



基于 MaxEnt 模型的暗色粉蚧 *Pseudococcus viburni* 全球潜在分布区预测

黄芳¹, 孙双艳², 付海滨^{3*}, 詹国平⁴, 潘绪斌⁴,
王聪⁴, 李惠萍⁵

(1. 湖州检验检疫综合技术服务中心, 浙江湖州 313000; 2. 海关总署国际检验检疫标准与技术法规研究中心, 北京 100013;
3. 沈阳海关技术中心, 沈阳 110016; 4. 中国检验检疫科学研究院, 北京 100029; 5. 太原海关技术中心, 太原 030024)

摘要: 暗色粉蚧 *Pseudococcus viburni* 是落叶果树的重要多食性害虫, 对苹果、梨、葡萄等重要水果的潜在危害风险高。暗色粉蚧在全球多个国家内发生, 造成严重的经济损失, 目前对我国云南少数地区已有入侵报道。本研究旨在对暗色粉蚧的潜在地理分布区进行识别, 为该有害生物的风险评估及管理提供数据支持。基于暗色粉蚧的 46 个有效分布记录和 19 个生物环境因子, 利用 MaxEnt 模型和 ArcGIS 软件对暗色粉蚧在全球以及我国在目前及 20 年后的潜在地理分布区进行识别, 同时利用综合环境变量贡献率和刀切法检验评估影响其地理分布的主要环境因子。研究结果显示影响暗色粉蚧地理分布的主要环境因子有最冷月最低温 (bio6)、最热季平均温度 (bio10)、温度年较差 (bio7)。暗色粉蚧在全球的潜在分布区主要包括北美洲太平洋沿岸、南美洲南部、欧洲西部及地中海沿岸、非洲南部、澳洲东南及以我国南部为主的亚洲南部。在我国的潜在分布区主要集中在江淮流域、长江中下游地区、华南及西南等地。未来 20 年, 暗色粉蚧在全球的适生区范围在原有的基础上大幅增加, 在我国的适生面积由目前占陆地总面积的 23.46% 增长到 28.44%。暗色粉蚧在我国云南等少数地区已有入侵记录, 在我国存在定殖、扩散风险, 对我国现有的防疫管理有潜在威胁。建议农林、口岸等疫情管理部门加强调查、检疫和监控, 严防暗色粉蚧对我国农林产业造成危害。

关键词: 暗色粉蚧; 生物入侵; 潜在地理分布; 生物环境因子; MaxEnt 模型

中图分类号: Q968.2

文献标识码: A

Potential distribution area of *Pseudococcus viburni* (Hemiptera: Pseudococcidae) in the world based on MaxEnt model

HUANG Fang¹, SUN Shuang-Yan², FU Hai-Bin^{3*}, ZHAN Guo-Ping⁴, PAN Xu-Bin⁴, WANG Cong⁴, LI Hui-Ping⁵ (1. Huzhou Inspection and Quarantine Integrated Technical Service Center, Zhejiang Province, Huzhou 313000, China; 2. International Inspection and Quarantine Standards and Technical Regulations Research Center of the General Administration of Customs, Beijing

基金项目: 海关总署科研计划 (2024HK175)

作者简介: 黄芳, 女, 博士, 副研究员, 研究方向为植物检疫, E-mail: huangfang_ch@hotmail.com

*通讯作者 Author for correspondence: 付海滨, 男, 博士, 研究员, 研究方向为植物保护, E-mail: fhbcq@126.com

收稿日期 Received: 2024-01-05; 修回日期 Revision received: 2024-04-22; 接受日期 Accepted: 2024-04-23

100013, China; 3. Technology Center of Shenyang Customs, Shenyang 110016, China; 4. Chinese Academy of Inspection and Quarantine, Beijing 100029, China; 5. Technology Center of Taiyuan Customs, Taiyuan 030024, China)

Abstract: The obscure mealybug, *Pseudococcus viburni*, is an important polyphagous pest of deciduous fruit trees with a high risk of potential damage to important fruits such as apples, pears and grapes. The obscure mealybug occurs in several countries around the world, causing serious economic losses, and has been reported to be invasive in Yunnan of China. This study aims to model the potential geographic distribution areas of *P. viburni*. Based on 46 effective distribution records and 19 bio-environmental factors, the potential geographic distribution areas of *P. viburni*, at present and 20 years later, were identified by the MaxEnt model and ArcGIS. The major environmental factors affecting the geographic distribution were evaluated by the contribution rate of the integrated environmental variables and the jackknife test. The potential distribution areas of dark-colored mealybugs globally mainly included. The results showed that the main environmental factors affecting the geographic distribution of *P. viburni* were the minimum temperature of coldest month (bio6), the mean temperature of warmest quarter (bio10), and the annual range of temperature (bio7). The potential global distribution areas of *P. viburni* mainly include the Pacific coast of North America, the southern part of South America, the western part of Europe and the Mediterranean coast, the southern part of Africa, the southeastern part of Australia, and the southern part of Asia, mainly the southern part of China. In China, the potential distribution areas are mainly concentrated in the Jianghuai Basin, the middle and lower reaches of the Yangtze River, South China and Southwest China. After 20 years, the global range of *P. viburni* has increased significantly on the basis of the original, and the range in China will increase from 23.46% to 28.44% of the total land area. The obscure mealybugs have invaded into Yunnan, and have risks of colonization and proliferation in China, which is a potential threat to the existing epidemic prevention and management in China. It is recommended that the epidemic management departments of agriculture, forestry and ports should strengthen the investigation, quarantine and monitoring to prevent *P. viburni* from causing harm to China's agriculture and forestry industries.

