www.csdata.org

ISSN 2096-2223
CN 11-6035/N

2013–2022 年新疆林木腐烂病模拟传播轨迹数据集

李全胜[1]，张志勇[1]，刘婷婷[2,3]，曹姗姗[2,3*]，孙伟[2,3*]

1. 新疆农业大学计算机与信息工程学院，乌鲁木齐　830052
2. 中国农业科学院农业信息研究所，北京　100081
3. 国家农业科学数据中心，北京　100081

摘要：新疆林业病害中腐烂病的发生较为严重，对林果产业发展造成了重大损失。本研究根据野外调查数据，确定林木腐烂病在流行区域内病菌源点；采用美国国家海洋和大气管理局（NOAA）提供的全球再分析气象数据，基于 HYSPLIT 模型，使用 MeteoInfo 软件模拟得到 22 个菌源点 2013–2022 年间 3 月至 10 月的腐烂病菌孢子随大气传播轨迹数据，每日分 00、06、12、18，4 个时次计算 48 小时前向轨迹；对产生的逐月轨迹文件进行合并，分别生成春季、夏季、秋季的轨迹数据，最终形成本数据集。在数据处理过程中采用多重验证方法确保了数据集的可靠性和科学性。本数据集对研究新疆林木腐烂病随气流远程传播的范围、特征和规律，制定新疆林木腐烂病监测和防控策略有重要参考价值。

关键词：新疆；林木腐烂病；HYSPLIT；传播轨迹

文献 CSTR：
32001.14.11-6035.nasdc.2023.0020.zh

文献 DOI：
10.11922/11-6035.nasdc.2023.0020.zh

数据 DOI：
10.57760/sciencedb.agriculture.00126

文献分类：农学

收稿日期：2023-11-28
开放同评：2024-04-03
录用日期：2024-05-08
发表日期：2024-11-12

数据库（集）基本信息简介

数据库（集）名称	2013–2022 年新疆林木腐烂病模拟传播轨迹数据集
数据作者	孙伟
数据通信作者	孙伟（sunwei02@caas.cn）
数据时间范围	2013–2022年
地理区域	新疆
数据量	1.14 GB
数据格式	*.tgs, *.shp
数据服务系统网址	https://doi.org/10.57760/sciencedb.agriculture.00126
基金项目	国家自然科学基金（32060321，32271880）；新疆维吾尔自治区2020年度创新环境（人才、基地）建设专项（PT2012）。
数据库（集）组成	本数据集包括2013–2022年新疆22个林木腐烂病源点的模拟轨迹数据，每个源点对应一个文件夹，共22个文件夹。每个文件夹有2部分内容：（1）10年内 每年3月至10月共80个月的逐月轨迹文件（*.tgs）；（2）10年内按春季（3–5月）、夏季（6–8月）、秋季（9–10月）合并月份轨迹文件后分别得到三个季节的轨迹文件（*.tgs，*.shp）。

* 论文通信作者
曹姗姗：caoshanshan@caas.cn
孙伟：sunwei02@caas.cn

引　言

由壳囊孢属真菌（*Cytospora* spp.）引起的林木腐烂病是最主要的树木枝干病害。由于寄主种类多、易传染、扩散快，与气候的变化密切相关等原因，在我国乃至世界范围内广受重视[1-3]。壳囊孢属是一类世界范围内广泛分布的林木病原真菌[4]，主要分布在大陆性和极端大陆性气候的温带和寒温带，如亚洲的中国、日本，美洲的美国、加拿大，欧洲的俄罗斯、英国，以及非洲的部分国家和地区[5-6]。在中国，受大陆性风土气候条件控制的“三北”地区，树木经常受到低温、干旱、风沙和盐碱等严酷生态条件的影响，容易导致树势衰弱，致使腐烂病大面积发生[7-8]。新疆独特的地理特征与气候特点形成了单一树种的大面积集中栽培，受冬季持续低温、冻害，夏季炎热干旱的影响，加之农民管理粗放，导致树势下降[9]，引起香梨、苹果、核桃、红枣、巴旦木等重要经济林木，以及杨树、柳树、榆树、胡杨、桦树、沙枣等防护林腐烂病的流行和大面积发生[10-11]。腐烂病已成为影响新疆林木健康发展的重要病害，尤其是对新疆特色林果产业的发展构成了重大的威胁。

壳囊孢属真菌是弱寄生菌，当树木衰弱时，壳囊孢属真菌就会乘虚而入，扩展引发病害。在温湿度条件合适时，孢子角释放出孢子[10,12]，通过风、雨、融雪等媒介传播[13-14]。对于气传性林木真菌病害而言，生物气溶胶群落中病原菌孢子随气流抬升、沉降完成远距离传播和繁衍，是病害大区域流行的主要原因。分析空气中真菌孢子在大气中的传播轨迹，是近年来植物病害预测预报的一个研究方向[15-18]。现有研究中，有部分学者使用 HYSPLIT 模型对小麦白粉病、小麦条锈病、黄瓜霜霉病等的远程传播进行了研究，鲜有报道利用 HYSPLIT 对林木腐烂病的传播、扩散研究。

