基于全子集回归和 BP 神经网络的水稻纹枯病预测模型研究

户雪敏[1]， 林汉龙[2]， 陈观浩[3]， 王春生[1]， 陈利军[1]， 史洪中[1*]

（1. 信阳农林学院农学院，信阳 464000；2. 广东省化州市笪桥镇综合事务中心，化州 525132；
3. 广东省化州市病虫测报站，化州 525100）

摘要 水稻纹枯病是水稻的三大病害之一，严重影响水稻的产量和品质。本研究利用 1986 年－2014 年广东化州地区空气温度、相对湿度、降雨量和日照时数等数据，通过相关性分析筛选到了影响水稻纹枯病流行的 9 个关键因子，并采用全子集回归和 BP 神经网络算法对化州地区水稻纹枯病发生程度进行预测。结果表明，全子集回归模型 1 和模型 2 对 1986 年－2014 年水稻纹枯病发生程度的回测准确度分别为 95.6%和 95.2%，对 2015 年－2018 年的平均预测准确度分别为 90%和 92.5%；BP 神经网络模型 1 和模型 2 的回测准确度分别为 94.5%和 95.2%，平均预测准确度均为 82.5%。由上可知，全子集回归模型的预测准确度高于 BP 神经网络模型，可应用于水稻纹枯病的预测预报。

关键词 水稻纹枯病； 发生程度； 全子集回归； BP 神经网络算法

中图分类号： S 435.121 **文献标识码**： A **DOI**： 10.16688/j.zwbh.2024666

Prediction of rice sheath blight based on full subset regression and BP neural network

HU Xuemin[1]， LIN Hanlong[2]， CHEN Guanhao[3]， WANG Chunsheng[1]，
CHEN Lijun[1]， SHI Hongzhong[1*]

（1. *College of Agronomy, Xinyang Agriculture and Forestry University, Xinyang* 464000, *China*; 2. *Daqiao Town Comprehensive Affairs Center of Huazhou, Guangdong Province, Huazhou* 525132, *China*; 3. *Forecast Station of Plant Diseases and Insect Pests of Huazhou, Guangdong Province, Huazhou* 525100, *China*）

Abstract Rice sheath blight, one of the three major diseases affecting rice, causes serious yield and quality losses. In this study, meteorological data including air temperature, relative humidity, rainfall, and sunshine hours from Huazhou, Guangdong province, collected from 1986 to 2014, were analyzed to identify nine key climatic factors influencing the epidemic dynamics of rice sheath blight through correlation analysis. Based on these factors, prediction models for disease severity were developed using full subset regression and BP (back-propagation) neural network algorithms. The results demonstrated that full subset regression models 1 and 2 achieved back-testing accuracies of 95.6% and 95.2%, respectively, for the 1986 － 2014 period, and average prediction accuracies of 90% and 92.5% for 2015－2018. In contrast, BP neural network models 1 and 2 showed back-testing accuracies of 94.5% and 95.2%, and average prediction accuracies of 82.5%. Overall, the full subset regression models achieved higher prediction accuracy compared to the BP neural network models, indicating their potential application in the prediction and forecasting of rice sheath blight outbreaks.

Key words rice sheath blight； disease severity； full subset regression； BP neural network algorithm

水稻，作为我国的主要粮食作物，承载着国家粮食安全的重任，关乎国计民生。由立枯丝核菌 *Rhizoctonia solani* 引起的纹枯病是水稻上的一种重要真菌性病害，作为水稻上三大病害之一，水稻纹枯病病原菌具有较强的寄生性和腐生性，在水稻整个生育期均可发生[1-3]。随着氮肥施用量增加、矮秆高产品种

收稿日期： 2024－12－19 **修订日期**： 2025－03－30
基金项目： 信阳市科技攻关项目(20250070)；广东省科技计划(2013B020416002)
* 通信作者 E-mail：shz666@sina.com

的推广、全球气温升高和种植密度增加等因素，水稻纹枯病的发生呈现出逐年加重的趋势，严重时造成的损失达到50%以上[4-7]。农药防治是我国作物病害防治的重要措施，但防治时间把握不准会导致农药浪费、环境污染和农产品质量安全等重大问题。因此，做好监测预警是农作物病虫害防控的前提和基础[8-9]。

近年来，许多学者建立了不同地区的水稻纹枯病预测模型，提高了病害预测的准确度。李颖丽等[10]建立了基于气象因子和时效因子的衡阳地区水稻纹枯病病情指数模型，该模型能准确预测水稻纹枯病的发生程度。张雪雪[11]基于气象因子对安徽、江苏、浙江、湖南、湖北5个省份水稻纹枯病发展进行了多时相动态预测，预测结果与实际发生情况高度吻合。张静文等[12]基于气象数据建立了湖南省12个县市的水稻纹枯病Logistic-RICEBLA预测模型，实现了对水稻纹枯病发病等级的动态预测。陈观浩[13]和林汉龙等[14]基于灰色预测和逐步回归分析分别建立了广东化州地区水稻纹枯病预测模型，两个模型均具有较高的准确度。Savary等[15]建立了基于气象数据的水稻病害EPIRICE模型，并结合GIS技术在全球范围内运用该模型进行病害预警。Kim等[16]建立了韩国水稻叶瘟病和纹枯病时间动态预测模型，并结合RCP4.5和RCP8.5气候模式评估了两种病害未来发展趋势。楚岱蔚等[17]建立了基于日促病指数的杭州市余杭区水稻纹枯病病株率预测模型，经验证该模型的预测准确度在80%以上。