Key words: *Pseudococcus viburni*; biological invasion; potential geographical distribution; environmental variable; MaxEnt model

暗色粉蚧 *Pseudococcus viburni* (Signoret) 隶属半翅目粉蚧科粉蚧属, 是落叶果树的重要多食性害虫, 主要危害苹果、梨、葡萄等经济水果, 其寄主范围涉及约 90 个科 240 个属 (García-Morales *et al.*, 2016)。暗色粉蚧与葡萄粉蚧 *Pseudococcus maritimus* (Ehrhorn) 和长尾粉蚧 *Pseudococcus longispinus* (Targioni Tozzetti) 同属于 *Pseudococcus maritimus-malacearum* 复合种群 (Gimpel and Miller, 1996), 从形态特征和分子数据来看, 暗色粉蚧与前者的亲缘关系更近, 导致两种粉蚧常被混淆或误认 (Wilkey and McKenzie, 1961; Miller *et al.*, 1984; Hardy *et al.*, 2008)。暗色粉蚧可能起源于南美洲, 现已分布于大约 56 个国家, 广泛分布于澳大利亚、欧洲 (西班牙、法国和意大利)、以色列、伊朗、新西兰、

北美、俄罗斯和南非 (Charles, 2011; García-Morales *et al.*, 2016)。随着全球贸易以及物流的快速发展, 暗色粉蚧经由其水果或其他寄主植物及植物产品在全球范围进行传播扩散。

自 20 世纪 60 年代初以来, 暗色粉蚧一直被认为是一种具有重要的经济害虫。与属内其他种一样, 暗色粉蚧为害时呈密集型分布, 其若虫及成虫均可通过口针刺入寄主植物内部取食汁液, 导致茎叶枯萎、果实早落; 在取食的同时还可分泌蜜露, 诱发霜霉病影响叶片光合作用, 造成植株生长始弱, 严重时死亡 (Silva, 2018)。在法国, 暗色粉蚧为害造成设施栽培番茄的严重损失 (Germain, 2003)。在伊朗, 暗色粉蚧被认为是影响其茶叶生产的主要因素 (Ramzi *et al.*, 2018)。在南非, 暗色粉蚧是苹果和梨的主要粉蚧害虫, 同时也会侵害桃、李和包括百香果在内的亚热带水果 (Mathulwe *et al.*, 2021)。近年来, 我国在进口水果贸易发展迅速, 口岸检疫中频繁截获粉蚧害虫, 其随苹果、梨等水果传入我国的风险极大。虽然目前在我国云贵部分地区已发现有暗色粉蚧, 但其危害未见报道。我国气候资源丰富, 植物种类繁多, 暗色粉蚧传入后一旦定殖形成地理种群便可迅速扩散蔓延, 将使我国热带、亚热带的水果和观赏植物等相关产业造成严重损失。

大量研究证实, 通过分析外来危险性有害生物物种的生存环境, 利用数学建模的手段可实现该物种在全球的适生区地图的绘制, 从而对揭示该物种的入侵规律起到重要作用 (Waltari *et al.*, 2007; 王运生, 2007)。MaxEnt 模型基于生态位原理, 利用已知样本对未知分布的最优估计可满足已知对未知分布的限制条件, 使分布具有最大的熵, 以预测目标物种在已知气候区潜在分布的概率 (Phillips *et al.*, 2006)。模型主要通过 Logistic 回归对目标物种已知的分布点及对应的环境变量进行分析, 并将运算结果进行投射, 从而实现预测目标物种在不同时空内分布情况的目的 (朱耿平等, 2013)。大量研究证明该模型具有较好的分辨变量相互作用能力及抽样偏差处理能力, 可以达到较高的预测精度 (Peterson *et al.*, 2007; Haegeman and Etienne, 2010), 是目前较为科学的适生区分析模型, 已在植物、动物及昆虫等生物分布区域的气候适宜性分析方面得到了广泛的应用。

综上, 为了科学合理制定防控策略, 有效防止暗色粉蚧的传入和扩散, 采用 Maxent 生态位模型和 ArcGIS 对暗色粉蚧在中国的潜在地理分布进行研究, 以期有关部门制定检疫政策和技术措施提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 数据来源

本研究所用的气候数据来源于世界气候数据库 (<https://worldclim.org/>), 包括分别用于描述气温、降水量及上述两项极端值的 19 个变量数据, 分辨率为 2.5 min (Hijmans *et al.*, 2005; 刘学琴等, 2022)。未来 (2021-2040 年) 气候数据选择第六次国际耦合模式比较计划 CMIP6 的北京气候中心中等分辨率气候系统模式 BCC-CSM2-MR 模式下的 SSP2-4.5 情景数据 (张彦静等, 2023)。世界地图底图为自然资源部监制, 审图号为 GS (2016) 1665。

暗色粉蚧分布数据来源于全球生物多样性信息平台 (<http://www.gbif.org>)、国际应用生

物科学中心物种数据库 (<http://www.cabi.org>)、科学引文索引等权威数据库以及被中文核心期刊收录的科技论文。部分未提供经纬度信息的地理位置通过地名数据库 Geonames (<http://www.geonames.org>) 补充必要信息。暗色粉蚧在全球的已知分布点如图 1 所示, 主要分布于乌拉圭、法国、葡萄牙、法属圭亚那、瓜德罗普、马耳他、圣皮埃尔和密克隆、智利、阿根廷、卢森堡、奥斯特拉里亚、美国、南非以及我国云贵地区等。



图 1 暗色粉蚧在全球的已知分布点

Fig. 1 Locations of *Pseudococcus viburni* in the world

注: 该图基于国家测绘地理信息局标准地图服务网站下载的审图号为 GS (2016) 1665 号的标准地图制作, 底图无修改。下同。
Note: This map was based on the standard map with the review number GS (2016) 1665 downloaded from the Standard Map Service website of the National Bureau of Surveying and Mapping Geographic Information. The base map had not been modified. Same as below.

