

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2021.01.011

基于集合模型的草地贪夜蛾的 潜在分布预测

韩欣饶, 朱耿平*, 门永亮, 杨 琢

天津师范大学生命科学学院, 天津市动植物抗性重点实验室, 天津 300380

摘要:【目的】探讨世界范围和我国草地贪夜蛾对玉米等作物的危害。【方法】采用生态位模型集合预测方案, 结合基于中分辨率成像光谱仪(MODIS)的玉米种植密度模拟, 对世界范围和我国草地贪夜蛾潜在分布进行了分析。【结果】世界范围内玉米的密集种植区已完全被草地贪夜蛾的潜在分布区所覆盖, 这些适生区内的玉米受到草地贪夜蛾的威胁, 需重点防控, 非玉米种植的适生区内应监测草地贪夜蛾对非玉米类农作物的侵害。在我国, 华北平原春播玉米区和黄淮平原夏播玉米区属于草地贪夜蛾的高风险区, 其次为东北三省和西南密集种植区, 南方丘陵玉米区和西北灌溉玉米区受草地贪夜蛾的影响相对较小, 各地区受草地贪夜蛾威胁程度不同, 应有区别地进行防控。我国东南和华南地区是草地贪夜蛾高适生区, 这些非玉米密集种植区应监控草地贪夜蛾对非玉米类农作物的影响。【结论】基于集合模型预测, 将草地贪夜蛾的潜在分布和玉米种植密度整合分析可以加深对二者空间分布的整体认识, 利于草地贪夜蛾风险分析和综合防治。

关键词: 草地贪夜蛾; 风险分析; 生态位模型; 物种分布模型; 不确定性; 适生性



开放科学标识码
(OSID 码)

Ensemble predicting of *Spodoptera frugiperda* potential distribution

HAN Xinrao, ZHU Gengping*, MEN Yongliang, YANG Zhuo

Tianjin Key Laboratory of Animal and Plant Resistance, College of Life Sciences,

Tianjin Normal University, Tianjin 300380, China

Abstract: 【Aim】 To estimate the potential risk of *Spodoptera frugiperda* to corn and other crops in China and other parts of the world. 【Method】 In this study, we integrated moderate-resolution imaging spectroradiometer (MODIS) based maize planting data with ensemble ecological niche model forecast of *S. frugiperda* potential distribution to estimate the risk. 【Result】 We found that intensively corn planting areas were covered by high suitable areas of *S. frugiperda* that estimated by ensemble models across the globe, pest control programs should thus be enforced in these corn planting areas, where monitoring and scouting programs should be taken in non-corn planting areas. In China, spring corn are planted in North China Plain and summer corn in Huanghuai Plain, they all fell into high suitable areas of *S. frugiperda*, intensive corn planning area in southwestern China and in three provinces of the northeastern China have medium risk, where corn planting in mountain areas in southern China and irrigated corn in northwestern China have low risk. Different efforts should target on these areas accordingly as they showed different risk of infest. In the non-intensive corn planting areas in southern and southeastern China, the potential of *S. frugiperda* infest on non-corn crops (e.g. rice and bean) should be carefully monitored, as these areas have high suitability values. 【Conclusion】 Integration *S. frugiperda* potential distribution from ensemble forecast with the host plant corn planting lead us a better knowledge of their distributions, which will benefit risk analysis and pest management.

Key words: *Spodoptera frugiperda*; risk analysis; ecological niche model; specie distributional model; uncertainty; suitability

草地贪夜蛾 *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) 个省市,呈继续北迁趋势。为应对其对玉米等粮食种植作物的影响,我国各地相继启动针对草地贪

自 2018 年底迁飞入侵我国以来,已扩散蔓延到 18

收稿日期(Received): 2020-03-16 接受日期(Accepted): 2020-05-20

基金项目: 国家自然科学基金(31870523,31401962)

