科学通报 2016 年 第 61 卷 第 8 期: 901 ~ 911
论 文
《中国科学》杂志社
SCIENCE CHINA PRESS

# 栎树猝死病在云南省的时空传播模拟

方舟[①②], 曹春香[①*], 姬伟[①]

① 中国科学院遥感与数字地球研究所, 北京 100094;
② 航天恒星科技有限公司, 北京 100086
* 联系人, E-mail: caocx@radi.ac.cn

2015-05-31 收稿, 2015-08-31 修回, 2015-08-31 接受, 2016-02-02 网络版发表
林业公益性行业科研专项(201504323)和国家自然科学基金(41171330)资助

**摘要** 栎树猝死病(SOD)已在美国及欧洲等地持久地、大规模爆发, 对当地森林生态系统和森林经济造成重大影响. 栎树猝死病的主要寄主植物在中国都有广泛的分布, 中国的气候条件也适合该病菌的发生与扩散. 选取云南省作为中国典型研究区, 分别针对EU与NA病菌谱系, 考虑国外SOD发生地的病菌传播机制, 在空间信息技术获取的环境因子支持下, 构建病菌在云南省的时空传播模拟模型, 研究假设栎树猝死病菌入侵后, 病菌在云南省的时空传播规律. 研究表明: NA谱系产生孢子的接触率和感染面积均高于EU谱系; 两种谱系的模拟结果都较好地与在爆发地的监测数据吻合; 分析表明如果栎树猝死病菌侵入中国, 对感染栎树猝死病菌的寄主采取防治措施的时间应在4月之前.

**关键词** 栎树猝死病, 时空动态模拟, 元胞自动机, 气象因子, 遥感, 地理信息系统

栎树猝死病(Sudden Oak Death, SOD)是由栎树猝死病菌(*Phytophthora ramorum*, *P.ramorum*)引起的植物病害, 能够在短短数周内对寄主植被造成枝干溃疡、枝叶枯萎等致命伤害. 栎树猝死病菌于1993年首次在德国和荷兰的杜鹃(*Rhododendron* spp.)与荚蒾(*Viburnum* spp.)上被检测出, 于1996年在美国加州沿海地区的密花石栎(*Lithocarpus densiflorus*)和栎属(*Quercus*)上出现[1~3]. 2013年美国动植物健康检疫局(Animal and Plant Health Inspection Service, APHIS)发布了最新栎树猝死病菌寄主名单, 全球已有137种(属)植株受到感染, 其中确定寄主46种(属), 易染寄主91种(属), 在人工接种条件下, 还有100多种植物能被感染, 目前寄主植物的名单还在不断地扩大.

栎树猝死病菌为雌雄异体, 现已发现2种交配型共4种演化谱系(evolutionary lineage): NA1, NA2, EU1, EU2. 其中, NA谱系存在于北美西部, 即美国加州及俄勒冈州沿海地区; EU1谱系在欧洲被发现, 影响杜鹃、荚蒾等灌木, 后传入北美地区苗圃, 但未引起大规模爆发; EU2谱系在北爱尔兰被发现, 后在苏格兰西部及欧洲大部分地区爆发, 影响欧洲的日本落叶松[4~7]. 国家林业局植树造林司于2006年发布了栎树猝死病危害通告, 栎树猝死病菌在需排查或调查的外来入侵物种名单内. 栎树猝死病菌的主要寄主植物在中国均有分布, 其中栎树、槭树、杜鹃花等植被广泛分布在中国. 中国的气候条件也适合该病菌的存活扩散, 且进出口贸易中曾检疫出过该病菌[8]. 因此, 病菌随疫区的木材、木质包装或由入境人员携带等途径传入中国的风险是极高的. 病菌一旦侵入中国, 将在中国寄主植被间快速传播, 对中国森林生态系统及森林经济造成巨大影响.

引起森林病虫害的生物主要有病毒、真菌、细菌及病虫等, 能在寄主植被间传播. 与传统传染病建模

**引用格式**: 方舟, 曹春香, 姬伟. 栎树猝死病在云南省的时空传播模拟. 科学通报, 2016, 61: 901–911
Fang Z, Cao C X, Ji W. Spatiotemporal transmission for Sudden Oak Death in Yunnan (in Chinese). Chin Sci Bull, 2016, 61: 901–911, doi: 10.1360/N972015-00125

© 2016《中国科学》杂志社

类似, 可通过分析和模拟森林病虫害的传播过程, 探索病虫害传播的关键参数, 分析拟使用的免疫办法及干预措施的效果, 为病虫害防治决策提供科学依据[9]. Kermack等人[10]为研究1906年瘟疫在孟买的流行规律, 构造了著名的SIR仓室模型及SIS仓室模型. 后续研究者陆续提出考虑疾病潜伏期的SEIR、考虑病人治愈后并非永久免疫的SIRS等传染病微分方程模型[11,12]. 微分方程模型只针对传染病在时间上的传播特征进行建模, 并未考虑传染病空间流行过程的变化特征, 且都属于确定性模型, 忽略了随机因素对传染病传播的影响[13~15]. 另一类传播模型研究热点为数理分析法, 通过处理和分析大量样本病例数据, 研究病例数理与时间、其他因素间的关系, 建立传播发展趋势的预测模型. 常见有回归分析模型、时间序列模型、灰色理论模型、神经网络模型(Artificial Neural Network)、马尔可夫链(Markov Chain)及蒙特卡罗(Monte Carlo)等模型. 近年来出现的复杂系统方法, 如元胞自动机(Cellular Automation, CA)、多智能体系统(Multi-Agent System, MAS)等模型[16,17], 不仅可在时空上对传播情况进行建模, 亦可引入随机因素对传播特征进行全面研究.

云南省存在丰富的栎树猝死病菌寄主植被, 并与疑似病菌发源地喜马拉雅山脉相邻[18]. 本文选取云南省作为中国典型研究区, 分别针对NA与EU谱系病菌, 考虑国外SOD发生地的病菌传播机制, 基于空间信息技术获取环境因子, 构建病菌在云南省的时空传播模拟模型, 研究假定栎树猝死病菌入侵后, 病菌在云南省的时空传播规律, 掌握其传播途径, 分析其传播危害, 这对于进一步预防与控制SOD具有重要的预研意义.

## 1 研究区与数据

云南省简称滇, 位于中国西南边陲, 97°31′~106°11′E, 21°8′~29°15′N之间, 其西部、西南部与缅甸接壤, 南部同越南、老挝毗邻, 东部与广西壮族自治区和贵州省相连, 北部同四川省为邻, 西北部与西藏自治区相接, 是中国毗邻周边国家地区最多、边境线最长的省区之一, 也是中国沟通东南亚、南亚地区的主要陆上通道, 沿边开放条件极其优越.