1.2 预测及分析软件

预测软件为 MaxEnt 3.4.4 生态位软件, 来源于美国自然历史博物馆网站 (https://biodiversityinformatics.amnh.org/open_source/maxent/)。GIS 地理信息系统软件为 ArcGis v.10, 来源于 Esri 网站 (<https://www.esri.com/>)。统计分析 (如多重共线性分析) 通过 SPSSAU 数据分析平台完成 (<https://spssau.com/>)。

1.3 数据处理及模型运行

暗色粉蚧地理分布数据利用分辨率为 2.5 arc-min 的栅格去除重叠以降低空间偏差, 避免因样点过于密集导致生态空间分布点重复 (温玄焯等, 2021), 将结果输出为 CSV 文件格式, 关键参数为分布点的经纬度。

将物种分布数据导入 MaxEnt, 使用刀切法测试环境变量的重要性, 重复 10 次, 获得各环境因子对暗色粉蚧现有分布情况的贡献率, 贡献率越高说明该因子对分布结果的影响越重要, 按贡献率由大到小选取因子直至累计值超过 90% (张华等, 2020); 为避免各因子之间的高相关性而导致模型过度拟合, 利用 Arcgis 提取分布点的 19 个生物气候因子, 进行多重共线性分析, 当交叉相关值 $|r| \geq 0.8$ 时, 说明该两项变量之间存在共性关系, 剔除贡献率较

低的变量 (Yang *et al.*, 2013), 余下各变量均作为预测分析的参数。

将暗色粉蚧地理分布数据、筛选出的环境变量以及对应的未来气候数据导入 MaxEnt, 随机选取 25% 作为测试集, 余下为训练集, 采用 Cross-validate 验证方法, 最大迭代次数 5 000 次, 最大背景点数量 10 000 个, 10 次重复, 获得 asc 文件为预测结果。预测结果文件为基于物种的存在概率逻辑值 (P 值) 生成的 ASCII 栅格化图层, P 值范围为 0 到 1 之间, P 值越大表示物种存在的概率值越大。利用 ArcGIS 软件内置的默认方法对结果数据进行重分区, 即采用自然断点法 (Jenks' natural breaks) 进行 5 个等级的划分, 分别为极高适宜生境 (0.53~1)、高适宜生境 (0.32~0.53)、中适宜生境 (0.15~0.32)、低适宜生境 (0.04~0.15) 和不适宜生境 (0~0.04)。

1.4 模型评价

通过受试者工作 (ROC) 曲线对模型精度进行评价, ROC 曲线下积值 (AUC) 为评价指标, 当 AUC 值 > 0.9 时, 预测结果准确性为高 (Merow *et al.*, 2013)。

2 结果与分析

2.1 模型结果

MaxEnt 模型初步分析获取 19 个生物气候变量的贡献值, 结合 19 个生物气候变量的多重共线性分析结果, 最终筛选出 6 个显著因子, 分别为等温性 (bio3)、最冷月份最低温度 (bio6)、年平均温度差 (bio7)、最暖季均温 (bio10)、年均降水量 (bio12)、最冷季降水量 (bio19)。

经进一步拟合, 暗色粉蚧 MaxEnt 模型 ROC 曲线如图 2, AUC 平均值为 0.944, 平均标准误差为 0.005, 表明此模型可靠, 利用此模型对暗色粉蚧的潜在分布区进行的预测结果可信度高。

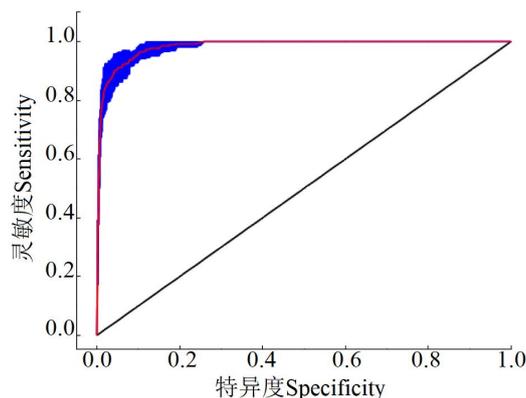


图 2 暗色粉蚧适生区的 ROC 验证曲线

Fig. 2 ROC curve of potential distribution of *Pseudococcus viburni*

注: 红线, AUC 均值 = 0.984; 蓝色区域, 标准差; 黑线, 随机预测值。Note: Red line, Mean AUC = 0.984; Blue area = Standard deviation; Black line, Random Prediction.

2.2 暗色粉蚧潜在地理分布的影响因子

本研究择出 bio3 (等温性)、bio6 (最冷月最低温)、bio7 (温度年较差)、bio10 (最热

季平均温度)、bio12 (年降雨量)、bio19 (最冷季降水量) 等 6 个环境变量作为主要环境变量, 经最终模型预测, 上述 6 个变量的贡献率由大到小依次为: bio6 (43%)、bio10 (17.5%)、bio3 (12.9%)、bio19 (9.6%)、bio7 (9.1%)、bio12 (7.9%)。

暗色粉蚧环境变量的刀切法分析结果显示 (图 3), 仅使用单一环境因子变量时, 对正规化训练增益影响较大的环境因子变量为最冷月最低温 (bio6)、最热季平均温度 (bio10)、温度年较差 (bio7), 说明上述 3 个生物气候变量含有暗色粉蚧适宜性生境的有效信息, 是预测暗色粉蚧潜在地理分布的关键因素。

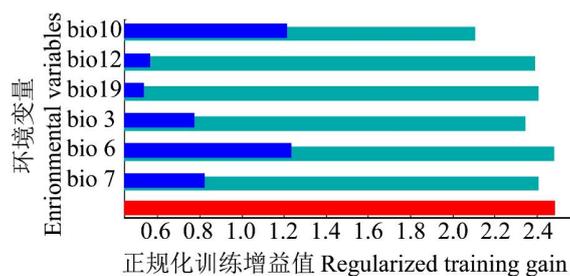


图 3 暗色粉蚧环境因子刀切法检验结果

Fig. 3 The jackknife test result of environmental factor for *Pseudococcus viburni*

注: 浅蓝色, 不含某个变量; 深蓝色, 只含某个变量; 橙色, 包含所有变量。Note: Light blue, Without some variable; Dark blue, Only with some variable; Orange, With all variables.