基于全球再分析气象资料，利用拉格朗日混合单粒子轨迹模型（Hybrid Single Particle Lagrangian Integrated Trajectory Model，HYSPLIT）和 MeteoInfo 软件，研究分析腐烂病在新疆的传播扩散趋势，开展入侵风险研究。对 2013 至 2022 年间 3 月到 10 月林木腐烂病菌孢子在新疆远距离传播进行计算模拟，形成了本数据集。对掌握林木腐烂病在不同空间和时间范围内的传输，科学分析腐烂病在新疆不同地区流行灾变的可能性，进一步制定合理、可行的防疫措施，保护疆内林业生产安全提供了重要的数据基础。

1　数据采集和处理方法

2018–2022 年间，在阿勒泰地区、博尔塔拉蒙古自治州、塔城地区、伊犁哈萨克自治州、昌吉回族自治州等腐烂病分布地区，开展野外调查并采集林木腐烂病标本，记录采集时间、地点、坐标、寄主等信息；返回实验室后完成菌株的分离、培养和保藏，并开展形态分类等工作。此外，还通过查阅文献资料获取了新疆腐烂病害数据[19-20]。这些成果为建立 HYSPLIT 模型开展腐烂病传播扩散研究提供了坚实的数据基础。实验中驱动 HYSPLIT 的高空气象数据采用美国国家环境预报中心和大气研究中心提供的全球资料同化系统（Global Data Assimilation System，GDAS）再分析数据，主要包括各等压面上的气压、温度、经向风、纬向风等。这些数据的分辨率为 1°×1°，可通过 ftp://arlftp.arlhq.noaa.gov/pub/archives/gdas1/下载。

HYSPLIT 是应用广泛的大气传播和扩散模型，在风场气象条件下，能够对病菌孢子[21-22]、花粉[23]、粉尘[24]等微粒进行长时间的监测模拟。国家气象科学研究院王亚强研究员开发的 MeteoInfo 平

台，主要解决气象领域科学数据分析及可视化，操作简单，对国人友好。林木腐烂病是典型的气传性病害，在南北疆均有适生区域，使用 MeteoInfoMap 调用 HYSPLIT 的轨迹计算模块 hyts_std.exe 计算其传播轨迹时，主要结合项目组野外调查成果及相关文献情况确定了 22 个病菌孢子释放源点，见表 1，分布情况如图 1 所示。