云南省地势西北高、东南低, 海拔高差异常悬殊. 东部呈小波状起伏, 西部为横断山脉纵谷区, 相对高差较大, 西南部到边境地区, 地势渐趋和缓, 形成了云南省的主要热带、亚热带地区. 云南省气候属低纬山原季风气候, 全省气候类型丰富多样, 有北热带、南亚热带、中亚热带、北亚热带、南温带、中温带和高原气候区共7个气候类型. 由于地形复杂和垂直高差大等原因, 年温差小、日温差大; 降水充沛、干湿分明、分布不均; 气候垂直变化差异明显. 降水量在季节上和地域上分配极不均匀, 最多的地方年降水量可达2200~2700 mm, 最少的地方年降水量只有580 mm.

结合2013年APHIS寄主名单及从国家自然科学基金委员会“中国西部环境与生态科学数据中心”(http://westdc.westgis.ac.cn)获取到中国1∶400万植被图, 筛选中国自然植被中占优势的潜在病菌寄主植被并获取其空间分布(图1). 在云南省内需特别关注硬叶常绿阔叶林与高山灌丛/草甸, 这两类包含了多种栎树猝死病菌寄主. 硬叶常绿阔叶林在滇西北亚高山海拔3000 m以上, 其优势树种为栎属中硬叶高山栎类. 海拔4000 m以上的山地为亚高山与高山灌丛和高山草甸, 以杜鹃属的各个种为优势的类型最为突出[19,20]. 由中国栎树猝死病菌潜在寄主的空间分布图可以精确地将研究范围限定在潜在寄主分布区内, 省略无潜在寄主地区的研究.

从美国伯克利大学森林病理学与真菌实验室的SODMAP及OakMapper项目获得美国SOD监测数据, 共14年(2000~2013年)逐月的全美受感染植被(含野外及苗圃植被)监测数据. 从欧盟栎树猝死病菌风险分析小组(Risk Analysis for *Phytophthora Ramorum*, RAPRA)获得2004~2006年逐年全欧洲受感染植被监测数据; 从英国林业委员会(UK Forestry Commission)获得2010~2013年逐年全英国受感染植被监测数据.

为提取云南省栎树猝死病菌相关环境因子及后续传播模拟研究, 从USGS得到中国地区2013年1~12月MOD13A3(月合成VI, L3/1000m)中归一化植被指数(normalized difference vegetation index, NDVI)数据, 利用MODIS重投影工具(MODIS Reprojection Tool, MRT)将所有数据重投影至WGS84(World Geodetic System 1984). 从中国气象科学数据共享服务网下载得到中国地面气候资料日值数据集(2013年1~12月), 获取该数据集中的平均气温(0.1℃)、降水量(0.1 mm)、平均相对湿度(1%), 删除无效值后, 得到每7天数据合成平均气温、降水量、相对湿度; 利用

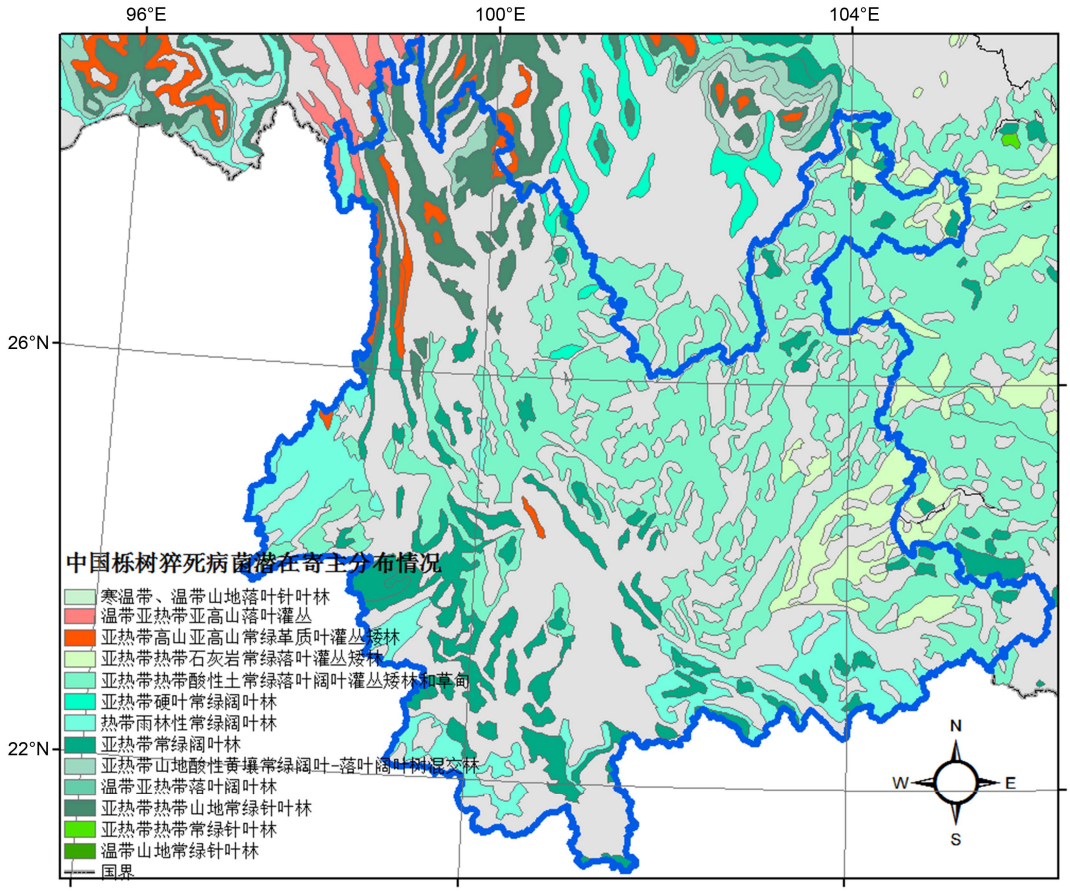



**图 1** 云南省SOD潜在寄主植被分布图

**Figure 1** The distribution of potential host vegetation of SOD in Yunnan

“反距离权重法”(inverse distance weighted, IDW)对各7 d合成气象要素矢量点进行空间插值处理，得到2013年研究区内感兴趣气象要素数据的连续栅格数据.