广东化州地区为水稻的主产区之一，该地区属于亚热带季风气候，拥有适宜水稻生长的气候和土壤条件。由于化州具有温暖潮湿的环境，适宜水稻纹枯病的发生和流行。因此，准确预测化州地区水稻纹枯病的发生程度，对于保障当地及更广泛区域的粮食安全具有重要意义。目前，在对化州地区的水稻纹枯病的预测中，还未见到基于全子集回归和BP神经网络的预测模型。本研究分析水稻纹枯病发生程度与气象条件的关系，基于关键气象因子构建广东化州地区水稻纹枯病的全子集回归模型和BP神经网络模型，以期为该地区水稻纹枯病的精准预测提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 数据收集

广东化州地区1986年—2018年的水稻纹枯病发生程度数据来自化州市病虫测报站，数据获取时间为6月中旬，此时是水稻纹枯病病情稳定期（图1）。将化州市早稻纹枯病实际发生程度（y）划分为轻（1级）、中等偏轻（2级）、中等发生（3级）、中等偏重（4级）和大发生（5级）。收集并整理了中国气象网1986年—2018年每年4月—6月化州地区的日平均空气温度、最高空气温度、最低空气温度、平均相对湿度、最低相对湿度、降雨量和日照时数等气象数据，通过处理后得到该时间段的旬平均气温（T_{a1}～T_{a9}）、旬最高气温（T_{max10}～T_{max18}）、旬最低气温（T_{min19}～T_{min27}）、旬平均相对湿度（RH_{a28}～RH_{a36}）、旬最低相对湿度（RH_{min37}～RH_{min45}）、旬平均日照时数（S_{a46}～S_{a54}）、旬降雨量（R_{55}～R_{63}）和旬降雨天数（R_{d64}～R_{d72}）

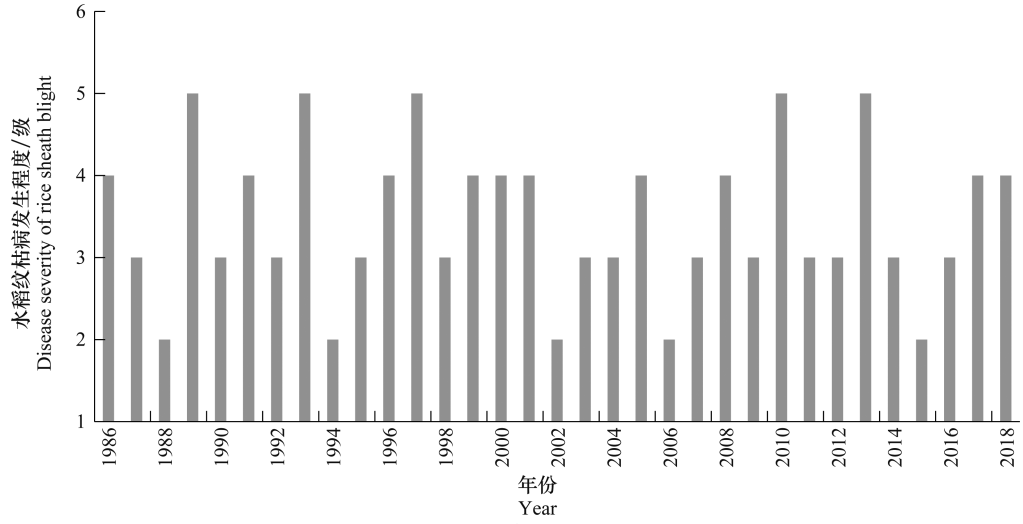


图1 1986年—2018年广东化州水稻纹枯病发生程度

Fig. 1 Disease severity of rice sheath blight in Huazhou, Guangdong province, from 1986 to 2018