作者简介: 韩欣饶,女,硕士研究生。研究方向: 入侵生物学与保护生物学

* 通信作者(Author for correspondence), E-mail: gengpingzhu@hotmail.com

夜蛾暴发的应对方案,但依然缺少对其分布的整体认识,特别是其适宜的生态空间和对玉米种植的影响,这种认识空缺会影响我国对草地贪夜蛾的整体防控。具体来说,哪些地方需要重点防控,哪些地方不需要防控,哪些地方需要针对保护玉米来防控,以及哪些地方需要针对非玉米作物来防控等问题亟待解决。本研究采用集合模型预测,将草地贪夜蛾适宜的生态空间和玉米种植范围相整合,以期当前草地贪夜蛾的精准防控提供依据。

草地贪夜蛾,隶属鳞翅目 Lepidoptera 夜蛾科 Noctuidae,原产于美洲热带及亚热带地区,广泛分布在美洲大陆 (Sparks, 1979)。玉米为我国重要的粮食作物之一,是草地贪夜蛾的主要寄主和危害对象,联合国粮食及农业组织基于 2018 年 12 个非洲国家的粮食数据,估算草地贪夜蛾对玉米造成的年损失多达 1770 万 t (秦誉嘉等, 2020; 吴孔明等, 2020)。此外,草地贪夜蛾食性广,幼虫可取食 76 科 350 多种植物,在没有玉米的情况下可危害小麦、花生、大豆等作物。草地贪夜蛾生态位宽度较广,11~30 ℃ 是其适宜的温度范围,在 28 ℃ 条件下,30 d 左右即可完成一个世代;具有很强的飞行能力,成虫每晚能飞行 100 km 以上,目前尚缺乏有效的措施用以截断其传播 (吴孔明等, 2020)。

生态位模型利用物种分布点所关联的环境变量去预测物种的生态需求和潜在分布,被广泛应用于入侵生物学、保护生物学、全球变化生物学和疾病风险传播 (朱耿平等, 2013)。在生物入侵应用中,生态位模型的预测出现了模型模拟结果和实际分布不符合、模型转移能力低和生态位迁移等不恰当结论,主要是由于模型构建方法不当 (朱耿平等, 2014)。当前模型发展依然有很多问题亟待解决,例如将物种间相互作用整合至模型的方案、模拟预测不确定性,以及所模拟的生态位成分等 (乔慧捷等, 2013)。目前,已知有 30 多种生态位模型预测方法 (Norberg *et al.*, 2019),这些模型基于不同的前提假设和理论基础,采用不同数据方案和模型算法去推算生态需求和潜在分布,每种模型均有其独特优势和不足,当前没有任何一个模型能够较好地模拟所有物种的潜在分布 (Norberg *et al.*, 2019; Qiao *et al.*, 2015)。

与其他生态模型类似,生态位模型预测存在不确定性,这种不确定性与物种分布点、环境变量、模

型算法和参数等密切相关,其中物种分布点和模型算法对模型不确定性的影响最大 (Thibaud *et al.*, 2014)。集合预测以单一模型预测为基础构建集合模型,能够降低单一模型预测的不确定性,被广泛应用于气候变化对物种分布影响的研究 (Araújo *et al.*, 2011),但在生物入侵种方面应用相对较少。本研究在 biomod 2 平台 (Thuiller *et al.*, 2009) 构建广义相加模型 (generalized additive models, GAM)、推进式回归树模型 (push regression tree model, GBM)、广义线性模型 (general linear model, GLM)、随机森林模型 (random forest, RF) 和最大熵模型 (maximum entropy models, MaxEnt) 等 5 种常用的生态位模型 (Qiao *et al.*, 2015);其中 GAM 和 GLM 属于统计模型,其模拟结果有时很难拟合物种分布点数据,GBM、RF 和 MaxEnt 属于机械学习模型,其模拟结果对分布点数据拟合较高,但有时模型转移能力较低。以此 5 种生态位模型为基础构建集合模型来预测草地贪夜蛾的潜在分布,以期通过集合模型预测降低单一模型预测的不确定性。