## 2 栎树猝死病菌的时空传播模拟建模

### 2.1 国外栎树猝死病菌传播机制

掌握栎树猝死病菌的传播过程能充分了解病菌的存活方式及传播途径，可针对性地控制该病菌，避免大规模爆发. 栎树猝死病爆发包含以下阶段: 孢子形成、孢子传播、感染(侵入寄主)、定殖、症状发展(枝叶枯死)及孢子存活. 图2给出了病菌在寄主间的传播途径示意图.

栎树猝死病菌与大多数疫霉菌属类似，可在自然条件与实验室中制造无性孢子: 胞囊孢子、游动孢子及厚垣孢子. 而有性孢子如卵原细胞、卵孢子等只在实验室中观测过，还未在自然条件下被发现过[22]. 孢子传播可分为短距离传播与远距离传播，前者主要受雨水和风的携带影响, SOD大规模爆发主要由短距离的孢子传播引起; 后者较为复杂，可为人类或其他生物活动带至远方，受污染的水源亦是孢子远距离扩散的另一途径，但是目前还没有发现因受染水源而导致的SOD[23].

### 2.2 环境因子提取

SOD孢子存活、发芽及在寄主间传播过程中，对气候环境变化非常敏感，主要受温度、降水量影响. 本研究引入2个气候环境适生指数: 温度适生指数 $c_i^t$ 与降水量适生指数 $m_i^t$, $i$代表寄主位置, $t$代表第$t$周时间[24]. 孢子生长的最低温、最高温及适宜温度范围分别为0, 30, 6~26℃; 而当降水量大于2.5 mm时，孢子繁殖开始活跃，两者成正比关系，降水量越高，病菌的繁殖能力越高[25,26]. Meentemeyer等人[24]将降水量




**图 2** 栎树猝死病菌在寄主间传播途径(修改自文献[21]). 图片来自加州栎树猝死病专案组(California Oak Mortality Task Force, http://www.suddenoakdeath.org)

**Figure 2** Proposed disease cycle for *Phytophthora ramorum* among host vegetations (modified from Ref. [21]). The pictures come from California Oak Mortality Task Force (http://www.suddenoakdeath.org)

适生指数划分为0, 1, 当降水量大于2.5 mm时, $m_i^t$取1, 反之, $m_i^t$取0; 由孢子数量增长率与温度建立回归关系为

$$y=-0.066+0.056x-0.0036(x-15)^2-0.0003(x-15)^3, \tag{1}$$

其中, $y$为孢子数量增长率, $x$为温度, 模型$R^2$为0.79, 实验样本点数为14. 孢子数量增长率即为温度适宜指数, 孢子数量增长率变大, 其温度适宜性越好, 反之, 孢子数量增长率降低, 其温度适宜性也下降. 本文提取2013年云南省共52周、1 km分辨率的周平均温度、周平均降水量数据, 对降水量低于2.5 mm的赋0, 其余赋1值; 对温度数据同理, 对小于0℃与大于30℃的赋0值, 其余带入式(2)中计算. 图3(a)和(b)为2013年第1周、第25周云南省栎树猝死病菌的温度适生指数与降水量适生指数示例图.

栎树猝死病菌不仅感染乔木, 也危害灌木、草本, 症状表现为枝叶枯死, 因此, 光学遥感影像是最适合监测栎树猝死病的数据源. 遥感数据反演的其他结构参数如树高、蓄积量等无法用来有效评估已染植被的枝叶变化. 寄主位置、数量直接影响孢子传播范围, 遥感数据能实现大范围、长时间序列的植被监测, 本文利用寄主植被NDVI值代表寄主的生长情况. 由2013年1~12月云南省MOD13A3-NDVI数据, 如图3(c)和(d)为2013年3, 7月栎树猝死病菌寄主植被NDVI示例图.

## 2.3 元胞自动机的SI模型架构

栎树猝死病病菌只在特定的寄主上进行传播, 受感染寄主枝叶枯死, 无法自行痊愈. 假定该病菌入侵中国, 从寄主感染的数量变化上进行研究. 假设病菌通过雨水、空气等途径由菌源传播到健康寄主时, 单位时间$\Delta t$内菌源感染健康寄主株数为$k_0$. 记$t$时刻的感染株数为$i(t)$, $i(0)=i_0$为初始受感染的株数, 则有

$$i(t+\Delta t)-i(t)=k_0 i(t)\Delta t. \tag{2}$$

得常微分方程组:

$$\begin{cases}\dfrac{\mathrm{d}i(t)}{\mathrm{d}t}=k_0 i(t),\\ i(0)=i_0,\end{cases} \tag{3}$$

解为$i(t)=i_0\exp(k_0 t)$.

结果表明, 受感染的寄主将按指数形式增长, 这与病害爆发的初期情况吻合, 然而其受感染的植被株数不可能无限增加[27].

本文不考虑SOD疫区内新生和砍伐的寄主株数, 一个地区内寄主的总株数可认作常数$N=i(t)+s(t)$, $s(t)$为$t$时刻的未感染病菌的健康寄主株数. 假设每颗已感染的寄主在单位时间内感染的株数与未被感