等共 72 个气象因子。以上气象数据来自中国气象数据网(http://data.cma.cn/)。

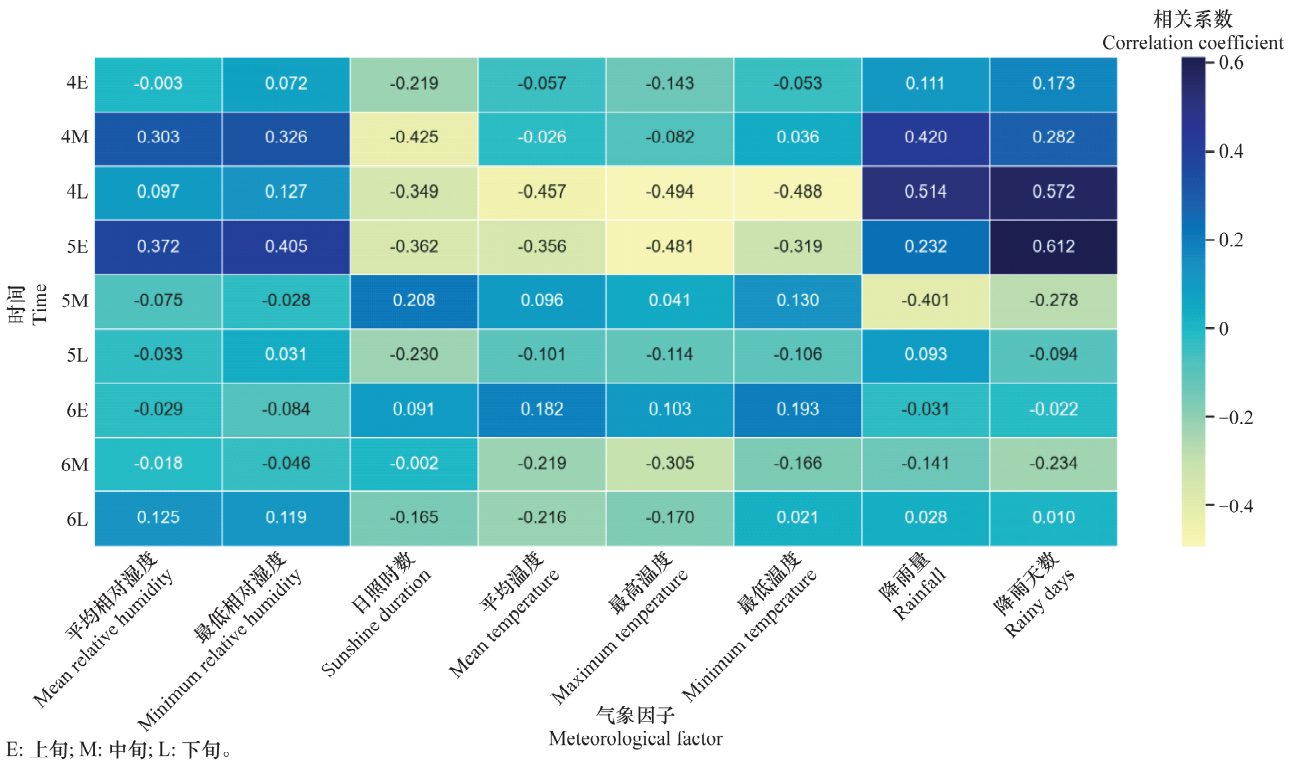
1.2　数据分析方法

基于 1986 年—2014 年化州地区水稻纹枯病发生程度和气象数据,利用 Pearson 相关性分析筛选与水稻纹枯病发生程度显著相关的气象因子。利用全子集回归和 BP 神经网络算法建立化州地区水稻纹枯病发生程度预测模型,并验证预测模型的准确度。利用 1986 年—2014 年纹枯病发生程度数据作为建模样本,2015 年—2018 年数据作为检验样本。其中全子集回归采用 R Studio version 4.0.5 软件中 leaps 包运算,BP 神经网络算法运用 Matlab 编程语言编写,选用 3 层 BP 神经网络,即输入层、隐藏层和输出层,采用 Pearson 相关法对 1986 年—2014 年历史数据进行主导因素分析,并结合水稻纹枯病发生的生物性特性,建立 BP 神经网络模型。利用决定系数 R^2 和均方根误差(root mean squared error,RMSE)作为全子集回归分析的评价指标。决定系数 R^2 越高,预测模型拟合程度越好。RMSE 通过实际值与预测值的偏差来判断预测模型的准确性。拟合准确度以预测发生程度与实际发生程度相差 0.5 级以下为符合,记 100%;相差 0.5～1.0 级为基本符合,记 80%;相差 1.1～1.5 级记 70%;相差 1.6 级以上为不符合,记 0。历史符合度和预报准确度为相应各年符合程度准确度的平均值[18-19]。

2　结果与分析

2.1　主要流行因子分析

对广东化州地区 1986 年—2014 年不同气象因子与水稻纹枯病发生程度的关系进行分析,结果表明,化州地区水稻纹枯病发生程度与 4 月下旬平均气温(T_{a3})、4 月中旬日照时数(S_{a47})、5 月中旬降雨量(R_{59})呈显著负相关关系($P<0.05$),相关系数分别为 0.457、0.425 和 0.401;与 4 月下旬最高气温(T_{max12})、5 月上旬最高气温(T_{max13})和 4 月下旬最低气温(T_{min21})呈极显著负相关关系($P<0.01$),相关系数分别为 0.494、0.481 和 0.488;与 5 月上旬平均相对湿度(RH_{a31})、5 月上旬最低相对湿度(RH_{min40})和 4 月中旬降雨量(R_{56})呈显著正相关($P<0.05$),相关系数分别为 0.372、0.405 和 0.420;与 4 月下旬降雨量(R_{57})、4 月下旬降雨天数(R_{d66})和 5 月上旬降雨天数(R_{d67})呈极显著正相关($P<0.01$),相关系数分别为 0.514、0.572 和 0.612,与其他气象因子无显著相关性($P>0.05$)(图 2)。



E: 上旬; M: 中旬; L: 下旬。
E: Early ten days of the month; M: Middle ten days of the month; L: Last ten days of the month.

图 2　各气象因子与水稻纹枯病发生面积的相关性

Fig. 2　Correlation between meteorological factors and the affected area of rice sheath blight