Early *et al.* (2018) 采用限制性环境因子和集合模型预测方案探讨了草地贪夜蛾的潜在分布,然而其预测结果缺乏参考价值,特别是对中东和东亚地区;秦誉嘉等 (2019) 和 Baloch *et al.* (2020) 分别对草地贪夜蛾在中亚地区和我国的潜在分布进行了模拟,其单一模型预测 (MaxEnt 模型) 存在不确定性;Wang *et al.* (2020) 采用国际应用生物科学中心 (CABI, www.cabi.org/ISC/datasheet/29810) 的分布数据构建模型, CABI 以国家或省州行政中心在宏观尺度下绘制入侵物种的大致分布范围,这些行政中心仅代表了物种在该地区被发现,与物种具体分布点存在较大差别,并不能详实地反映物种的真实分布。此外,上述模拟工作均未将玉米的空间分布进行整合对草地贪夜蛾进行风险分析。本研究采用集合模型预测探讨草地贪夜蛾的适应生态空间,并将模拟结果和基于中分辨率成像光谱仪 (moderate-resolution imaging spectroradiometer, MODIS) 预测的玉米种植密度相整合,探讨其对玉米等粮食作物种植的影响,以期更加精准地对草地贪夜蛾进行风险分析。

1 材料与方法

1.1 数据来源

草地贪夜蛾世界范围地理分布点数据来源于

数据库 Global Biodiversity Information Facility (GBIF, www.gbif.org)、Biodiversity Information Serving Our Nation (BISON, <https://bison.usgs.gov>)、Integrated Digitised Biocollections (iDigBio, www.idigbio.org) 和 iNaturalist (www.inaturalist.org)。研究采用 R 语言数据包 spocc (<https://CRAN.R-project.org/package=spocc>) 在上述数据库执行查询指令,并对错误点进行清除;通过查阅文献(姜玉英等,2019a,2019b; 刘杰等,2019),国内总计 3433 个分布记录,这些物种分布点涵盖了草地贪夜蛾当前的分布范围,可对其生态空间进行分析。物种分布点数据一般存在采样偏差,在建立模型前需去除采样偏差,研究在 Wallace 平台使用 spThin 数据包 (Kass *et al.*, 2018) 去除采样偏差,使物种分布点间隔大于 100 km,最终选取 446 个物种分布点用于模型构建和评估。

玉米种植密度数据参考了 Monfreda *et al.* (2008) 基于 MODIS 遥感数据对全球玉米的种植范围和强度的模拟方法,该玉米种植强度基于 National Agricultural Statistics (FAOSTAT)、Subnational Agricultural Statistics 获得地域土地数据,计算出每个单元格的总耕地面积,然后将获得的玉米作物面积除以总耕地面积来确定单位作物面积与总耕地面积之比,最后将作物数据集比与单位作物面积之比相乘来获得作物种植面积比例,得到玉米种植强度 (Monfreda *et al.*, 2008; Ramankutty *et al.*, 2008)。

环境变量的选择主要考虑其对物种分布作用的限制性和环境变量间的相关性 (Fan *et al.*, 2019)。在 MaxEnt 模型中运用刀切法对环境变量进行重要性排序,然后根据环境变量之间的相关性,利用 SDMTtoolbox 工具包除去相关性较低或者较高 (Peterson 相关性值<0.8) 的环境变量。鉴于本次模型转移范围相对于模型构建区域较小,本文侧重选择了对草地贪夜蛾分布限制非常重要的环境因子 (Feng *et al.*, 2019),即年平均温度 (bio1)、昼夜温差月均值 (bio2)、最热月份最高温度 (bio5)、最冷月份最低温度 (bio6)、年平均降水量 (bio12)、最湿月份降水量 (bio13)、最干月份降水量 (bio14) 和年平均辐射量 (annual mean radiation),这些环境因子覆盖了年平均和极端温湿度,被证实能够提高昆虫模型预测的转移能力 (Zhu *et al.*, 2017)。气候因子来源于 WorldClim (www.worldclim.org) 的生物