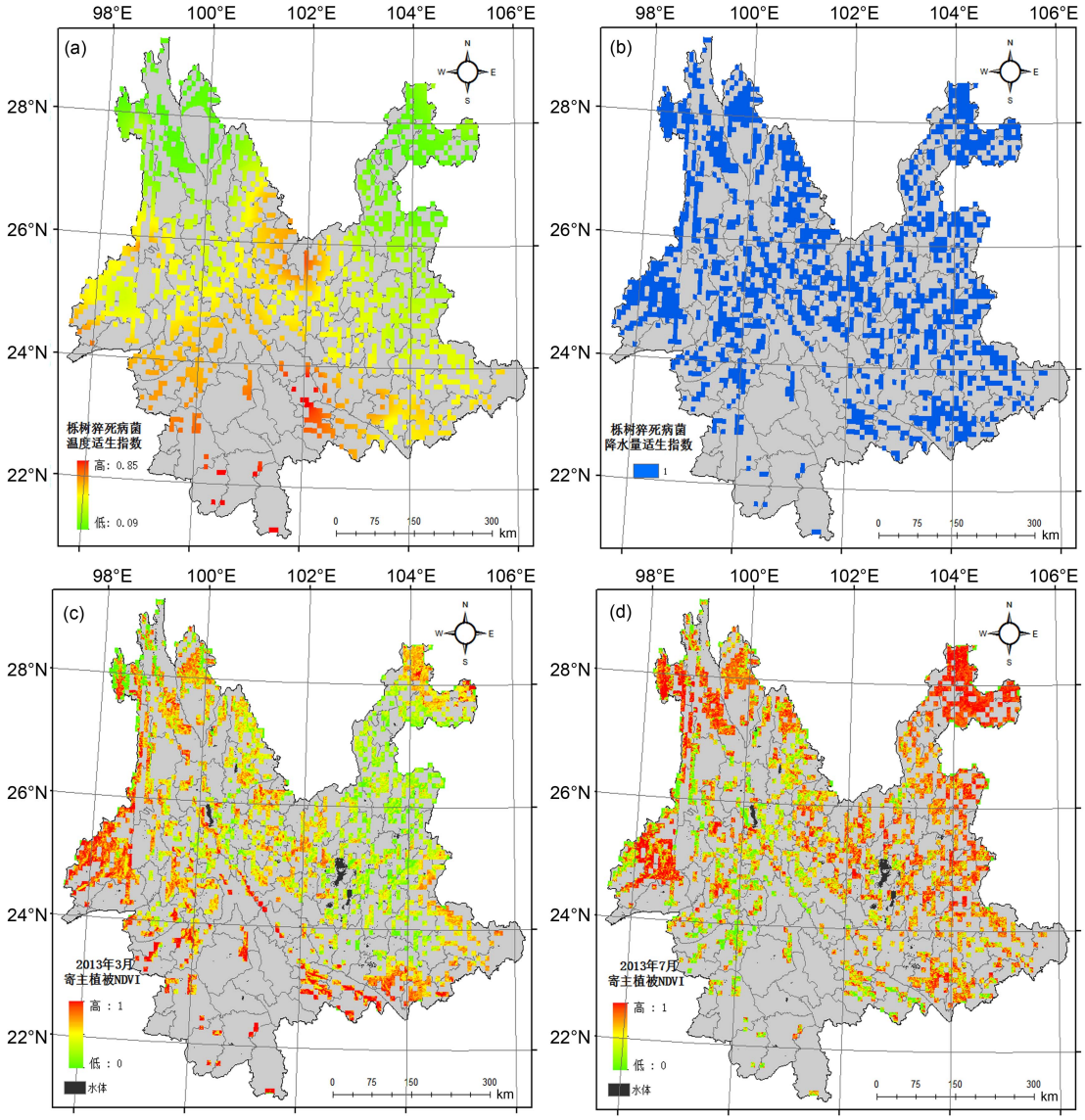



**图 3** 云南省栎树猝死病菌相关环境因子(2013 年). (a) 第 1 周温度适生指数; (b) 第 1 周降水量适生指数; (c) 3 月寄主植被NDVI; (d) 7 月寄主植被NDVI

**Figure 3** Environmental index related to *P. ramorum* in Yunnan (2013). (a) Temperature suitable index in the first week; (b) precipitation suitable index in the first week; (c) host vegetation NDVI in March; (d) host vegetation NDVI in July

染的寄主株数成正比, 即比例系数为 $k$ (称为传染系数), 式(3)可修改为

$$\frac{\mathrm{d}i(t)}{\mathrm{d}t}=k(N-i(t))i(t). \tag{4}$$

初始条件仍为 $i(0)=i_0$, 由分离变量法求得上式在初始条件下的解为

$$i(t)=\frac{N}{1+\left(\frac{N}{i_0}-1\right)\exp(-kNt)}. \tag{5}$$

由上式得

$$\frac{\mathrm{d}i}{\mathrm{d}t}=\frac{kN^2\left(\frac{N}{i_0}-1\right)\exp(-kNt)}{\left[1+\left(\frac{N}{i_0}-1\right)\exp(-kNt)\right]^2}. \tag{6}$$

令 $\frac{\mathrm{d}^2i(t)}{\mathrm{d}t^2}=0$, 得到 $t_m=\frac{1}{kN}\ln\left(\frac{N}{i_0}-1\right)$ 时, $\frac{\mathrm{d}i}{\mathrm{d}t}$ 取最大值. $t_m$为感染高峰期, 与传染系数$k$及植被数目$N$的乘积成反比, 说明当传染系数(或植被数目)越大, 感染

高峰期越小即耗时更少.

上述即为SI(Susceptible and Infective)模型. 通过传染系数及植被株数, 可求解出感染高峰期时间, 进入后续研究.

SI模型是一维的, 只能描述各寄主是否感染随时间而变化的过程, 无法描述传播的空间变化. 因此, 本文引入元胞自动机(CA), 它是一个时间和空间都离散的动力系统. 其基本思想是把研究区划分为规则格网, 每个格网(即元胞)取有限的离散状态, 根据相邻元胞间设定的规则, 对所有元胞状态进行同步更新, 构成动态系统的演化. CA不是由严格定义的物理方程或者函数确定, 而是由一系列模型构造的规则构成.

元胞自动机由元胞、元胞空间、邻居、状态、转换规则、时间等6部分组成[28]. 基于SI模型, 利用元胞自动机来模拟云南省栎树猝死病菌的时空扩散. 将研究区划分为1 km×1 km大小的格网, 每个格网即单位元胞, 其状态只为0(易染病寄主, S)与1(已染病寄主, I). 根据国外SOD的传播机制, 制定扩散规则, 并对时间进行离散处理, 在整个元胞空间(即有潜在寄主的格网内)上根据扩散规则进行所有元胞状态的同步更新. 构建模型时应先处理初始条件及边界条件[29,30]. 对初始条件, 即初始时哪些元胞的状态为1, 因中国尚未发生SOD, 可随机假定有限个元胞已染病, 剩余元胞状态为0; 对边界条件, 因下一时刻元胞状态由自身与邻居状态决定, 故在元胞空间边缘加上空值边界, 使所有元胞都分布在系统内部[31]. 至此, 本文基于SI模型架构元胞自动机组成如下.

(1) 元胞: 云南省1 km×1 km大小的格网单元.

(2) 元胞空间: 在初始时刻, 随机选取$n$个元胞为已染病元胞, 剩余即易染病寄主所处元胞, 非潜在寄主所在元胞为空值.

(3) 邻居: 摩尔(Moore)型, 即元胞的八邻域格网单元为邻居.

(4) 状态: 设每个元胞的状态变量为$S_i^t$, 表示在$t$时刻$i$位置上的元胞状态, 其中, 元胞的状态空间分布为0状态、1状态, 分布代表易染病元胞、已染病元胞.