2.2 预测模型的建立和验证

2.2.1 全子集回归分析

基于1986年—2014年广东化州地区水稻纹枯病发生程度和相关气象数据，通过Pearson相关性分析并结合生物学特性，选取4月中旬最低相对湿度(RH_{min38})、4月下旬平均气温(T_{a3})、4月下旬最高气温(T_{max12})、4月下旬最低气温(T_{min21})、4月下旬降雨天数(R_{d66})、5月上旬降雨天数(R_{d67})、5月中旬降雨量(R_{59})、5月上旬平均相对湿度(RH_{a31})、5月上旬最低相对湿度(RH_{min40})、4月中旬日照时数(S_{a47})、4月中旬累积降雨量(R_{56})、4月下旬降雨量(R_{57})和5月上旬最高气温(T_{max13})作为自变量因子构建预测模型。当预测模型分别选用因子集1(RH_{min38}、T_{a3}、T_{max12}、T_{min21}、R_{d66}、R_{d67}、R_{59})和因子集2(RH_{min38}、T_{a3}、T_{max12}、T_{min21}、R_{d66}、RH_{a31}、RH_{min40}、R_{d67})时，调整R^2值均大于75%，最终选择R^2最高的2个组合分别构建模型1和模型2(图3)。模型1和模型2分别为：

$$y_1 = 0.043\ 9RH_{min38} + 1.684\ 1T_{a3} - 0.684\ 7T_{max12} - 1.098\ 4T_{min21} + 0.174\ 6R_{d66} + 0.179\ 9R_{d67} - 0.002\ 0R_{59} + 1.348\ 8$$

$$y_2 = 0.064\ 9RH_{min38} + 1.264\ 3T_{a3} - 0.516\ 6T_{max12} - 0.877\ 6T_{min21} + 0.203\ 9R_{d66} - 0.091\ 6RH_{a31} + 0.058\ 2RH_{min40} + 0.159\ 0R_{d67} + 4.105\ 4$$

式中，RH_{min38}的取值范围为54.70%～84.50%；T_{a3}的取值范围为22.05～27.50℃；T_{max12}的取值范围为24.82～31.03℃；T_{min21}的取值范围为19.86～26.06℃；R_{d66}的取值范围为0～8 d；R_{d67}的取值范围为1～8 d；R_{59}的取值范围为0～252.30 mm；RH_{a31}的取值范围为79.40%～91.70%；RH_{min40}的取值范围为54.60%～81.30%。

利用全子集回归模型对1986年—2014年化州地区水稻纹枯病发生程度进行回测(图4)，结果表明模型1和模型2的拟合符合率分别为95.6%和95.2%。利用2015年—2018年的田间水稻纹枯病实际发生程度数据对模型的预测结果进行检验，结果表明模型1和模型2的预测准确度分别为90%和92.5%，模型1和模型2的AIC值分别为46.652 1和47.465 0，RMSE分别为0.40和0.39(表1)。全子集回归预测模型1的残差偏度和峰度分别为0.171

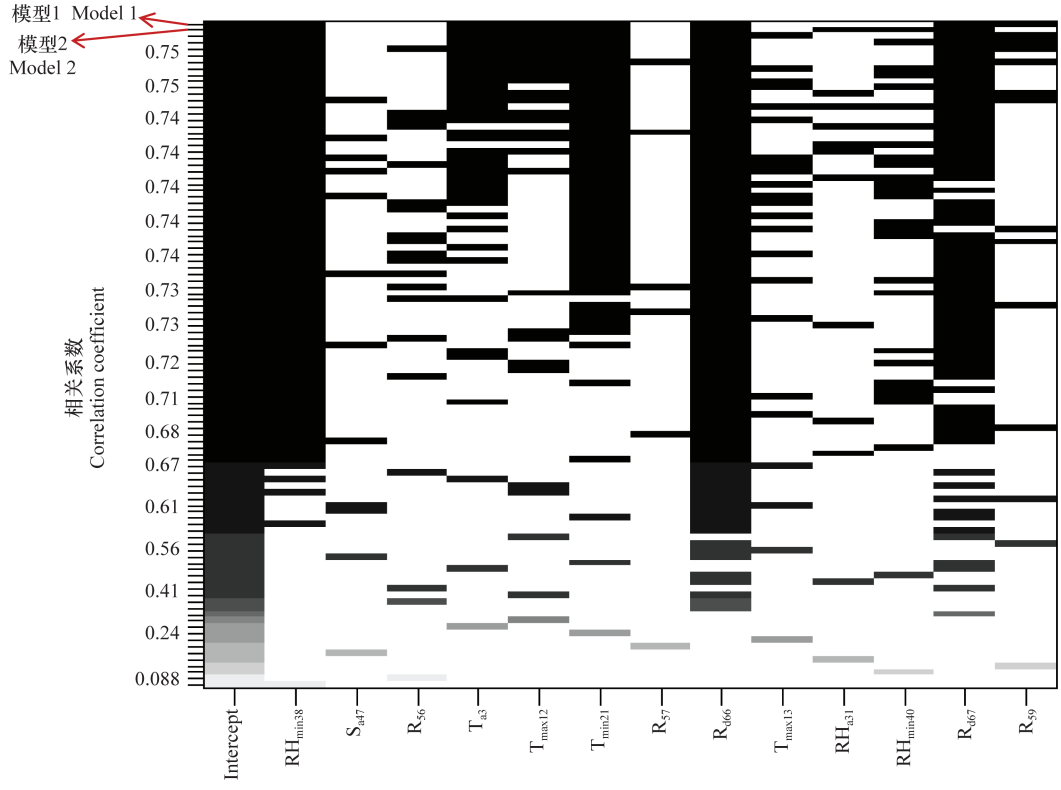


图3 全子集回归分析结果

Fig. 3 Results of full subsets regression analysis

和－0.320,全子集回归模型 2 的残差偏度和峰度分别为－0.067 和－0.036,2 个模型的偏度和峰度误差为 0.434 和 0.845,分析结果表明 2 个模型的残差分布均服从正态分布(图 5,表 2)。