2.3 环境变量响应曲线

根据环境变量响应曲线可判断变量影响暗色粉蚧存在概率的区间值, 当暗色粉蚧的存在概率大于 0.5 时, 其对应的环境值适宜暗色粉蚧分布 (张华等, 2020)。本研究分析结果 (图 4) 显示最冷月最低温在 5°C 左右时, 暗色粉蚧存在概率值最高, 在低于 0°C 或高于 10°C 时生存概率降至 0.5 以下, 说明暗色粉蚧适宜分布地区的最冷月最低温范围为 0~5°C。同理可以得出: 适宜暗色粉蚧分布的温度年较差范围为 15~25°C, 最适宜数值为 22°C 左右; 适宜暗色粉蚧分布的最热季平均温度范围为 19~23°C, 最适宜数值为 21°C 左右, 此时分布概率值可超过 0.7; 等温性适宜范围为 40~60, 最适宜数值为 50; 年降雨量最适宜值约为 800 mm 左右; 最冷季降水量最适宜值在 300~400 mm 之间。

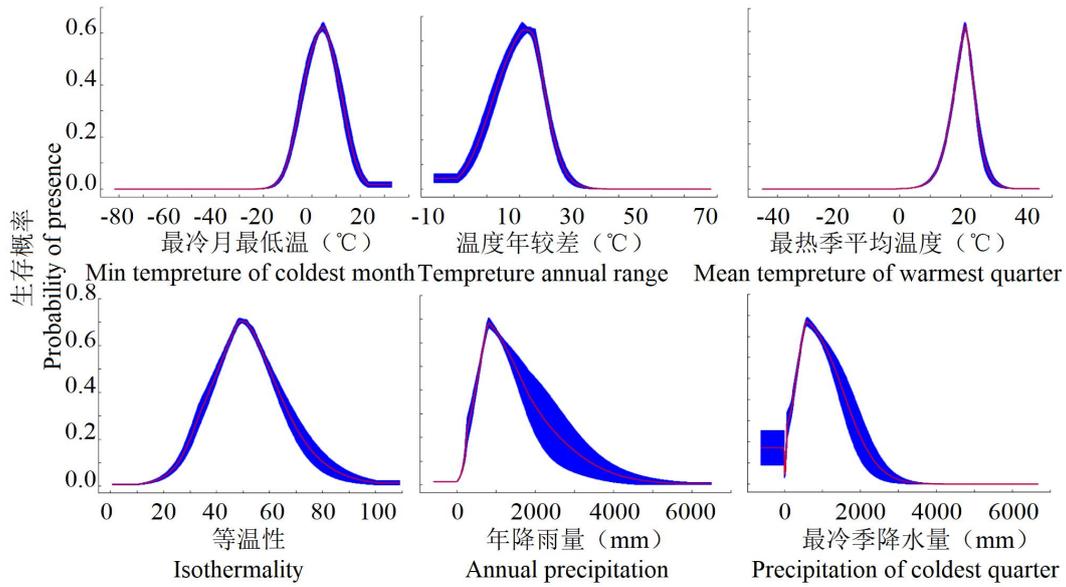


图 4 暗色粉蚧存在概率对主要气候因子的响应曲线

Fig. 4 Response curves of existence probability of *Pseudococcus viburni*

注：红线，平均生存概率；蓝色区域，标准差。Note: Red line, Average probability of existence; Blue area, Standard deviation.

2.4 暗色粉蚧在全球的适生区

根据 MaxEnt 模型预测，暗色粉蚧在全球的适生区如图 5 所示，极高适宜生境包括美国加利福尼亚州沿太平洋地区，墨西哥东、西马德雷山脉之间的墨西哥高原中部地区；南美洲拉普拉塔湾地区、阿根廷中部、乌拉圭沿大西洋地区、智利境内自科金博大区向南延伸至河大区中部；欧洲葡萄牙、西班牙及法国沿大西洋部分地区、撒丁岛、西西里岛、阿尔巴尼亚及希腊靠地中海沿岸；南非沿海地区；澳洲东南沿海；以及中国云贵高原大部。高适宜生境主要为极高适宜生境的延展区域，以及爱尔兰、英国、新西兰等地。中适宜生境为高适宜生境的外扩延展区，以及比利时、荷兰等国。低适宜生境主要包括美国南部大西洋沿岸自北卡罗莱纳州向东至亚利桑南州地区；南美洲的巴拉圭、巴西纳塔尔以南大西洋沿岸、阿根廷毗邻智利地区；欧洲的德国、奥地利、斯洛文尼亚等；非洲的纳米比亚、安哥拉、赞比亚、津巴布韦、莫桑比克、坦桑尼亚、埃塞俄比亚、苏丹、尼日利亚、马达加斯加等部分地区；亚洲的缅甸、泰国、老挝、越南等毗邻中国的地区、印度南部地区、中国黄河以南地区。

在未来 20 年，暗色粉蚧在全球的适生区范围在原有的基础上大幅增加，极高适宜生境新增北美洲的美国华盛顿州、俄勒冈州沿太平洋地区，墨西哥高原大部以及新西兰；巴西圣玛丽亚东部沿海部分地区；欧洲的爱尔兰、英国西南沿海意大利、阿尔巴尼亚等。高中适宜生境新增美国东南大部、欧洲中部及东部各国、非洲撒哈拉沙漠以南及赤道以北地区以及亚洲日韩地区和中国长江中下游地区；低适宜生境在原有的基础上向外扩展，尤其发展至波兰、捷克、斯洛伐克、白俄罗斯及俄罗斯西部地区（图 6）。