(5) 转换规则: 置所有元胞初始状态$S_i^t$为0, 在元胞空间中随机假定$i$个元胞中存在栎树猝死病菌, 从$t$时刻开始, 在每个时间步长内对所有元胞进行扫描及随机行走[32], 并按下述规则进行元胞状态更新.

计算$t$时刻$i$位置处的元胞$C_{i,j}^t$是否能传递到相邻元胞$C_j^t$的概率为$P_{i,j}^t$, 其大小由被传染概率$P_o^t$、与被传递元胞之间的距离$D_{i,j}$、传递方向$\theta^t$所决定[33,34]. 对元胞间的距离, 其表达式为

$$D_{i,j}=\sqrt{(x_i-x_j)^2+(y_i-y_j)^2}\,, \tag{7}$$

式中, $(x_j,y_j)$为与中心元胞$(x_i,y_i)$相邻的8个元胞的地理位置, 得距离影响因子:

$$\delta_{i,j}=\frac{D_{i,j}}{\sum_{j=1}^{8}D_{i,j}}. \tag{8}$$

元胞被传染概率$P_o^t$在$t$时刻与孢子接触率$\varphi$、环境变量密切相关, 由温度适生指数$c_i^t$、降水量适生指数$m_i^t$、NDVI值$V_i^t$与孢子接触率$\varphi$的乘积求得:

$$P_o^t=\varphi c_i^t m_i^t V_i^t, \tag{9}$$

式中, 孢子接触率为美国/欧洲疫情地实测数据, 对美国NA谱系, 其实验数据为4.4 1/week (Meentemeyer等人[24]在加州测得)[24]; 对欧洲EU谱系, 其实验数据为3.5 1/week(Harwood等人在英国测得)[34]. 孢子在元胞间传播时, 其方向受风/水携带及地表瞬时风场影响, 但风场数据难以获取, 这里传播方向$\theta^t$采用各向同性方式, 由八邻域随机数确定; NDVI值可用来表征植被的生长状况.

得元胞$C_i^t$传递到相邻元胞$C_j^t$的概率:

$$P_{i,j}^t=\lambda(1-\delta_{i,j})P_o^t\theta^t. \tag{10}$$

当相邻元胞存在潜在寄主时, $\lambda$=1, 否则为0; $1-\delta_{i,j}$表示元胞相隔越远, 其受传染概率比相隔较近的要低. 引入时间参数$T_iS_i^t$, 代表潜在寄主感染高峰期时间. 设单位步长为1周, 在$t$+1时步, 当$T_iS_i^t\geqslant 1$时, 受传染的元胞状态以概率$P_{i,j}^t$取状态1, 否则不受感染, 状态为0; 当$T_iS_i^t<1$时, 元胞状态为0.

## 3 栎树猝死病菌在云南省的传播风险预警

在栎树猝死病菌潜在寄主植被分布区内, 利用2013年逐周气象插值数据, 基于SI模型理论架构元胞自动机, 对中国典型研究区——云南省内栎树猝死病菌的时空传播进行模拟. 每个单元格网内寄主株数难以统计, 假定单元格网内寄主最大株数为500株, 其值设为随机数$N=[0,\ 500]$. 假定单元格网内寄主株数为[0, 500]的随机分布, 主要考虑的原因如下: (1) 参考Meentemeyer等人[24]和Harwood等人[34]文章中寄主最大假定株数; (2) 参考云南地区植被分布情

况, 因云南省栎树(乔木)、杜鹃(灌木)交叉分布, $N$值过小可能忽略灌木影响; (3) 在传播风险建模过程中, 已假定了一个约束参数—— $P_o^t = \varphi c_i^t m_i^t V_i^t$ , 由其中的$V$(植被指数)来近似代表单个元胞中植被生长情况; (4) 在大区域研究中, 单纯依靠研究者难以进行大工作量的地面测量工作, 后续我们将联系相关部门以获取近似真实数据.

根据前述元胞状态转换规则, 经反复调节参数, 对栎树猝死病菌NA及EU谱系分布进行传播模拟. 对2种谱系在相同位置假设植入10株菌源, 其孢子接触率不同, 孢子在元胞间传动方向由随机数控制, 其他参数一致. 图4为NA谱系及EU谱系在云南省的传播模拟结果.

对每周病菌扩散新增面积进行统计, 并与美国2013年栎树猝死病菌爆发情况进行比对, 结果见图5. 由于欧洲地区未提供栎树猝死病爆发点月值统计数据, 本文无法获取EU谱系一年内的月爆发趋势. 由2013年美国栎树猝死病菌爆发监测数据分析可知, 病菌3~5月间繁殖速度加快, 期间4月底、5月初为病菌爆发高峰期, 随后病菌数量开始减少, 7月后爆发点迅速减少, 病菌数量变化是由于当地林业部门介入, 直接导致病菌被几乎完全消灭. 本文未考虑人为干扰, 是为能完整观测病菌在云南省的自然传播机制. 由栎树猝死病菌NA谱系在云南省传播模拟结果