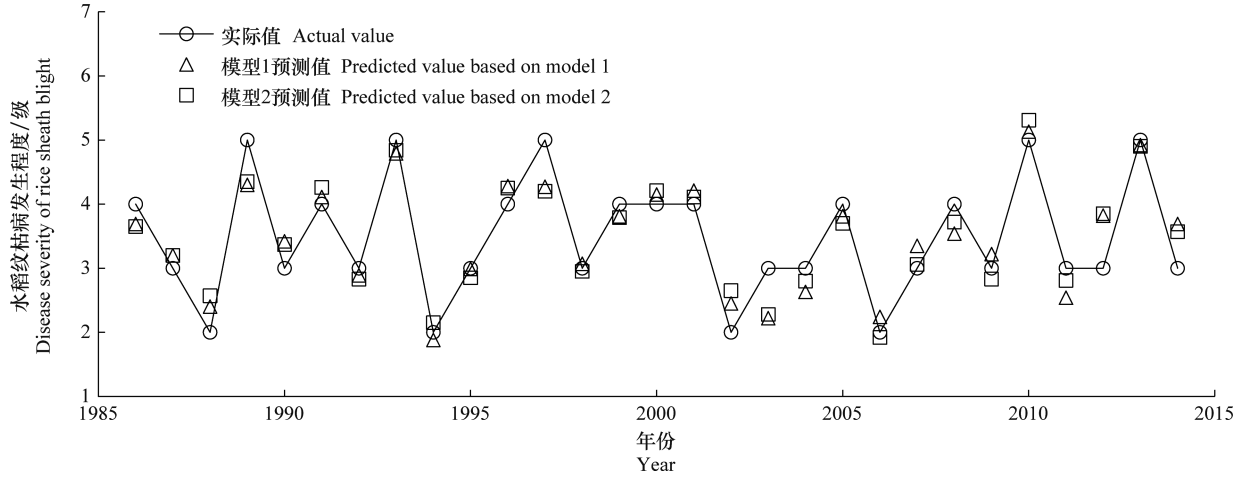


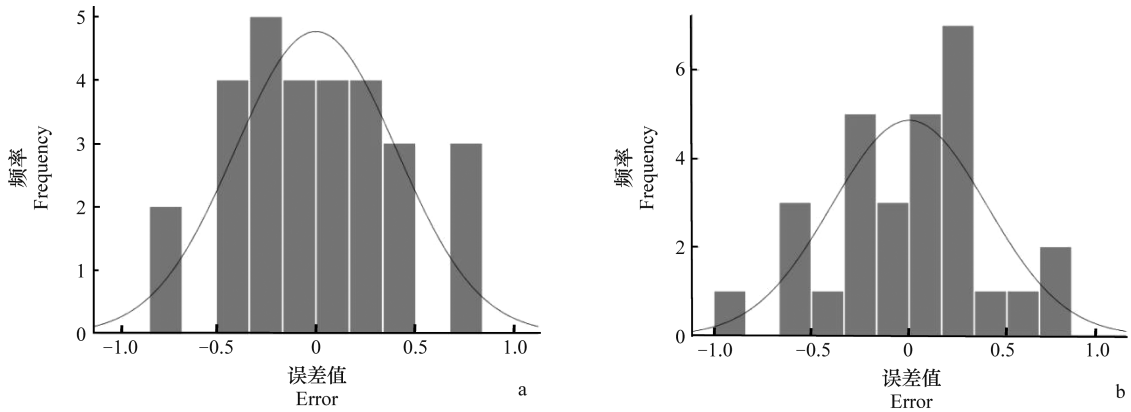
图 4　广东化州地区水稻纹枯病发生程度实际值与全子集回归分析预测模型预测值比较

Fig. 4　Comparison between observed and predicted disease severity of rice sheath blight based on the full subsets regression prediction model in Huazhou, Guangdong

表 1　全子集回归预测模型评价指标计算结果

Table 1　Evaluation metrics of full subsets regression prediction model

模型 Model	回测准确度/% Back-testing accuracy	预测准确度/% Prediction accuracy	赤池信息准则(AIC) Akaike information criterion	均方根误差(RMSE) Root mean square error
模型 1　Model 1	95.6	90.0	46.652 1	0.40
模型 2　Model 2	95.2	92.5	47.465 0	0.39



a: 模型1残差分布; b: 模型2残差分布。
a: Residual distribution of model 1; b: Residual distribution of model 2.

图 5　全子集回归预测模型残差分布

Fig. 5　Residual distributions of full subset regression prediction model

表 2　全子集回归模型的残差正态性检验结果

Table 2　Results of normality tests for residuals of the full subset regression model

模型 Model	样本量(n) Sample size (n)	偏度(标准误差) Skewness (standard error)	峰度(标准误差) Kurtosis (standard error)	正态分布 Normality
模型 1　Model 1	29	0.171(0.434)	－0.320(0.845)	是
模型 2　Model 2	29	－0.067(0.434)	－0.036(0.845)	是