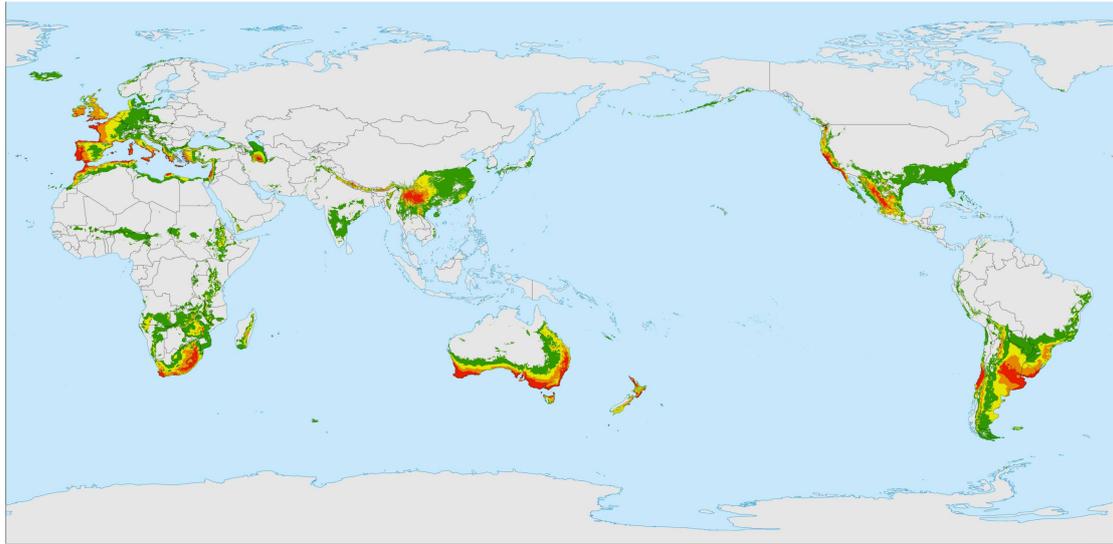


图 5 暗色粉蚧在全球的适生区

Fig. 5 Predicted potential suitable habitats of *Pseudococcus viburni* in the world

注：红色，极高风险区；橙色，高风险区；黄色，中风险区；绿色，低风险区；白色，不适宜区。下同。
 Note: Red, Extreme high-suitable zone; Orange, High-suitable zone; Yellow, Medium-suitable zone; Green, Low-suitable zone; White, Unsuitable zone. Same as below.

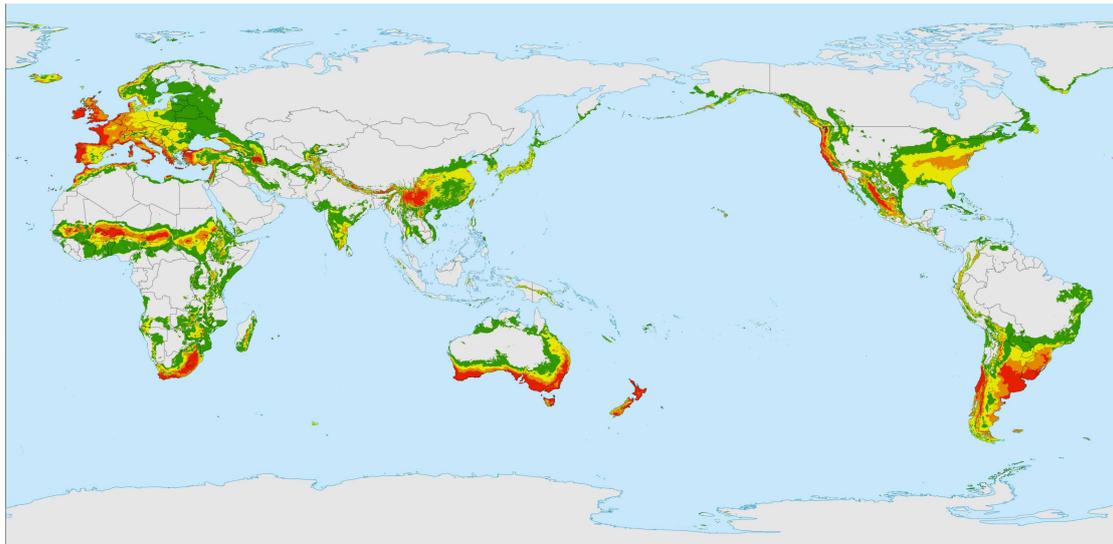


图 6 暗色粉蚧未来 20 年在全球的适生区

Fig. 6 Predicted potential suitable habitats of *Pseudococcus viburni* in the future 20 years of the world

2.5 暗色粉蚧在我国的适生区

MaxEnt 模型预测结果表明暗色粉蚧在我国江淮流域、长江中下游地区、华南及西南等地有不同程度的适生区域,其适生面积占我国陆地总面积的 23.46%,其中高适生区占 1.82%,较高适生区占 2.16%,中适生区 4.80%。高度适生区主要分布在云南、贵州。四川东南大部、广西北部与云南交界处、福建东南沿海及上海等为中度适生区。低适生区广泛分布在我国东南大部,包括贵州、湖南、华北、安徽、江苏、浙江、云南以及江西大部、广东部分和台湾西部沿海等。

根据全球气候发展趋势,暗色粉蚧未来 20 年在中国的适生区范围扩大、各地区的潜在

风险进一步提升, 其适生面积占我国陆地总面积的 28.44%, 其中高适生区占 2.45%, 较高适生区占 2.71%, 中适生区 9.13%。其中西藏南部部分地区发展为高度适生区, 贵州、四川东南大部、陕西南部、河北南部、安徽北部、江苏、浙江沿海发展为中度适生区, 江西、海南以及台湾全境均有不同程度的被入侵风险。