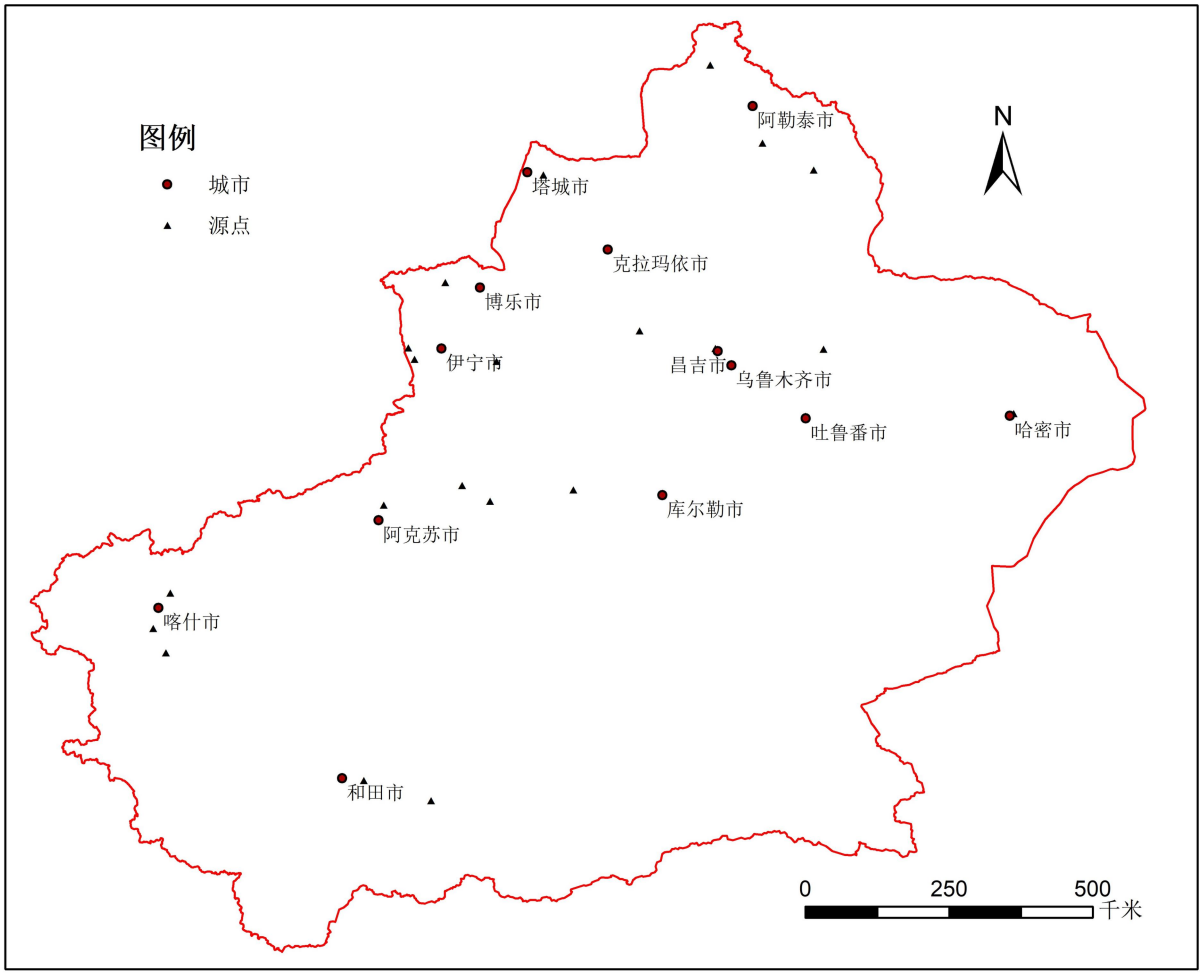


图 1　研究区林木腐烂病模拟传播轨迹源点分布

Figure 1　Distribution of source points of simulated spread trajectories of Cytospora canker in the research area

表 1　新疆林木腐烂病模拟传播轨迹源点

Table 1　Source points of simulated spread trajectories of Cytospora canker in Xinjiang

编号	市/县	北纬（°）	东经（°）	编号	市/县	北纬（°）	东经（°）
1	阿勒泰市	47.27	88.35	12	吐鲁番市	42.98	89.17
2	布尔津县	48.50	87.15	13	哈密市	42.85	93.60
3	富蕴县	46.83	89.51	14	温宿县	41.41	80.34
4	温泉县	44.95	81.30	15	新和县	41.58	82.54
5	塔城市	46.72	83.35	16	拜城县	41.80	81.94
6	沙湾市	44.33	85.60	17	轮台县	41.81	84.27

编号	市/县	北纬（°）	东经（°）	编号	市/县	北纬（°）	东经（°）
7	察布查尔锡伯自治县	43.72	80.75	18	英吉沙县	38.79	76.24
8	尼勒克县	43.77	82.52	19	阿图什市	39.72	76.18
9	霍城县	43.89	80.60	20	阿克陶县	39.14	75.93
10	昌吉市	44.06	87.25	21	于田县	36.85	81.68
11	奇台县	44.02	89.60	22	洛浦县	37.10	80.35

林木腐烂病从春季到秋季均可发生，春秋季为传播高峰[25]，将模型的模拟时间段设置为每年的3 月 1 日至 10 月 31 日，每天 4 个时次：00:00、06:00、12:00、18:00；分别从 10 m、50 m、100 m 三个地面高度（Above ground level，AGL）前向计算 48 小时。以昌吉市源点为例，计算其 2018 年 3 月的前向传播轨迹，参数设置界面见图 2，计算结束后会在指定的目录下生成 201803.tgs 文件。每个源点计算 2013 年至 2022 年共 10 年的轨迹数据。每次运行 MeteoInfoMap 计算日轨迹时，最长时间只能设置为 1 个月，因此，计算更长时间段或分段时间的轨迹时，需要分别计算。计算昌吉市源点 2018 年的气团扩散轨迹，需要运行 8 次模型，分别计算 3 月至 10 月的轨迹，得到如 201803.tgs…… 201810.tgs 共 8 个文本类型的轨迹文件。