气候学变量,时间跨度为 1970—2000 年的平均值,空间分辨率为 5',与分布点记录相吻合。

1.2 模型构建和评估

在物种分布点基础上构建最小凸多边形 (minimal convex polygon, MCP),然后将 MCP 做 400 km 缓冲,作为模型构建区域。在该区域随机采取 10000 个不存在的物种分布点,采用默认参数,在 biomod 2 平台构建 GAM、GBM、GLM、RF 和 MaxEnt 生态位模型,然后将其投射至全球区域,具体模型算法参见毕迎凤等 (2013)。本文采用 70% 的物种分布点构建模型,30% 的点用于模型检验,模型检验采用 partial ROC 方案 (朱耿平等, 2017; Peterson *et al.*, 2018)。与传统 ROC 曲线和 AUC 值 (area under the curve) 相比,partial ROC 方案能够赋予物种分布点更多权重,同时将物种分布点可信度融入模型评估。partial ROC 方案采用 AUC 比率来评估模型,AUC 比率>1,表明模型优于随机模型,AUC 比率≤1 表明模型差于随机模型。最终模型构建采用筛选后的所有物种分布点,集合模型预测结果基于 5 个单一模型预测的平均值。

最后,研究基于集合模型预测的草地贪夜蛾的潜在分布和 Monfreda *et al.* (2008) 的玉米种植密度结果构建二维地图 (bivariate map)。研究中所用底图来源于自然资源部标准地图服务系统 (<http://bzdt.ch.mnr.gov.cn/>) 的世界地图和中国地图。本文使用二维地图分别展示草地贪夜蛾的潜在分布和玉米种植密度在世界范围和我国的分布情况,而且可将二者重叠部分和非重叠部分分别展示。

2 结果与分析

基于 AUC 比率测试单一模型对 30% 分布点的预测显示,所有模型均优于随机模型 (即 AUC 比率>1),其中 GBM 模型表现较好 (AUC 比率=1.38),其次为 MaxEnt 模型 (AUC 比率=1.31),GAM、GLM 和 RF 模型表现相对较差 (AUC 比率分别为 1.28、1.23、1.29)。

5 个单一模型的全球空间预测存在较大的差异,采用集合模型预测后显示,草地贪夜蛾的适宜生态空间和潜在分布主要存在于美国中东部、中美洲、欧洲南部、东亚地区,及南半球的中纬度地区 (南纬 25°~50°),包括巴西南部、阿根廷北部、非洲南部和澳洲东部 (图 1A)。与草地贪夜蛾的潜在分布相比,玉米的种植范围和密度相对较小,北半球

玉米优势种植区主要在美国中北部、欧洲南部、中国西南、华北和东北地区,南半球主要分布在南美洲和非洲南部(图 1B)。

我国玉米分布广泛,包含三大玉米密集种植区(Zhao *et al.*, 2018),即东北三省、华北平原地区和西南地区(图 2),具体玉米种植区包括东北华北春玉米区、黄淮海平原夏播玉米区、西北灌溉玉米区、西南山地玉米区、南方丘陵玉米区、青藏高原玉米区六大区,这些区域均被草地贪夜蛾的潜在分布区所覆盖(图 1)。在玉米密集区中,华北平原密集种植区的草地贪夜蛾适生性相对较高,其次为东北三省和西南密集种植区(图 1)。二维地图显示,草地贪夜蛾和玉米种植高度重叠区位于华北平原春玉米区和黄淮海平原夏播玉米区,其次为东北平原春玉米区和西南山地玉米区,这些地区需要重点防范,南方丘陵玉米区和西北灌溉玉米区受草地贪夜蛾的影响相对较小(图 2)。我国东南和华南地区是水稻的密集种植区,这些非玉米种植区应关注草地贪夜蛾对非玉米类农作物的影响(图 2)。