3 结论与讨论

物种分布模型是生态学、生物地理学、自然资源管理、生态系统管理和生物多样性保护等领域实证研究 (Empirical Research) 的重要工具, 可依据环境变量来计算生物种群在目标区域的分布概率 (Elith *et al.*, 2006; Elith and Leathwick, 2009; Franklin, 2013)。随着 GIS 技术的发展, Elith 等人 (2006) 针对适生区预测的 16 个模型 (BIOCLIM、BRT、BRUTO、DK-GARP、DOMAIN、GAM、GDM、GDM-SS、GLM、LIVES、MARS、MARS-COMM、MARS-INT、MAXENT、MAXENT-T、OM-GARP) 进行了比较研究, 结果发现基于最大熵规则的 MaxEnt 模型受样本大小的影响较小且性能稳定, 随后该结论得到再次证实 (Wisz *et al.*, 2008)。此后, Maxent 模型被广泛应用于生物多样性的变化、物种分布范围的预测以及气候变化潜在威胁的评估等, 尤其应用于有害生物潜在分布区的预测, 被认为是植物检疫研究领域的重要技术支持 (Dicko *et al.*, 2014; Xu *et al.*, 2020)。

用于模拟物种分布模型的环境变量有 19 个, 前 11 个为温度相关变量, 后 8 个为降水量相关变量。近年来, MaxEnt 在粉蚧适生性关键环境因子分析领域的应用越来越多, 明确了影响无花果刺粉蚧 *Planococcus ficus* 适生性的主要环境因子包括温度季节性变化 (bio4)、温度年较差 (bio7)、最湿季平均温度最干季平均温度 (bio8)、最干季平均温度 (bio9)、季节降水量变化 (bio15)、最热季降水量 (bio18) (Wei *et al.*, 2020), 大洋臀纹粉蚧 *Planococcus minor* 则主要受年平均气温 (bio1)、bio4, 最冷月最低温 (bio6)、温度年较差 (bio7)、最冷季平均温度 (bio11)、年降雨量 (bio12) 的影响 (齐国君等, 2015), 以及木薯绵粉蚧 *Phenacoccus manihoti* (Lu *et al.*, 2014)、木瓜秀粉蚧 *Paracoccus marginatus* (Heya *et al.*, 2020)、美地绵粉蚧 *Phenacoccus madeirensis* (Wei *et al.*, 2019) 等均在此方面开展了研究。总的来看, 温度和降水量都是影响粉蚧适生区的重要维度。针对用于 MaxEnt 模型的变量的筛选, 早期做法是将所有可能相关的因子导入后做初步分析, 再根据贡献率大小来选择进一步计算的参数; 但随着 MaxEnt 模型的广泛使用, 研究者发现多个预测因子之间存在多重共线性, 且这种多重共线性可能导致模型过拟合 (Feng *et al.*, 2019), 为此需要通过增加交叉相关值 $|r|$ 作为阈值, 以筛除具有强相关性的预测因子 (Remya *et al.*, 2015; Pramanik *et al.*, 2018; 刘学琴等, 2022)。以扶桑绵粉蚧 *Phenacoccus solenopsis* 在印度的适生区分析为例, Wei 等人 (2017) 通过采用交叉相关值对环境因子进行剪裁后, 认为影响扶桑绵粉蚧适生区的环境因子应包括日平均气温 (bio2)、等温性 (bio3)、最湿季均温 (bio8)、最干季平均温度 (bio9)、季节降水量变化 (bio15)、最暖季降水量 (bio18)、最冷季降水量 (bio19), 而 Fand 等人 (2014) 在未采用交叉相关值的情况下, 认为影响因子主要包括年平均气温 (bio1)、最热月最高温

(bio5)、最干季平均温度 (bio9)、最热季平均温度 (bio10) 和最冷季平均温度 (bio11), 对比两者结果发现前者筛选的环境因子包括了温度和降水量两个方面, 而后者仅选取了温度相关的因子; 此外, 虽然两个适生区分析结果相近, 但后者在绘制高风险区域时出现了疏漏。

本研究基于暗色粉蚧 46 条有效分布记录, 利用贡献率及交叉相关值抽取出影响其分布的 6 个关键环境变量, 分别为 bio3 (等温性)、bio6 (最冷月最低温)、bio7 (温度年较差)、bio10 (最热季平均温度)、bio12 (年降雨量)、bio19 (最冷季降水量), 其中 bio3、bio7 和 bio12 也被认为是影响木瓜秀粉蚧 (Heya *et al.*, 2020) 和美地绵粉蚧 (Wei *et al.*, 2019) 的主要环境变量。这与三者已知的分布范围及寄主范围有重叠的现象是一致的。

本研究通过 MaxEnt 模型分析了暗色粉蚧在全球和中国的分布概率, 再经由 ArcGIS 软件获得可视化适生区分布图并使用 Jenks 方法进行适生等级划分, 有效识别了当前气候条件下暗色粉蚧的适生区, 并预测了未来 20 年暗色粉蚧的入侵风险区。将已知分布点和全球范围的潜在分布区进行比对, 结果显示所有的已知分布点均落在高度适生区范围内。此外, 由于缺少具体分布位点而被排除的已知分布地区, 如智利、意大利等国也在预测的高度适生区范围内, 说明本研究模型能较好地吻合物种的实际分布。暗色粉蚧的预测结果显示其在我国的适生区主要在长江流域及以南地区, 与我国落叶水果的主要种植区域具有一致性, 基本上覆盖了梨、桃、李等水果在我国南方的主要分布区。