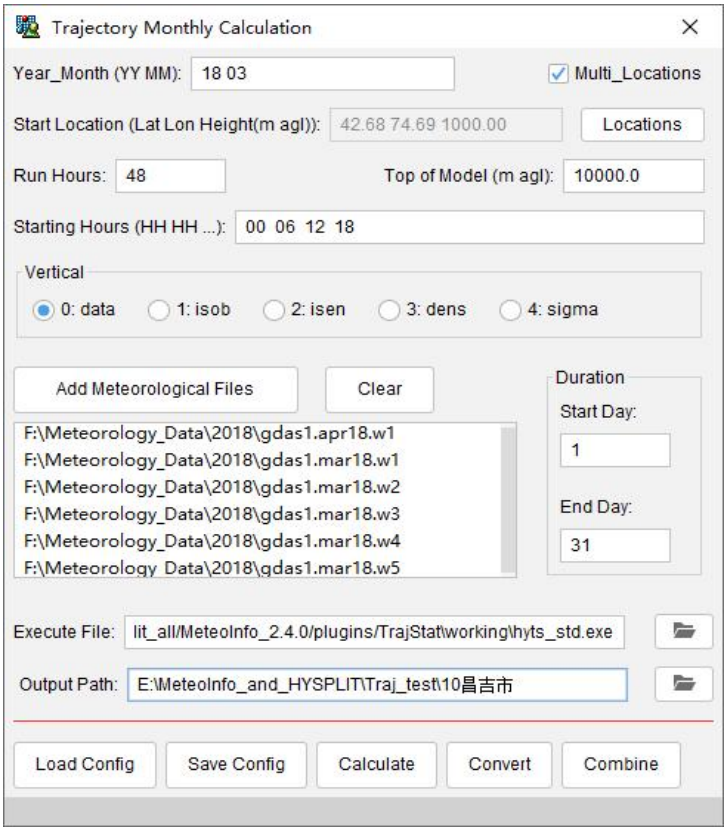


图 2　MeteoInfoMap 设置界面

Figure 2　MeteoInfoMap setting interface

为了进一步掌握春季（3–5 月）、夏季（6–8 月）、秋季（9–10 月）的传播扩散特点，可以进行轨迹文件的合并操作。如果要获取 2018 年春季的传播轨迹文件，可以将 201803.tgs、201804.tgs、201805.tgs 三个文件合并为 2018_Spr.tgs 文件；同样，要得到昌吉市源点 10 年内春季的传播轨迹文

件，可以把 10 年内 3 月到 5 月的共 30 个.tgs 轨迹文件合并为 changjishi_Spr.tgs。为方便后续在 ArcGIS、QGIS 等 GIS 软件中进一步分析处理，还可以将合并后的文件转换为 changjishi_Spr.shp 文件。

2 数据样本描述

与表 1 中的源点对应，本数据集包含 22 个文件夹，每个文件夹内有 98 个文件，包含相应源点的 10 年间逐月的轨迹文件以及合并后的春夏秋季轨迹文件。例如，昌吉市源点的轨迹文件夹内容列表如图 3 所示。

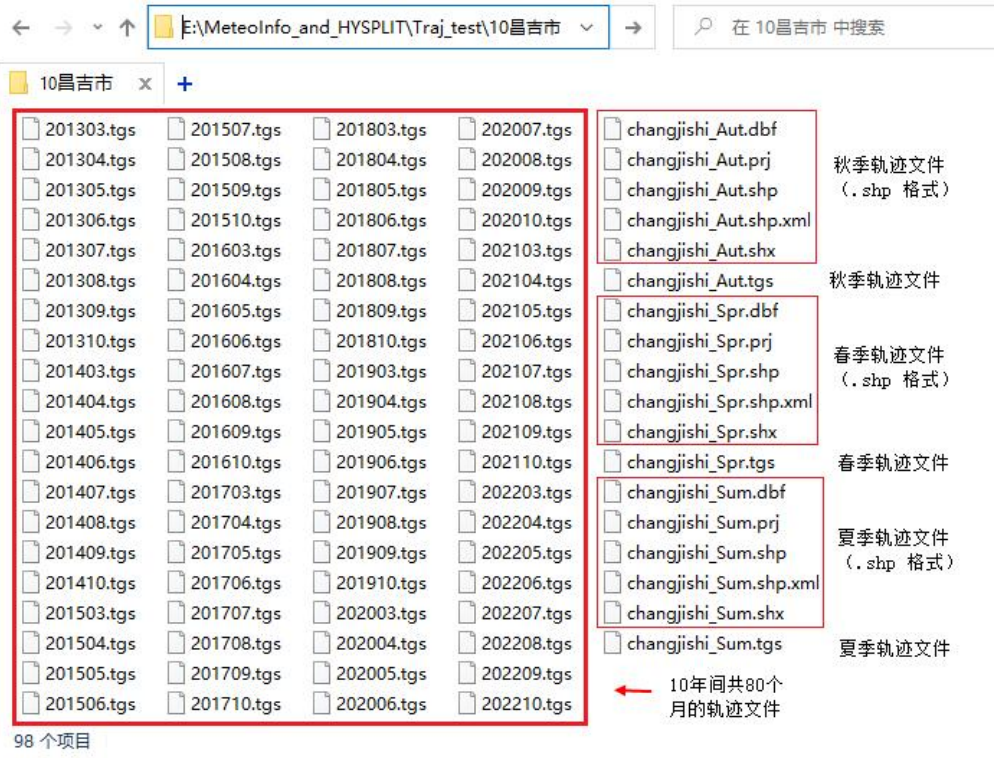


图 3　昌吉市源点的轨迹文件夹内容

Figure 3　Trajectory folder content of the source point in Changji City

病菌孢子模拟传播轨迹.tgs 文件实质是文本文件，包含多条构成轨迹的点的信息，每一条轨迹构成点的记录包含的字段信息见表 2。

表 2　轨迹文件字段与示例

Table 2　Fields and examples of the trajectory file

数据文件名称	字段名称	数据示例	字段说明
病菌孢子模拟传播轨迹 201803.tgs	start_year	2018	轨迹起始年份
	start_month	03	轨迹起始月份
	start_day	01	轨迹起始日期
	start_hour	0	轨迹起始小时
	year	2018	模拟时的年份