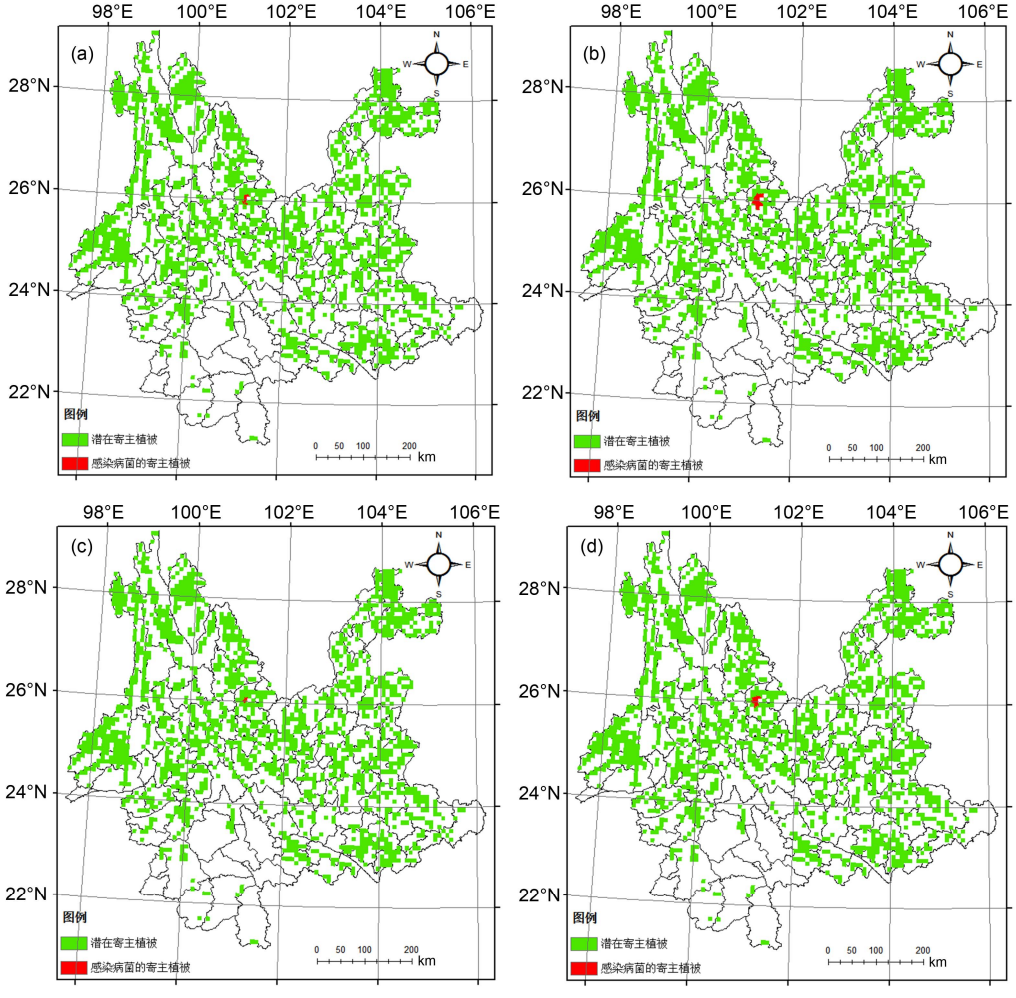



**图 4** NA/EU谱系在云南省传播模拟结果(2013 年 20/40 周). (a) NA谱系第 20 周模拟结果; (b) NA谱系第 40 周模拟结果; (c) EU谱系第 20 周模拟结果; (d) EU谱系第 40 周模拟结果

**Figure 4** Transmission process of NA/EU lineage in Yunnan (20th and 40th week, 2013). (a) Simulation result of NA lineage in the 20th week; (b) simulation result of NA lineage in the 40th week; (c) simulation result of EU lineage in the 20th week; (d) simulation result of EU lineage in the 40th week

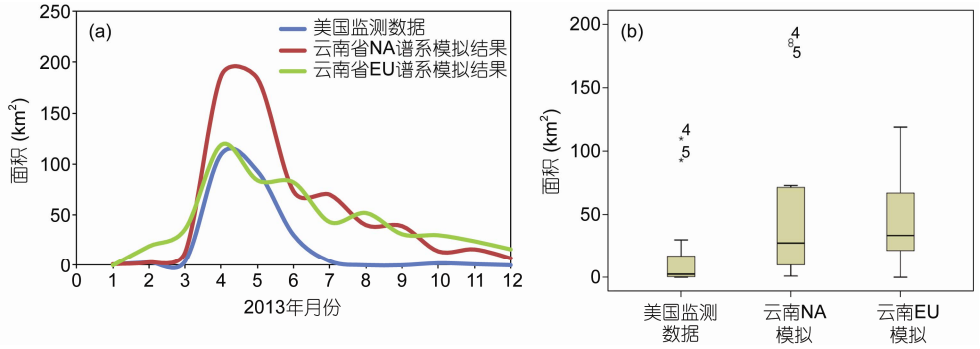



**图 5** 2013 年NA/EU谱系在云南传播模拟结果. (a) 传播模拟结果与美国实测数据对比; (b) 箱线图

**Figure 5** Simulation results of NA/EU lineage transmission in Yunnan in 2013. (a) Comparing the simulation results with the US actual measurements; (b) the corresponding boxplot graph

显示, 在11周前病菌生长缓慢, 由17周进入快速生长繁殖期, 在21周到达爆发峰值, 后续增长逐渐减缓, 呈起伏变化, 在37周后其增长逐渐趋于低谷; 对栎树猝死病菌EU谱系在云南省传播模拟结果显示, EU谱系在第7周后其增长速度已经开始变大, 于20周到达爆发峰值, 在24~32周都保持一定的传播速率, 后续趋于平缓.

从图5(b)箱线图可知, 对美国监测数据, 4, 5月为极端异常值, 说明这两月爆发数呈突变. 对NA谱系和EU谱系的模拟结果, NA谱系模拟值中4, 5月也为异常值, 证明这两月爆发突变; NA谱系模拟值未出现异常值, 整年模拟值平缓变化, 这是由于EU谱系病菌主要感染落叶松类及灌木, 云南省内落叶松类不是优势种类, EU谱系只感染杜鹃类, 且孢子接触率较小, 其模拟的感染峰值相比NA谱系感染峰值要低许多. 对美国监测数据与NA谱系模拟值、EU谱系模拟值三组数据进行统计分析, 由各组直方图发现其分布明显为非正态分布. 对各组进行相关性分析, 得到美国监测数据与NA谱系模拟值的Spearman相关系数为0.57(双边Sig.为0.02, 假设理论显著性水平为0.05), 美国监测数据与EU谱系模拟值的Spearman相关系数为0.66(双边Sig.为0.00, 假设理论显著性水平为0.05), 证明NA谱系与EU谱系模拟值与美国监测数据间均存在较强相关性. 对各组进行多对非参数检验, 得到卡方统计量为10.609, W系统系数为0.442(小于1), 相伴概率为0.005, 小于显著性水平0.05, 故3组数据之间无明显差异. 再进行两两非参数检验, 得到美国监测数据与NA谱系模拟值、美国监测数据与EU谱系模拟值的相伴概率均为0.005, 故两两之间无明显差异. 证明本文基于SI模型架构元胞自动机对NA和EU谱系病菌在云南省的时空传播模拟都较好地与疫情地监测数据相吻合, 模拟实验结果较好.