与属内其他种类类似, 暗色粉蚧的传播可通过随丢弃的果皮果壳, 或被动物或风携带进行短距离扩散, 也可通过随附在植物或植物产品表面经由货品调运进行远距离扩散。因其体型微小, 在出入境检疫中随植物或植物产品入境时, 不易察觉; 且随着水果贸易不断发展, 该有害生物的入侵风险已呈现愈加增高的趋势。此外, 在针对暗色粉蚧的可持续管理方面, 虽然部分研究已明确包括 *Heterothabditis* spp. 在内的一些病原线虫 (Stokwe and Malan, 2016) 以及包括 *Lecanicillium longisporum* 等的虫生真菌 (Ghaffari *et al.*, 2017) 对蚧虫有显著的控制作用, 但在暗色粉蚧的应用上尚未开展深入研究。在我国, 暗色粉蚧自然天敌的种类及数量、高效农药的品类及施用等方面研究均属空白。然而目前我国云南部分地区已经发现有暗色粉蚧发生的情况, 因此在对现有发生进行彻底防除的同时, 迫切需要控制受侵染地区的相关植物或植物产品经由物流运往国内其他适宜其定殖发展的区域。同时, 各口岸应加强暗色粉蚧相关的寄主植物及植物产品的检验检疫, 实施有效防控, 切断外部侵染源传入。

参考文献 (References)

- Charles JG. Using parasitoids to infer a native range for the obscure mealybug, *Pseudococcus viburni*, in South America [J]. *Biological Control*, 2011, 56: 155-161.
- Dicko AH, Lancelot R, Seck MT. Using species distribution models to optimize vector control in the framework of the tsetse eradication campaign in Senegal [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, 111 (28): 10149-10154.
- Elith J, Graham CH, Anderson RP, *et al.* Novel methods improve prediction of species' distribution from occurrence data [J]. *Ecography*, 2006, 19: 129-151.
- Elith J, Leathwick R. Species distribution models: Ecological explanation and prediction across space and time [J]. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 2009, 40: 677-697.
- Fand BB, Kumar M, Kamble AL, *et al.* Predicting the potential geographic distribution of cotton mealybug *Phenacoccus solenopsis* in

- India based on MAXENT ecological niche model [J]. *Journal of Environmental Biology*, 2014, 35: 973-982.
- Feng X, Park DS, Liang Y, *et al.* Collinearity in ecological niche modeling: Confusions and Challenges [J]. *Ecology and Evolution*, 2019, 9: 10365-10376.
- Franklin J. Species distribution models in conservation biogeography: Developments and challenges [J]. *Biodiversity and Conservation*, 2013, 19 (10): 1217-1223.
- García-Morales M, Denno BD, Miller DR, *et al.* ScaleNet: A literature-based model of scale insect biology and systematics [J]. *Database*, 2016, 118.
- Germain C, Kreiter P, Thaon M, *et al.* Development of a method for biological control of *Pseudococcus viburni* in greenhouse tomato using entomophagous insects. In: Roche L, Edin M, Mathieu V, *et al.*, eds. Colloque International Tomate Sous Abri, Protection Integree Agriculture Biologique, Avignon, France [C]. Paris, France: Centre Technique Interprofessionnel des Fruits et Legumes Press, 2003: 90-95.
- Ghaffari S, Karimi J, Kamali S, *et al.* Biocontrol of *Planococcus citri* (Hemiptera: Pseudococcidae) by *Lecanicillium longisporum* and *Lecanicillium lecanii* under laboratory and greenhouse conditions [J]. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 2017, 20: 605-612.
- Gimpel WF, Miller DR. Systematic analysis of the mealybugs in the *Pseudococcus maritimus* complex (Homoptera: Pseudococcidae) [J]. *Contributions on Entomology International*, 1996, 2: 1-163.
- Haegeman B, Etienne RS. Entropy maximization and the spatial distribution of species [J]. *The American Naturalist*, 2010, 175 (4): E74-E90.
- Hardy NB, Gullan PJ, Hodgson CJ. A subfamily-level classification of mealybugs (Hemiptera: Pseudococcidae) based on integrated molecular and morphological data [J]. *Systematic Entomology*, 2008, 33: 51-71.
- Heya HM, Khamis FM, Onyambu GK. Characterization and risk assessment of the invasive papaya mealybug, *Paracoccus marginatus*, in Kenya under changing climate [J]. *Journal of Applied Entomology*, 2020, 144 (6): 442-458.
- Hijmans RJ, Cameron SE, Parra JL, *et al.* Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas [J]. *International Journal of Climatology*, 2005, 25: 195-204.
- Liu XQ, Bai M, He DH, *et al.* Simulating potential distribution of Carabus beetle in the steppe based on MaxEnt model [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42 (10): 4217-4224. [刘学琴, 白明, 贺达汉, 等. 基于 MaxEnt 模型的草原步甲属潜在地理分布研究 [J]. *生态学报*, 2022, 42 (10): 4217- 4224]
- Lu H, Lu FP, Xu XL, *et al.* Environmental suitability of the cassava mealybug assessments using ecological niche modelling [J]. *Applied Mechanics & Materials*, 2014, 651-653: 1432-1435.
- Mathulwe LL, Mlan AP, Stokwe NF. A review of the biology and control of the obscure mealybug *Pseudococcus viburni* (Hemiptera: Pseudococcidae), with special reference to biological control using entomopathogenic fungi and nematodes [J]. *African Entomology*, 2021, 29 (1): 1-16.
- Merow C, Smith MJ, Silander JJ. A practical guide to MaxEnt for modeling species' distributions: What it does, and why inputs and settings matter [J]. *Ecography*, 2013, 10: 1058-1069.
- Miller DR, Gill RJ, Williams DJ. Taxonomic analysis of *Pseudococcus affinis* (Maskell), a senior synonym of *Pseudococcus obscurus* Essig, and a comparison with *Pseudococcus maritimus* (Ehrhorn) (Homoptera: Coccoidea: Pseudococcidae) [J]. *Proceedings of the Entomological Society of Washington*, 1984, 86: 703-713.
- Peterson AT, Papeş M, Eaton M. Transferability and model evaluation in ecological niche modeling: A comparison of GARP and Maxent [J]. *Ecography*, 2007, 30 (3): 550-560.
- Phillips SJ, Anderson RP, Schapire RE. Maximum entropy modeling of species geographic distributions [J]. *Ecological Modelling*, 2006, 190 (3-4): 231-259.
- Pramanik M, Paudel U, Mondal B. Predicting climate change impacts on the distribution of the threatened *Garcinia indica* in the Western Ghats, India [J]. *Climate Risk Management*, 2018, 19: 94-105.
- Qi GJ, Chen T, Gao Y, *et al.* Potential geographic distribution of *Planococcus minor* and *P. lilacinus* in China based on Maxent [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2015, 37 (2): 219-223. [齐国君, 陈婷, 高燕, 等. 基于 Maxent 的大洋臀纹粉蚧和南洋臀纹粉蚧在中国的适生区分析 [J]. *环境昆虫学报*, 2015, 37 (2): 219-223]
- Ramzi S, Seraji A, Gonbad RA, *et al.* Toxicity of *Artemisia annua* (Asteraceae) essential oil on the tea mealy bug, *Pseudococcus viburni* Signoret (Hemiptera: Pseudococcidae) [J]. *Archives of Phytopathology & Plant Protection*, 2018: 1-16.
- Remya K, Ramachandran A, Jayakumar S. Predicting the current and future suitable habitat distribution of *Myristica dactyloides* Gaertn. using MaxEnt model in the eastern Ghats [J]. *Indian Journal of Ecology*, 2015, 82: 184-188.
- Silva VCPD, Nondillo A, Galzer ECW. Effect of host plants on the development, survivorship, and reproduction of *Pseudococcus viburni* (Hemiptera: Pseudococcidae) [J]. *Florida Entomologist*, 2018, 100 (4): 718-724.
- Stokwe NF, Malan AP. Susceptibility of the obscure mealybug, *Pseudococcus viburni* (Signoret) (Pseudococcidae), to SouthAfrican isolates of entomopathogenic nematodes [J]. *International Journal of Pest Management*, 2016, 62: 119-128.