数据文件名称	字段名称	数据示例	字段说明
	month	03	模拟时的月份
	day	01	模拟时的日期
	hour	0	模拟时的小时
	latitude	44.060	纬度（度，北纬为正）
	longitude	87.250	经度（度，东经为正）
	height	10.0	高度（米，相对于地面）
	press	926.4	气压（百帕）

为了便于后续分析和图形化展示孢子传播路线，轨迹文件转换为 shp 格式后，在 ArcMAP 中加载显示，如图 4 所示。

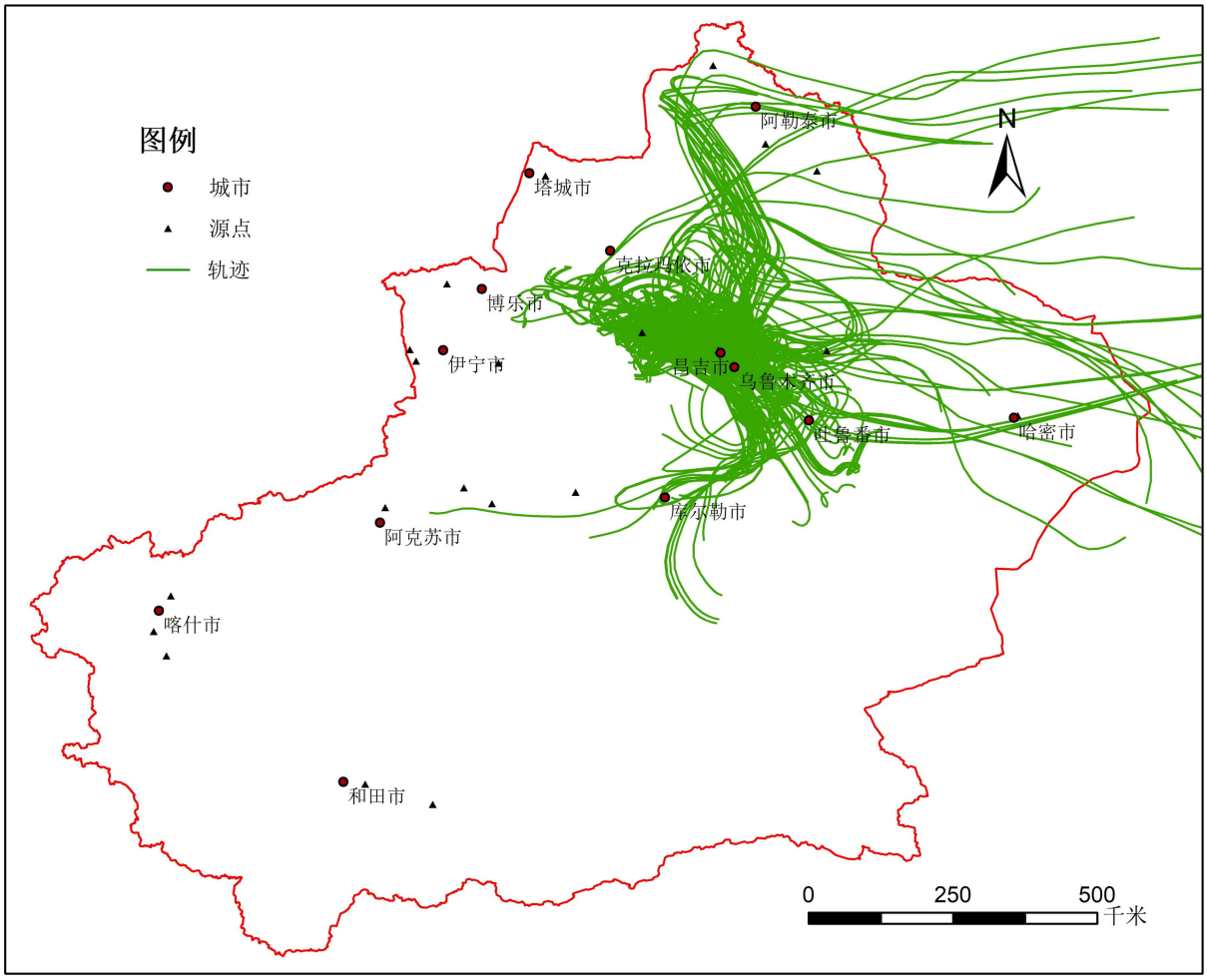


图 4　昌吉市源点 2018 年 3 月的传播轨迹

Figure 4　Spread trajectory of the source point in Changji City in March 2018

3　数据质量控制和评估

为保证数据质量及 HYSPLIT 模型数据格式要求，研究中使用的初始气象数据来自专业数据中心

——美国国家环境预报中心和大气研究中心，下载后，经过人工复查以确保数据完整。根据项目野外调查数据，选择的腐烂病模拟源点都在流行区内，真实有效。部分查阅的数据源自相关科学文献和领域内公开的专业手册、指南。在《HYSPLIT User's Guide》《MeteoInfo 用户手册》的说明指导下完成了模型计算。数据的加工及处理全部在 MeteoInfo、ArcGIS 软件平台上进行，数据格式、质量均严格按照模型要求进行处理。