将预测模型与草地贪夜蛾实际发生状况进行比较,模型预测结果很好地模拟了草地贪夜蛾的潜在分布,与实际发生状况相吻合。针对中国来说,

在西北灌溉区(如新疆、西藏等)实际少有发生,预测表现出重叠性降低,风险较小;在华北平原种植区(如河北)、东北三省种植区表现重叠较高,实际发生量较大;部分地区虽气候适合但不是玉米种植区,不会造成草地贪夜蛾的广泛发生。

3 讨论

当前有大于 33 种生态位模型,新的算法亦在不断推出(Carlson, 2020),这些模型在构建过程中所基于的生态学理论和前提假设不相同,所得出的结果存在差异。GBM 模型是一种在回归树上运用 boosting 的模型(Elith *et al.*, 2008);MaxEnt 采用最大熵值算法来推算物种分布,是当前最流行的生态位模型算法(Phillips *et al.*, 2006)。早期模型比较研究结果显示 MaxEnt、GBM 和 RF 模型的预测优于其他模型(Elith *et al.*, 2006),与本研究结果类似。然而,最近模型系统比较研究显示,没有任何模型能适应所有物种分布模拟(Norberg *et al.*, 2019; Qiao *et al.*, 2015)。集合模型预测可能是当前解决模型预测不确定性的的重要途径,然而,基于美国白蛾的预测显示集合模型预测亦存在不确定性(Zhu & Peterson, 2017)。

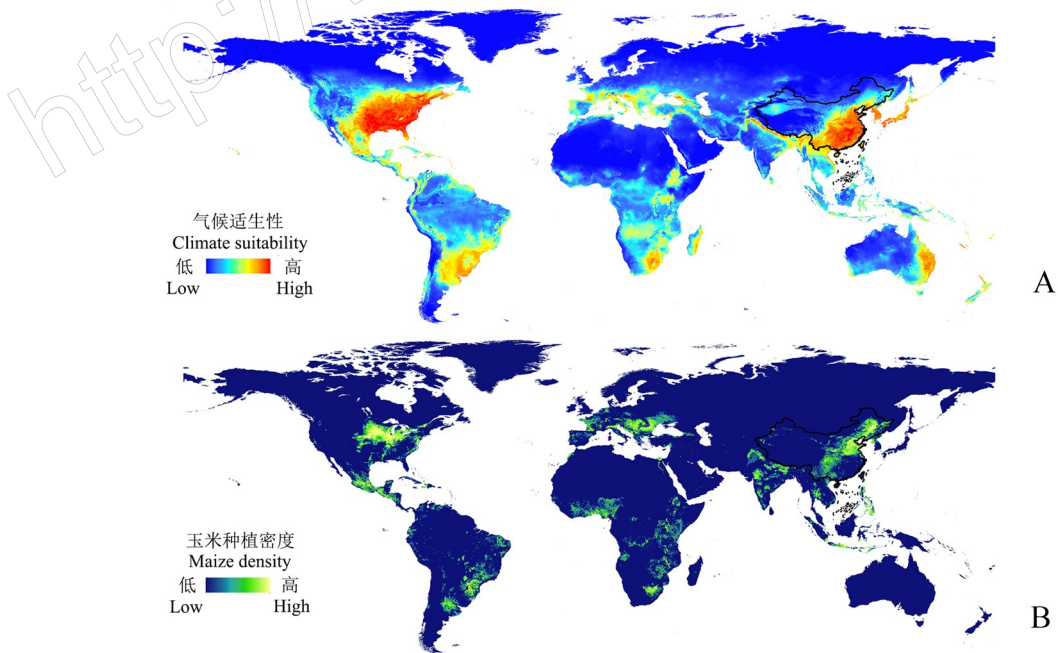


图 1 世界范围内草地贪夜蛾的潜在分布和玉米种植密度[审图号:GS(2021)923 号]

Fig.1 Global potential distributions of *S. frugiperda* and maize planting

A: 基于集合模型预测的草地贪夜蛾的潜在分布;B: 基于 MODIS 的全球玉米种植密度。
A: Potential distribution of *S. frugiperda* were based on ensemble models; B: Maize planting areas were based MODIS remote sensing data.