2.2.2 BP 神经网络模型的构建

利用全子集回归模型筛选出的因子集 1(RH_{min38}、T_{a3}、T_{max12}、T_{min21}、R_{d66}、R_{d67}、R_{59})和因子集 2(RH_{min38}、T_{a3}、T_{max12}、T_{min21}、R_{d66}、RH_{a31}、RH_{min40}、R_{d67})分别作为 BP 神经网络模型的输入层,以当年化州地区水稻纹枯病发生程度作为输出层,设置最大迭代次数为 23 000,学习率设定为 0.000 2,设定误差在连续 6 次检验后不下降就停止学习,目标误差设定为 0.000 1,隐含层激活函数为 sigmoid 函数。建立的 BP 神经网络模型 1 对 1986 年—2014 年广东化州地区水稻纹枯病发生程度的回测值分别为 3.65、3.11、2.38、4.36、3.37、4.11、3.00、4.82、2.36、2.91、4.35、4.05、2.62、3.56、4.18、3.71、2.45、2.45、2.30、3.82、2.53、3.56、4.06、3.11、5.15、2.54、3.60、5.02 级和 3.85 级;建立的 BP 神经网络模型 2 回测结果分别为 3.57、3.12、2.49、4.39、3.37、4.24、2.85、4.89、2.40、2.80、4.31、4.19、2.61、3.51、4.21、3.77、2.58、2.38、2.50、3.77、2.51、3.36、4.22、2.73、5.06、2.75、3.72、5.02 级和 3.74 级(图 6)。模型 1 和模型 2 回测准确度分别为 94.5%和 95.2%。模型 1 预测 2015 年—2018 年广东化州水稻纹枯病发生程度分别为 2.57、4.10、4.41 级和 4.94 级,模型 2 预测的结果分别为 2.60、4.47、4.37 级和 4.77 级,2 个模型的平均预测准确度均为 82.5%。模型 1 和模型 2 的 RMSE 分别为 0.43 和 0.42(表 3)。BP 神经网络模型 1 的残差偏度和峰度分别为 0.215 和—0.558,BP 神经网络模型 2 的残差偏度和峰度分别为 0.015 和—0.999,2 个模型的偏度和峰度误差为 0.434 和 0.845,分析结果表明 2 个 BP 神经网络模型的残差分布均服从正态分布(图 7,表 4)。

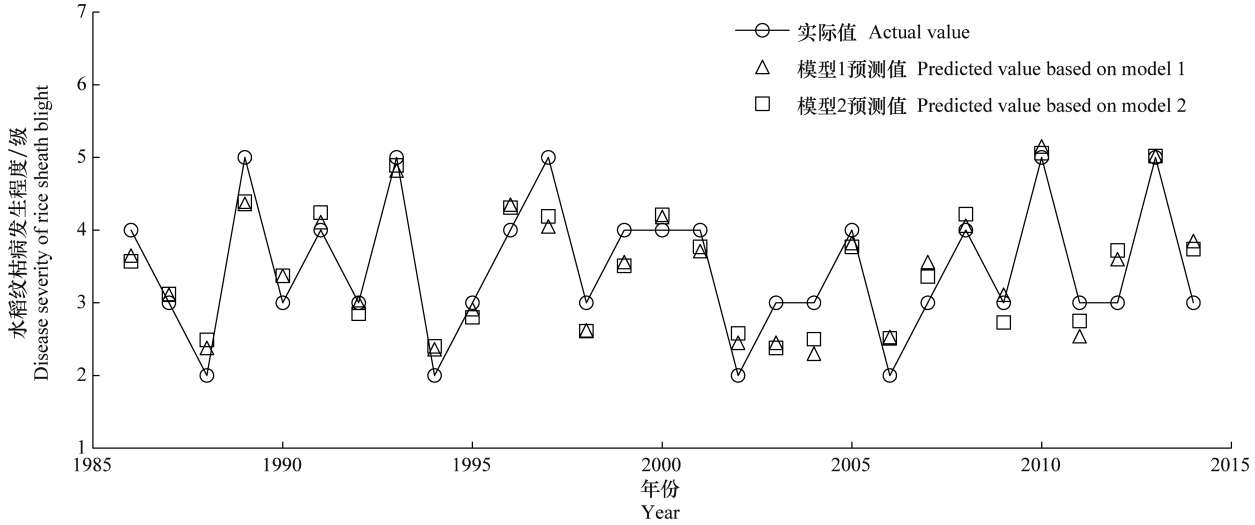


图 6 广东化州水稻纹枯病发生程度实际值与 BP 神经网络模型预测值比较

Fig. 6 Comparison between observed and predicted disease severity of rice sheath blight based on the BP neural network model in Huazhou, Guangdong

表 3 BP 神经网络预测模型评价指标计算结果

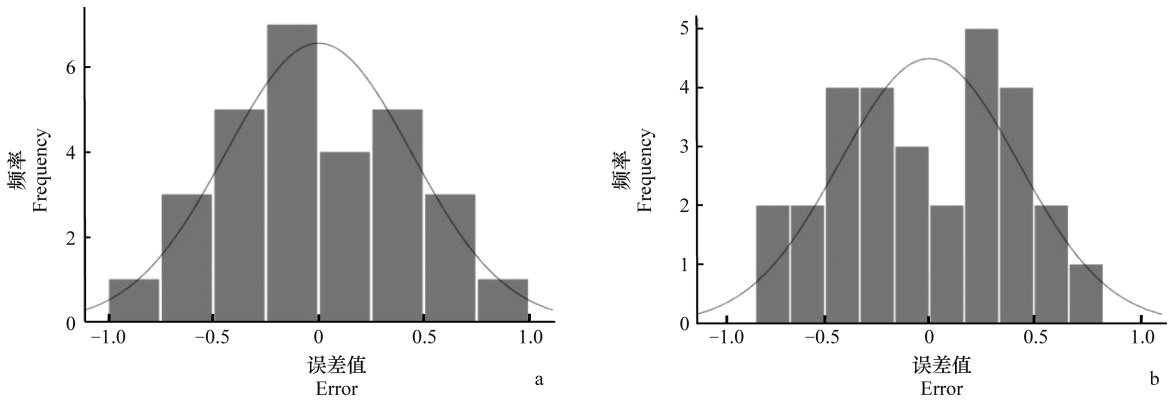
Table 3 Evaluation metrics of BP neural network prediction model