4 数据价值

本数据集包含近 10 年新疆 22 个腐烂病源点模拟传播轨迹数据集，为领域内学者研究新疆腐烂病菌在大气中随风传播的过程提供了丰富的数据。以此为基础，相关研究人员可以对轨迹进行聚类操作；与 GIS 相结合，进一步计算传播轨迹的频率（Trajectory frequency），分析不同季节、不同时间段腐烂病的传播扩散范围、特征，评估腐烂病在新疆的危害和风险。

数据作者分工职责

李全胜（1979—），男，新疆库尔勒人，硕士，副教授，研究方向为农业信息化。主要承担工作：数据汇总整理及论文撰写。

张志勇（1984—），男，新疆昌吉人，硕士，讲师，研究方向为农业信息化与自动化技术研究。主要承担工作：野外调查、数据汇总整理。

刘婷婷（1985—），女，北京人，硕士，助理研究员，研究方向为科学数据管理。主要承担工作：数据审核。

曹姗姗（1984—），女，黑龙江哈尔滨人，博士，副研究员，研究方向为农林时空信息智能分析。主要承担工作：总体方案设计与组织实施。

孙伟（1978—），男，山东海阳人，博士，研究员，研究方向为农林时空信息智能分析。主要承担工作：总体方案设计与组织实施。

参考文献

[1] 何婷, 蔡桂芳, 贾海英, 等. 壳囊孢属真菌(*Cytospora* spp.)在新疆的分布特征[J]. 新疆农业科学, 2022, 59(11): 2696–2706. [HE T, CAI G F, JIA H Y, et al. Distribution characteristics of Cytospora spp. in Xinjiang[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2022, 59(11): 2696–2706.]

[2] HANIFEH S, ZAFARI D, SOLEIMANI M J, et al. Multigene phylogeny, morphology, and pathogenicity trials reveal novel Cytospora species involved in perennial canker disease of apple trees in Iran[J]. Fungal Biology, 2022, 126(11/12): 707–726. DOI: 10.1016/j.funbio.2022.08.009.

[3] SEMERCI A, GUEVARA C A, GONZALEZ-BENECKE C A. Water availability effects on growth and phenology of 11 poplar cultivars growing in semiarid areas in Turkey[J]. New Forests, 2021, 52(3): 411–430. DOI: 10.1007/s11056-020-09802-5.

[4] ADAMS G C, SURVE-IYER R S, IEZZONI A F. Ribosomal DNA sequence divergence and group I

introns within the Leucostoma species L. cinctum, L. persoonii, and L. parapersoonii sp. nov., ascomycetes that cause *Cytospora canker* of fruit trees[J]. Mycologia, 2002, 94(6): 947–967.

[5] 张星耀, 赵仕光, 朴春根, 等. 树木溃疡病病原真菌类群分子遗传多样性研究Ⅰ: 小穴壳菌属、疡壳孢属、壳囊孢属、盾壳霉属分类地位的分子证明[J]. 林业科学, 1999, 35(3): 34–40. DOI: 10.3321/j.issn: 1001-7488.1999.03.007. [ZHANG X Y, ZHAO S G, PIAO C G, et al. Molecular genetic diversity of pathogenic fungal group causing tree canker ⅰ.: evidence of taxa for Dothiorella, dothichiza, Cytospora and coniothyrium in molecular level[J]. Scientia Silvae Sinicae, 1999, 35(3): 34–40. DOI: 10.3321/j.issn: 1001-7488.1999.03.007.]

[6] DUDLEY M M, TISSERAT N A, JACOBI W R, et al. Pathogenicity and distribution of two species of Cytospora on Populus tremuloides in portions of the Rocky Mountains and Midwest in the United States[J]. Forest Ecology and Management, 2020, 468: 118168. DOI: 10.1016/j.foreco.2020.118168.

[7] 唐俊煜, 张王斌, 李亚鹏, 等. 库尔勒香梨树腐烂病菌生物学特性与致病性的初步研究[J]. 新疆农业科学, 2015, 52(2): 252–257. [TANG J Y, ZHANG W B, LI Y P, et al. Korla pear tree biological characteristics of the Valsa canker growth pathogen and its pathogenicity[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2015, 52(2): 252–257.]