- Waltari E, Hijmans RJ, Peterson AT, *et al.* Locating *Pleistocene refugia*: comparing phylogeographic and ecological niche model predictions [J]. *PLoS ONE*, 2007, 2 (7): e563.
- Wang YS. Application of Niche Models in the Risk Assessment of Invasive Alien Species [D]. Changsha: Hunan Agricultural University Master Thesis, 2007. [王运生. 生态位模型在外来入侵物种风险评估中的应用研究 [D]. 长沙: 湖南农业大学硕士论文, 2007]
- Wei J, Han K, Lu YY, *et al.* Predicting the potential distribution of the vine mealybug, *Planococcus ficus* under climate change by MaxEnt [J]. *Crop Protection*, 2020, 137: 105268.
- Wei JF, Li X, Lu Y. Modeling the potential global distribution of *Phenacoccus madeirensis* green under various climate change scenarios [J]. *Forests*, 2019, 10 (9): 773.
- Wei JF, Zhang HF, Zhao W, *et al.* Niche shifts and the potential distribution of *Phenacoccus solenopsis* (Hemiptera: Pseudococcidae) under climate change [J]. *PLoS ONE*, 2017, 12 (7): e0180913.
- Wen XY, Wang Y, Jiang P, *et al.* Potential distribution prediction of yellow spined bamboo locust (*Ceracris kiangsu*) in China based on maxent model [J]. *Journal of Environmental Entomology*, 2021, 43 (6): 1427-1434. [温玄焯, 王越, 姜璠, 等. 基于 MaxEnt 模型预测黄脊竹蝗在中国的适生区 [J]. 环境昆虫学报, 2021, 43 (6): 1427-1434]
- Wilkey RF, McKenzie HL. Systematic status of the *Pseudococcus maritimus-malacearum* complex of mealybugs (Homoptera: Coccoidea: Pseudococcidae) [J]. *Bulletin of the California Department of Agriculture*, 1961, 50: 245-249
- Wisn MS, Hijmans RJ, Li J, *et al.* Effects of sample size on the performance of species distribution models [J]. *Diversity and Distributions*, 2008, 14: 763-773.
- Xu DP, Li XY, Jin YW, *et al.* Influence of climatic factors on the potential distribution of pest *Heortia vitessoides* Moore in China [J]. *Global Ecology and Conservation*, 2020, 23: e01107.
- Yang XQ, Kushwaha SPS, Saran S. Maxent modeling for predicting the potential distribution of medicinal plant, *Justicia adhatoda* L., in lesser Himalayan foothills [J]. *Ecological Engineering*, 2013, 51: 83-87.
- Zhang H, Zhao HX, Wang H. Potential geographical distribution of populus euphratica in China under future climate change scenarios based on Maxent model [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40 (18): 6552-6563. [张华, 赵浩翔, 王浩. 基于 Maxent 模型的未来气候变化情景下胡杨在中国的潜在地理分布 [J]. 生态学报, 2020, 40 (18): 6552-6563]
- Zhang YJ, Si Q, Hu J, *et al.* Prediction of the potential geographical distribution of the invasive plant *Gymnocoronis spilanthoides* in China under climate change [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43 (21): 8852-8864. [张彦静, 斯琴, 胡洁, 等. 气候变化情景下裸冠菊在中国的潜在适生区分布预测 [J]. 生态学报, 2023, 43 (21): 8852-8864]
- Zhu GP, Liu GQ, Bo WJ, *et al.* Ecological niche modeling and its applications in biodiversity conservation [J]. *Biodiversity Science*, 2013, 21 (1): 90-98. [朱耿平, 刘国卿, 卜文俊, 等. 生态位模型的基本原理及其在生物多样性保护中的应用 [J]. 生物多样性, 2013, 21 (1): 90-98]