模型 Model	回测准确度/% Back-testing accuracy	预测准确度/% Prediction accuracy	均方根误差 RMSE
模型 1 Model 1	94.5	82.5	0.43
模型 2 Model 2	95.2	82.5	0.42

表 4 BP 神经网络模型的残差正态性检验结果

Table 4 Results of normality tests for residuals of BP neural network model

模型 Model	样本量(n) Sample size (n)	偏度(标准误差) Skewness (standard error)	峰度(标准误差) Kurtosis (standard error)	正态分布 Normality
模型 1 Model 1	29	0.215(0.434)	—0.558(0.845)	是
模型 2 Model 2	29	0.015(0.434)	—0.999(0.845)	是



a: 模型1残差分布; b: 模型2残差分布。
a: Residual distribution of model 1; b: Residual distribution of model 2.

图 7　BP 神经网络预测模型残差分布

Fig. 7　Residual distribution of BP neural network prediction model

3　结论与讨论

水稻是中国的主要粮食作物,超过 60%的人口以稻米为主食,因此水稻的高产稳产对于确保国家粮食安全至关重要。本研究通过分析 29 年间化州地区气象条件与水稻纹枯病发生程度之间的关系,构建了基于关键气象因子的水稻纹枯病发生程度的全子集回归模型和 BP 神经网络模型。其中,全子集回归模型的预测准确度在 90%以上,BP 神经网络模型的预测准确度在 80%以上。在本研究中,全子集回归模型的预测准确度高于 BP 神经网络模型的主要原因有:首先,全子集回归模型会尝试所有可能的特征组合,从而找到最优的特征子集,进而消除不相关或冗余的特征,提高模型的预测能力;其次,全子集回归通常有明确的优化目标(如 AIC、BIC 等),而 BP 神经网络的训练目标函数(如均方误差)可能需要更复杂的优化过程;第三,神经网络需要大量的数据来训练其复杂的模型结构。因此,在数据量较小的情况下,全子集回归比 BP 神经网络表现更好。此外,BP 神经网络预测模型中的预测值低于回测值,经验证其因子之间有轻微的自相关。这是因为我们在因子选择时,不仅考虑了因子与发生程度是否存在显著相关,还结合了水稻纹枯病的生物学特性。分析表明,去除该模型中任何一个因子,模型的 R^2 均会降至 0.7 以下,影响了预测准确度。

水稻纹枯病的发生与气象因子有着密切的关系。研究表明,当空气温度在 28～32℃、相对湿度 80%～90%、雨日较多时适合水稻纹枯病的发生和流行[14,17]。本研究结果表明,水稻纹枯病发生程度与 4 月下旬降雨天数和 5 月上旬降雨天数呈显著正相关。1986 年－2014 年 4 月下旬降雨天数和 5 月上旬降雨天数超过 3 d 的样本分别占总年份的 60%和 85%。降雨天数多,可以增加立枯丝核菌通过雨水传播到稻株上的概率,从而提高水稻纹枯病的发病率。此外,5 月上旬平均相对湿度也与水稻纹枯病的发生程度呈显著正相关。高湿环境有利于立枯丝核菌的生长和繁殖,连续的降雨会导致田间湿度长时间保持在较高水平,为病原菌提供良好的生长条件。1986 年－2014 年 4 月下旬平均空气温度与纹枯病发生程度呈显著负相关,主要是由于该时间段的温度集中在 22～27℃,低于纹枯病流行的最适温度。此外,4 月下旬和 5 月上旬降雨较为频繁,而连续的降雨可能影响空气湿度、田间湿度和空气温度等,进而影响纹枯病的流行。因此,在模型建立的过程中,不仅要考虑单个气象因子对病害的作用,还应该分析不同气象因子间交互作用对纹枯病流行的影响。

在模型构建过程中,我们充分考虑了数据预处理、特征选择、模型训练和验证等各个环节,提高了模型的解释性和预测能力。然而,该模型也存在一定的局限性,好的模型依赖于大量准确和完整的数据,本文中使用的数据量有限,特别是缺少 2019－2024 年的田间纹枯病调查数据,可能会使模型在某些特定环境下的预测效果不佳;该模型是利用化州地区的发病数据和气象数据构建而成,在其他地区的适用性还需进一步验证;水稻纹枯病的发生和流行受到田间小气候、管理水平等多种因素的影响。本模型仅考虑了气象因素与水稻纹枯病发生程度的

关系，可能会影响模型的稳定性和准确度。未来的研究中，会持续收集田间病情数据，以进一步完善病害预测模型的精度与普适性。此外，也会在模型中引入更多相关因子，如品种抗性、栽培技术、初始菌源量、种植密度及氮肥施用量等，进而提高模型的适用性[17]。最后，将预测模型与遥感、大数据和物联网等现代信息技术结合，以实现水稻纹枯病的实时监测和预测[20]。开展预测模型在不同地区、不同品种水稻上的适用性研究，为全国范围内水稻纹枯病的精准防控提供依据。

参考文献

[1] 韩晓彤，杨保军，李苏炫，等. 基于图像的水稻纹枯病智能测报方法[J]. 中国农业科学，2022，58(8)：1557－1567.