[8] 刘振坤, 王宏希, 左维新. 新疆桃核树腐烂病的研究[J]. 新疆农业科学, 1979, 16(5): 15–17. [LIU Z K, WANG H X, ZUO W X. Research on Walnut Tree Canker in Xinjiang [J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 1979, 16(5): 15–17.]

[9] 范瑛阁. 库尔勒香梨腐烂病的发生规律及防治技术[J]. 农业科技与信息, 2010, 7(9): 21. DOI: 10.3969/j.issn.1003-6997.2010.09.015. [FAN Y G. Occurrence regularity and control techniques of Korla fragrant pear rot[J]. Agricultural Science-Technology and Information, 2010, 7(9): 21. DOI: 10.3969/j.issn.1003-6997.2010.09.015.]

[10] 邢红亮, 张王斌, 温善菊, 等. 新疆南疆桃树腐烂病菌生物学特性研究[J]. 新疆农业科学, 2015, 52(12): 2286–2293. DOI: 10.6048/j.issn.1001-4330.2015.12.020. [XING H L, ZHANG W B, WEN S J, et al. Biological characteristics and pathogenicity of Valsa canker pathogen of peach tree in southern Xinjiang[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2015, 52(12): 2286–2293. DOI: 10.6048/j.issn.1001-4330.2015.12.020.]

[11] 王兰. 香梨树腐烂病病原的生物学性状研究[J]. 石河子大学学报(自然科学版), 2008, 26(3): 299–302. DOI: 10.3969/j.issn.1007-7383.2008.03.008. [WANG L. Studies on the biological characters of pathogen of Valsa canker on sweet pear[J]. Journal of Shihezi University (Natural Science), 2008, 26(3): 299–302. DOI: 10.3969/j.issn.1007-7383.2008.03.008.]

[12] 史祥鹏, 徐柳, 刘涛, 等. 温度对梨树腐烂病菌生长、病斑扩展及产毒素水平的影响[J]. 植物保护学报, 2015, 42(4): 544–550. DOI: 10.13802/j.cnki.zwbhxb.2015.04.010. [SHI X P, XU L, LIU T, et al. Influences of temperature on growth, lesion expansion and toxin production of Valsa mali var. pyri[J]. Journal of Plant Protection, 2015, 42(4): 544–550. DOI: 10.13802/j.cnki.zwbhxb.2015.04.010.]

[13] 阎应理,荆志刚.苹果腐烂病菌分生孢子田间消失规律研究[J].植物病理学报,1988(04):18. [YAN Y L, JING Z G. STUDIES ON RULE OF GROWTH AND DECLINE OF CONIDIA OF (VALSA MALI) IN

THE OPEN AIR[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 1988(04):18.]

[14] LAWRENCE D P, HOLLAND L A, NOURI M T, et al. Molecular phylogeny of Cytospora species associated with canker diseases of fruit and nut crops in California, with the descriptions of ten new species and one new combination[J]. IMA Fungus, 2018, 9: 333–370. DOI: 10.5598/imafungus.2018.09.02.07.

[15] GRINN-GOFROŃ A, SADYŚ M, KACZMAREK J, et al. Back-trajectory modelling and DNA-based species-specific detection methods allow tracking of fungal spore transport in air masses[J]. Science of the Total Environment, 2016, 571: 658–669. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2016.07.034.

[16] LI Y X, DAI J C, ZHANG T X, et al. Genomic analysis, trajectory tracking, and field surveys reveal sources and long-distance dispersal routes of wheat stripe rust pathogen in China[J]. Plant Communications, 2023, 4(4): 100563. DOI: 10.1016/j.xplc.2023.100563.

[17] 王海光, 杨小冰, 马占鸿. 应用HYSPLIT-4模式分析小麦条锈病菌远程传播事例[J]. 植物病理学报, 2009, 39(2): 183–193. [WANG H G, YANG X B, MA Z H. Case analysis of long-distance transports of Puccinia striiformis f.sp. tritici in China using HYSPLIT-4 model[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2009, 39(2): 183–193.]

[18] GREWLING Ł, MAGYAR D, CHŁOPEK K, et al. Bioaerosols on the atmospheric super highway: an example of long distance transport of Alternaria spores from the Pannonian Plain to Poland[J]. Science of the Total Environment, 2022, 819: 153148. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2022.153148.

[19] 郭开发. 新疆林木腐烂病菌种类鉴定及其主要种Valsa mali遗传分化和初侵染源快速检测研究[D]. 新疆: 石河子大学, 2016. [GUO K F. Identification to Pathogens of Woods Canker, Genetic Differentiation Research to its Main Species Valsa mali and Rapid Detection to Primary Infection Source of V. mali in Xinjiang[D]. Xinjiang: Shihezi University, 2016.]

[20]马荣. 新疆壳囊孢属真菌的分类及系统学研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2017. [MA R. Taxonomy and Phylogeny of Cytospora in Xinjiang, northwest of China[D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2017.]

