY S, et al. Climate data challenges in the 21st century [J]. Science, 2011, 331(6018): 700－702.

[13] 周天军，李立娟，李红梅，等. 气候变化的归因和预估模拟研究[J]. 大气科学，2008，32(4)：906－922.

[14] 彭居俐，周益林，何中虎. 警惕麦瘟病全球扩散[J]. 麦类作物学报，2011，31(5)：989－993.

[15] 何心尧，郝元峰，周益林，等. 麦瘟病研究进展与展望[J]. 作物学报，2017，43(8)：1105－1114.

[16] IPCC. Climate change 2013: The physical science basis [R]// Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge: Cambridge University Press, 2013: 1535.

[17] 周海涛，那晓东，臧淑英，等. 最大熵(Maxent)模型在物种栖息地研究中的应用[J]. 环境科学与管理，2016，41(3)：149－151.

[18] 王运生，谢丙炎，万方浩，等. ROC 曲线分析在评价入侵物种分布模型中的应用[J]. 生物多样性，2007，15(4)：365－372.

[19] LAURA Y. First international wheat blast meeting held in Brazil [R]. Mexico: CIMMYT Informe, 2010.

[20] CARDOSO C A D A, REIS E M, MOREIRA E N, et al. Development of a warning system for wheat blast caused by *Pyricularia grisea* [J]. Summa Phytopathologica, 2008, 34(3): 216－221.

[21] ISLAM M T, KIM K H, CHOI J. Wheat blast in Bangladesh: the current situation and future impacts [J]. The Plant Pathology Journal, 2019, 35(1): 1－10.

（责任编辑：杨明丽）

（上接 140 页）

[26] 缪勇，高希武，江俊起，等. 甘蓝与大蒜间作对甘蓝田主要害虫及节肢动物群落的影响[J]. 华南农业大学学报，2013，34(3)：352－355.

[27] 乔海莉. 甘蓝田蜘蛛群落重建及优势种蜘蛛对主要害虫的捕食效应研究[D]. 晋中：山西农业大学，2004.

[28] 桑志. 甘蓝田节肢动物群落结构及天敌优势种评价研究[D]. 合肥：安徽农业大学，2007.

[29] 王智，李文健，王文龙，等. 稻田蜘蛛群落物种丰富度动态分析[J]. 北华大学学报(自然科学版)，2002(1)：65－68.

[30] 邢树文，梁秀霞. 不同海拔茶园结网型与游猎型蜘蛛亚群落特征差异[J]. 韩山师范学院学报，2019，40(3)：25－33.

[31] 姚绍刚. 马尾松林节肢动物多样性及其与森林健康的关系研究[D]. 福州：福建农林大学，2011.

[32] 李海强，张建萍，陆宴辉. 果棉间作对棉田节肢动物群落结构的影响[J]. 植物保护，2021，47(2)：233－238.

[33] 李巍巍. 泰安茶园天敌资源调查及研究[D]. 泰安：山东农业大学，2013.

[34] 邢树文，梁秀霞，朱慧，等. 不同类型茶园游猎型蜘蛛亚群落特征的研究[J]. 植物保护，2019，45(6)：192－200.

[35] 徐世才，李静，李丹阳，等. 沙芥田节肢动物群落多样性分析[J]. 植物保护，2015，41(4)：39－45.

[36] 王鹏南，王丽艳，林志伟，等. 烟田节肢动物群落多样性调查研究[J]. 安徽农学通报，2014，20(15)：27－29.

[37] 王洪全. 稻田蜘蛛数量变动及其原因分析[J]. 湖南师范大学自然科学学报，1983(S2)：17－26.

（责任编辑：杨明丽）