[2] ZUO Shimin，ZHANG Yafei，CHEN Zongxiang，et al. Current progress on genetics and breeding in resistance to rice sheath blight [J]. Scientia Sinica Vitae，2010，40(11)：1014－1023.

[3] 刘晓梅，梁卫，苏兰淇，等. 吉林省水稻主栽品种对纹枯病的抗性评价与抗源筛选[J]. 东北农业科学，2023，48(5)：76－80.

[4] SAVARY S，CASTILLA N，ELAZEGUI F，et al. Direct and indirect effects of nitrogen supply and disease source structure on rice sheath blight spread [J]. Phytopathology，1995，85(9)：959－965.

[5] 周而勋，曹菊香，杨媚，等. 水稻纹枯病组织病理学的研究进展[J]. 仲恺农业技术学院学报，2002，15(6)：61－65.

[6] 王艳青. 近年来中国水稻病虫害发生及趋势分析[J]. 中国农学通报，2006，22(2)：343－347.

[7] 孟庆忠，刘志恒，王鹤影，等. 水稻纹枯病研究进展[J]. 沈阳农业大学学报，2001(5)：376－381.

[8] 胡小平，户雪敏，马丽杰，等. 作物病害监测预警研究进展[J]. 植物保护学报，2022，49(1)：298－315.

[9] 刘杰，王福祥，曾娟，等. 贯彻《农作物病虫害防治条例》走好依法植保道路[J]. 中国植保导刊，2020，40(7)：5－9.

[10] 李颖丽，刘二明，任佐华，等. 水稻纹枯病病情指数预测模型研究[J]. 中国植保导刊，2016，36(1)：47－53.

[11] 张雪雪. 气象因子驱动的水稻纹枯病发展动态预测模型研究[D]. 杭州：杭州电子科技大学，2020.

[12] 张静文，张竞成，张雪雪，等. 耦合气象影响因素和 Logistic 方程的水稻纹枯病发病等级动态预测模型研究[J]. 植物保护，2022，48(3)：172－180.

[13] 陈观浩. 灰色系统理论在水稻纹枯病发生面积预报中的应用[J]. 广东农业科学，2000(1)：36－37.

[14] 林汉龙，谢春生，袁传，等. 早稻纹枯病发生的气象条件分析及预报[J]. 生物灾害科学，2021，44(3)：294－299.

[15] SAVARY S，NELSON A，WILLOCQUET L，et al. Modeling and mapping potential epidemics of rice diseases globally [J]. Crop Protection，2012，34：6－17.

[16] KIM K H，CHO J，LEE Y H，et al. Predicting potential epidemics of rice leaf blast and sheath blight in South Korea under the RCP 4.5 and RCP 8.5 climate change scenarios using a rice disease epidemiology model，EPIRICE [J]. Agricultural & Forest Meteorology，2015，203：191－207.

[17] 楚岱蔚，张舟娜，王琼洁，等. 水稻纹枯病气象等级预报方法与应用[J]. 中国农学通报，2023，39(29)：74－78.

[18] 陈观浩，张耀忠，杨果丰. 晚稻稻瘿蚊主害代发生程度的预测模型[J]. 华东昆虫学报，2006，15(2)：137－139.

[19] 娄伟平，陈先清，吴利红，等. 基于投影寻踪理论的稻飞虱发生程度预测模型[J]. 生态学杂志，2008，27(8)：1438－1443.

[20] 田洋洋，吴开华，李惠紫，等. 综合多源遥感信息的水稻纹枯病区域生境适宜性评价[J]. 遥感学报，2024，28(10)：2469－2484.

（责任编辑：杨明丽）

（上接 112 页）

[35] SARAVANAKUMAR K，WANG M. Isolation and molecular identification of *Trichoderma* species from wetland soil and their antagonistic activity against phytopathogens [J/OL]. Physiological and Molecular Plant Pathology，2020，109：101458. DOI：10.1016/j.pmpp.2020.101458.

[36] OWNLEY B H，GWINN K D，VEGA F E. Endophytic fungal entomopathogens with activity against plant pathogens：ecology and evolution [J]. BioControl，2010，55(1)：113－128.

[37] BENHAMOU N，BRODEUR J. Pre-inoculation of Ri T-DNA transformed cucumber roots with the mycoparasite，*Verticillium lecanii*，induces host defense reactions against *Pythium ultimum* infection [J]. Physiological and Molecular Plant Pathology，2001，58(3)：133－146.

[38] RHOUMA A，HEDFI H L，BOUQELLAH A N，et al. Uniting the role of entomopathogenic fungi against *Rhizoctonia solani* JG Kühn，the causal agent of cucumber damping-off and root rot diseases [J]. Phyton-International Journal of Experimental Botany，2024，93(11)：2857－2881.

[39] GANGE C A，KORICHEVA J，CURRIE F C，et al. Meta-analysis of the role of entomopathogenic and unspecialized fungal endophytes as plant bodyguards [J]. The New Phytologist，2019，223(4)：2002－2010.

[40] 隋丽，路杨，迟瑞凯，等. 玉米大斑病胁迫下球孢白僵菌对玉米植株的影响及定殖规律[J]. 中国生物防治学报，2023，39(4)：804－812.

[41] RONDOT Y，REINEKE A. Endophytic *Beauveria bassiana* activates expression of defence genes in grapevine and prevents infections by grapevine downy mildew *Plasmopara viticola* [J]. Plant Pathology，2019，68(9)：1719－1731.

（责任编辑：杨明丽）