[21] LIU N, LEI Y, GONG G S, et al. Temporal and spatial dynamics of wheat powdery mildew in Sichuan Province, China[J]. Crop Protection, 2015, 74: 150–157. DOI: 10.1016/j.cropro.2015.05.001.

[22] MEYER M, COX J A, HITCHINGS M D T, et al. Quantifying airborne dispersal routes of pathogens over continents to safeguard global wheat supply[J]. Nature Plants, 2017, 3(10): 780–786. DOI: 10.1038/s41477-017-0017-5.

[23] VERIANKAITĖ L, SILJAMO P, SOFIEV M, et al. Modelling analysis of source regions of long-range transported birch pollen that influences allergenic seasons in Lithuania[J]. Aerobiologia, 2010, 26(1): 47–62. DOI: 10.1007/s10453-009-9142-6.

[24] TAJIKI F, ASGARI H M, ZAMANI I, et al. Assessing the relationship between airborne fungi and potential dust sources using a combined approach[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2022, 29(12): 17799–17810. DOI: 10.1007/s11356-021-17028-x.

[25] 徐莎莎. 新疆核桃腐烂病的发生规律、病原结构组成及遗传多样性研究[D]. 新疆: 塔里木大学, 2023. [XU S S. The Occurrence, Pathogenic Structural Composition and GeneticDiversity of Walnut

Canker Disease in Xingjiang[D]. Xinjiang: Tarim University, 2023.]

论文引用格式

李全胜，张志勇，刘婷婷，等. 2013–2022 年新疆林木腐烂病模拟传播轨迹数据集[J/OL]. 中国科学数据, 2024, 9(4). (2024-11-12). DOI: 10.11922/11-6035.nasdc.2023.0020.zh.

数据引用格式

孙伟. 2013–2022 年新疆林木腐烂病模拟传播轨迹数据集[DS/OL]. V1. Science Data Bank, 2024. (2024-08-27). DOI:10.57760/sciencedb.agriculture.00126.

A dataset of simulated spread trajectories of Cytospora canker in Xinjiang (2013–2022)

LI Quansheng[1], ZHANG zhiyong[1], LIU Tingting[2,3], CAO Shanshan[2,3*], SUN Wei[2,3*]

1. College of Computer and Information Engineering, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, P. R. China
2. Agricultural Information Institute of CAAS, Beijing 100081, P. R. China
3. National Agriculture Science Data Center, Beijing 100081, P. R. China

*Email: caoshanshan@caas.cn; sunwei02@caas.cn

Abstract: Cytospora canker is one of the most serious among forestry diseases in Xinjiang, which has caused great losses to the forest and fruit industries. Based on field survey data, we identified the source sites of fungal release within the epidemic area of Cytospora canker. Leveraging global reanalysis meteorological data provided by the National Oceanic and Atmospheric Administration (NOAA) of the United States, we adopted the HYSPLIT model and simulated trajectories with MeteoInfo software to trace the spread of Cytospora canker fungus spore propagation via airflow from March to October during 2013-2022, with 48-hour forward trajectories at the 22 fungus source locations, computed for four daily intervals (00:00, 06:00, 12:00, and 18:00). The month-by-month trajectory files were then merged to generate seasonal trajectory data for spring, summer and fall, finally forming this dataset ultimately. The reliability and scientific validity of the dataset was ensured through multiple validation methods during the data processing. This dataset is of great reference value for studying the range, characteristics, and patterns of remote transmission of Cytospora canker via airflow in Xinjiang, and developing monitoring, prevention and control strategies for Cytospora canker in the region.

Keywords: Xinjiang; Cytospora canker; HYSPLIT; spread trajectory

Dataset Profile

Title	A dataset of simulated spread trajectories of Cytospora canker in Xinjiang (2013–2022)
Data corresponding author	SUN Wei（sunwei02@caas.cn）
Data authors	SUN Wei
Time range	2013–2022
Geographical scope	Xinjiang
Data volume	1.14 GB
Data format	*.tgs, *. shp
Data service system	<https://doi.org/10.57760/sciencedb.agriculture.00126>
Sources of funding	National Natural Science Foundation of China (32060321,32271880); Special project for the construction of innovation environment (Talent, Base) in Xinjiang Uygur Autonomous Region in 2020 (PT2012).
Dataset composition	This dataset includes simulated trajectory data from 22 Cytospora canker release source sites in Xinjiang from 2013 to 2022,. It contains 22 folders, with each folder corresponding to a specific source site. Each folder has 2 parts: (1) month-by-month trajectory files (.tgs) for a total of 80 months from March to October each year over a 10-year period; and (2) trajectory files (.tgs, .shp) for each of the three seasons over the 10-year period, which were generated by combining the month-by-month trajectory files according to the spring (March-May), summer (June-August), and fall (September-October).