## 4 总结

本文以云南省为例, 分析了国外栎树猝死病菌传播机制, 确认其孢子形成、扩散、存活等特性. 利用遥感数据、气象数据、植被分布图, 基于SI模型架构元胞自动机对云南省栎树猝死病菌的时空传播进行了模拟, 实现了栎树猝死病菌在云南省2013年逐周的空间扩散模拟. 通过对两种栎树猝死病菌谱系在中国云南省进行时空传播模拟发现, 受孢子接触率及感染寄主种类等因素影响, 其中NA谱系产生孢子的接触率高于EU谱系, 前者主要影响栎属, 后者主要影响落叶松及杜鹃等灌木, 故NA谱系感染面积比EU谱系要高. 目前尚无法直接利用本文模型在美国运行, 因为美国地区的遥感数据及气象数据可被获取, 但无法获取美国地区的植被分布图, 无法区分病菌寄主植被与非寄主植被. 两种谱系在中国云南省的模拟结果都较好地与在美国爆发地的变化趋势吻合, 后续我们也将继续研究基于SI模型架构元胞自动机在美国对栎树猝死病菌的时空传播模拟, 并与真实爆发数据进行对比分析.

研究表明, 栎树猝死病菌能在中国典型风险区定殖, 危害面积及扩散速度较快, 并在4~6月到达爆发高峰期. 可推断出, 假设栎树猝死病菌侵入中国, 对感染栎树猝死病菌的寄主采取防治措施的时间应在4月之前, 防止其到达爆发高峰期; 对已感染病菌的寄主采用化学及物理防治结合的办法, 将方圆100 m内寄主植被全部砍伐, 并对地表土壤进行火烧, 以彻

底杀死栎树猝死病菌[35,36]. 本文利用栎树猝死病菌元胞自动机模型定量监测了中国栎树猝死病菌传播机制, 能为栎树猝死病菌等森林病虫害宏观战略决策提供技术层面参考.

## 参考文献


1 Werres S, Marwitz R, De Cock A W A M, et al. *Phytophthora ramorum* sp. nov., a new pathogen on *Rhododendron* and *Viburnum*. Mycol Res, 2001, 105: 1155–1165

2 Rizzo D M, Garbelotto M, Davidson J M, et al. *Phytophthora ramorum* as the cause of extensive mortality of *Quercus* spp. and *Lithocarpus densiflorus* in California. Plant Dis, 2002, 86: 205–214

3 Grunwald N J, Goss E M, Press C M. *Phytophthora ramorum*: A pathogen with a remarkably wide host range causing sudden oak death on oaks and ramorum blight on woody ornamentals. Mol Plant Pathol, 2008, 9: 729–740

4 Ivors K, Garbelotto M, Vries I D E, et al. Microsatellite markers identify three lineages of *Phytophthora ramorum* in US nurseries, yet single lineages in US forest and European nursery populations. Mol Ecol, 2006, 15: 1493–1505

5 Grunwald N J, Goss E M, Ivors K, et al. Standardizing the nomenclature for clonal lineages of the sudden oak death pathogen, *Phytophthora ramorum*. Phytopathology, 2009, 99: 792–795

6 Goss E M, Larsen M, Vercauteren A, et al. *Phytophthora ramorum* in Canada: Evidence for migration within North America and from Europe. Phytopathology, 2011, 101: 166–171

7 Van Poucke K, Franceschini S, Webber J F, et al. Discovery of a fourth evolutionary lineage of *Phytophthora ramorum*: EU2. Fungal Biol, 2012, 116: 1178–1191

8 Chen X L, Zhao S Q, Wu P S, et al. *Phytophthora ramorum* was firstly detected on *Rhododendron* spp. imported from German (in Chinese). China Plant Prot, 2007, 27: 37 [陈小龙, 赵守歧, 吴品珊, 等. 从德国引进的高山杜鹃上首次检出栎树猝死病菌. 中国植保导刊, 2007, 27: 37]

9 Zhong S B, Zhang M L, Zheng J Y, et al. Research in geo-entity based cellular automata model of infectious diseases (in Chinese). Comput Eng Appl, 2008, 44: 190–193 [钟少波, 张毛磊, 郑金勇, 等. 基于空间实体的传染病蔓延模拟建模研究. 计算机工程与应用, 2008, 44: 190–193]

10 Kermack W O, Lambie C G, Slater R H. Studies in carbohydrate metabolism: Influence of methyglyoxal and other possible intermediaries upon insulin hypoglycemia. Biochem J, 1927, 21: 40

11 Jeger M J. Theory and plant epidemiology. Plant Pathol, 2000, 49: 651–658

12 Ma Z E, Zhou Y C, Wang W D, et al. Mathematical Modeling and Research of Epidemic Dynamics (in Chinese). Beijing: Science Press, 2004. 3–10 [马知恩, 周义仓, 王稳地, 等. 传染病动力学的数学建模与研究. 北京: 科学出版社, 2004. 3–10]

13 Madden L V. Botanical epidemiology: Some key advances and its continuing role in disease management. Eur J Plant Pathol, 2006, 115: 3–23

14 Xu X. Modelling and interpreting disease progress in time. In: The Epidemiology of Plant Disease. Netherlands: Springer, 2006

15 Zhang X S, Holt J, Colvin J. Synergism between plant viruses: A mathematical analysis of the epidemiological implications. Plant Pathol, 2001, 50: 732–746

16 Mikler A R, Venkatachalam S, Abbas K. Modeling infectious diseases using global stochastic cellular automata. J Biol Syst, 2005, 13: 421–439

17 Donnelly C A, Ghani A C, Leung G M, et al. Epidemiological determinants of spread of causal agent of severe acute respiratory syndrome in Hong Kong. Lancet, 2003, 361: 1761–1766

18 Kluza D A, Vieglais D A, Andreasen J K, et al. Sudden oak death: Geographic risk estimates and predictions of origins. Plant Pathol, 2007, 56: 580–587

19 Yang Y G. About the principles and units of vegetational regionalism in Yunnan (in Chinese). Acta Bot Yunnan, 1980, 2 [杨一光. 论云南植被区划的原则和单位. 云南植物研究, 1980, 2]

20 Hou X Y. The geographically distribution regularity of the vegetation in China (in Chinese). Acta Bot Bor Occid Sin, 1981, 1 [侯学煜. 中国植被地理分布的规律性. 西北植物学报, 1981, 1]

21 Parke J L, Lucas S. Sudden oak death, ramorum leaf blight, ramorum shoot blight. Plant Health Instructor, 2008

22 Prospero S, Hansen E M, Grünwald N J, et al. Population dynamics of the sudden oak death pathogen *Phytophthora ramorum* in Oregon from 2001 to 2004. Mol Ecol, 2007, 16: 2958–2973

23 Oak S W, Hwang J, Jeffers S N, et al. *Phytophthora ramorum* in USA streams from the national early detection survey of forests. Pacific Southwest Research Station General Technical Report PSW-GTR-229. 2010

24 Meentemeyer R K, Cunniffe N J, Cook A R, et al. Epidemiological modeling of invasion in heterogeneous landscapes: Spread of sudden oak death in California (1990–2030). Ecosphere, 2011, 2: 4–8

25 Davidson J M, Wickland A C, Patterson H A, et al. Transmission of *Phytophthora ramorumin* in mixed evergreen forest in California. Phytopathology, 2005, 95: 587–596
26 Englander L, Browning M, Tooley P W. Growth and sporulation of *Phytophthora ramorum* in vitro in response to temperature and light. Mycologia, 2006, 98: 365–373
27 Qian Z J, Wang D J. The ODE models for the epidemic disease of forest (in Chinese). J Pingdingshan Teach Coll, 2000, 15: 15–17 [千知觉, 王定江. 森林病虫害的常微模型. 平顶山师专学报, 2000, 15: 15–17]
28 Li W D, Guo X H. Using Cellular Automata to study the effect of competition for epidemic diseases. In: Procedia Environmental Sciences. Amsterdam: Elsevier, 2012. 1010–1018
29 Misici L, Santarelli F. Epidemic propagation: An automaton model as the continuous SIR model. Appl Math, 2013, 4: 84
30 López L, Giovanini L, Burguener G. Addressing population heterogeneity and distribution in epidemics models using a cellular automata approach. BMC Research Notes, 2014
31 Cissé B, Yacoubi S E, Tridane A. Impact of Neighborhood Structure on Epidemic Spreading by Means of Cellular Automata Approach. In: Procedia Computer Science. Amsterdam: Elsevier, 2013. 2603–2606
32 White S H, del Rey A M, Sánchez G R. Modeling epidemics using cellular automata. Appl Math Comput, 2007, 186: 193–202
33 Alimadad A, Dabbaghian V, Singhk S K, et al. Modeling HIV spread through sexual contact using a cellular automaton. In: Evolutionary Computation (CEC), 2011 IEEE Congress on. Washington, DC: IEEE Computer Society, 2011. 2345–2350
34 Harwood T D, Xu X, Pautasso M, et al. Epidemiological risk assessment using linked network and grid based modeling: *Phytophthora ramorum* and *Phytophthora kernoviae* in the UK. Ecol Model, 2009, 220: 3353–3361
35 Jones B. *Phytophthora ramorum*: Operational Experience from the UK. Pacific Southwest Research Station General Technical Report PSW-GTR-243. 2013
36 Webber J. New *Phytophthora ramorum* dynamic in Europe: Spread to larch. Pacific Southwest Research Station General Technical Report PSW-GTR-243. 2013

# Spatiotemporal transmission for Sudden Oak Death in Yunnan

FANG Zhou[1,2], CAO ChunXiang[1] & JI Wei[1]

[1] *Institute of Remote Sensing and Digital Earth Chinese Academy of Sciences, Beijing 100094, China;*
[2] *Space Star Technology Co., Ltd., Beijing 100086, China*

Sudden Oak Death (SOD) refers to the destructive forest and ornamental plant disease which is arisen from the *Phytophthora ramorum*, and this pathogen can bring the critical damage to the specific plants in the short time, with the involvement of the stem ulcer and die back, and it only takes several weeks from invasion to symptoms. The *Phytophthora ramorum* was firstly tested on *Azalea* and *Viburnum dilatatum* in Germany and Dutch in 1993, and presented to *Lithocarpus densiflorus* and *Quercus* in California coastal areas in 1996. On the basis of the condition of host which has been infected with the pathogen, its host is distributed widely, can endanger the broad-leaved tree and needle-leaved tree, and can also endanger the shrub; and furthermore, it can also endanger the mature forest when the seedlings are endangered. The *Phytophthora ramorum* is bisexualism, and now, two mating types have been found and four evolutionary lineages are provided: NA1, NA2, EU1 and EU2, wherein NA1 and NA2 lineages are located in the western North America, namely, coastal areas in California and Oregon; EU1 lineage was firstly founded in Europe and mainly affected *Azalea*, *Viburnum dilatatum* and other shrubs, and then, it was introduced to North America subsequently, but no large-scale outbreak was occurred, because this lineage is mainly found in seedling nursery. EU2 lineage was firstly found in Northern Ireland, and broken out in the west of Scotland and most areas of Europe; and it mainly affects *Larix kaempferi*. Canada, New Zealand, European Union, Korea, China, America and many other countries and regions have paid high attention to SOD, and taken the measures in succession to strictly prevent the pathogen from incoming and diffusing.

*Phytophthora ramorum* is included in the alien invasive species needing to be checked or investigated in accordance with the requirement of China's State Forestry Administration on *Warning notification on forestry pests* that requires the relevant forestry departments around the mainland to carry out the special investigation on it. *Phytophthora ramorum* is not yet found in mainland China, but the study has shown that the pathogen may originate from Himalayas region, and the pathogen was found in the ancient forest in Nepal and Taiwan. The main host plants of *Phytophthora ramorum* are widely distributed in China, for example, the *Oak*, *Maple*, *Azalea* and other vegetation. The climatic condition in China is also appropriate to occurrence and epidemic of the pathogen, and the pathogen was quarantined in the import and export trade. Therefore, the risk that the pathogen is introduced in China with the wood from affected area, wooden packaging or carrying of people entering in China is very high.

Due to the surface rich of the main host plants of *Phytophthora ramorum* and adjacent to Himalayas region, Yunnan Province was selected as typical study area here for EU and NA evolutionary lineage. A temporal and spatial dynamic model simulating disease spreading within every week in 2013 was deduced based on the transmission mechanism abroad and environmental factors, including remote sensing data, meteorological data, vegetation distribution map derived from spatial information technique and Cellular Automation. The process of spore germination, survival and propagation in the host, is very sensitive to climate change, mainly affected by temperature and precipitation, so suitable temperature index and precipitation suitability index were introduced. Meanwhile, the pathogen spreads only in specific host, and the infected host is unable to heal itself. Based on the SI model architecture with Cellular Automation, cellular infection probability can be obtained by the temperature suitability index, precipitation suitability index, NDVI value and spore contact rate, according to the set cellular state transition rules, then, the spatio-temporal transmission process of the NA and EU lineage distribution are simulated in the study area. The research result shows that the spore contact rate and dispersion area of NA lineage is higher than EU lineage's, and the simulation result is certainly consistent with seasonal fluctuation in the outbreaks in America. Control measurements must be performed before April if SOD happened in China.

**Sudden Oak Death, temporal and spatial dynamic simulation, cellular automation, meteorological factors, remote sensing, GIS**

doi: 10.1360/N972015-00125