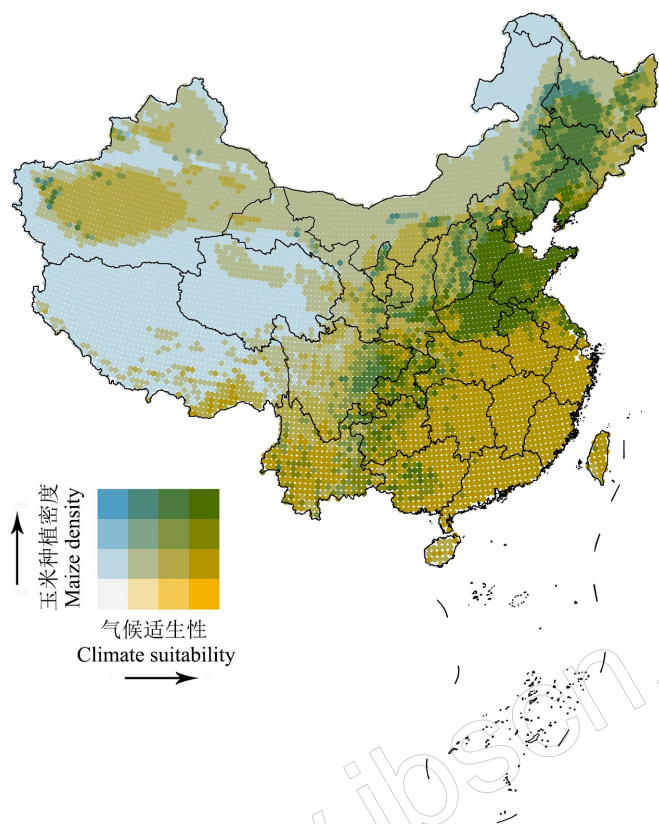


图 2 草地贪夜蛾的潜在分布和玉米种植密度在我国的二维分布图[审图号:GS(2021)923 号]

Fig.2 Bivariate maps of *S. frugiperda* potential distribution and maize planting in China

草地贪夜蛾的潜在分布基于集合模型预测,玉米种植密度图基于 MODIS 数据。
黄色加深表明草地贪夜蛾的气候适生性增加,蓝色加深表明玉米种植强度增加。

Potential distribution of *S. frugiperda* were based on ensemble models forecast, maize planting areas were based MODIS remote sensing data.
Increasing density of yellow indicate the increasing suitability of *S. frugiperda*, whereas the increasing blue indicate increasing maize density.

玉米是草地贪夜蛾重要的寄主植物,我国为玉米生产大国,入侵我国的草地贪夜蛾为“玉米型”,将玉米种植范围和强度整合草地贪夜蛾的潜在分布进行分析十分必要。借鉴 Early *et al.* (2018),本模拟采用了草地贪夜蛾的真实物种分布点和集合模型预方案,并将模拟结果和基于 MODIS 预测的玉米种植密度相整合,研究结果更加真实可靠。

将草地贪夜蛾的潜在分布与其寄主玉米种植整合,可以加深对二者空间分布的整体认识,有利于对其进行风险分析和综合防治。从全球范围来讲,玉米的密集种植区完全被草地贪夜蛾的潜在分布所覆盖,这些地区的玉米种植受到草地贪夜蛾的威胁,需重点防控,非玉米种植区应监测草地贪夜蛾对非玉米类农作物的侵害。在我国,华北平原春玉米区和黄淮海平原夏播玉米区属于草地贪夜蛾的高风险区,其次为东北三省和西南密集种植区,南方丘陵玉米区和西北灌溉玉米区受草地贪夜蛾的影响相对较小,根据受草地贪夜蛾威胁程度不同

而有区别地进行防控。我国东南和华南地区是草地贪夜蛾高适生区,这些非玉米种植区应监控草地贪夜蛾对非玉米类农作物的影响。

将预测模型与草地贪夜蛾实际发生状况进行比较,模型预测结果很好的模拟了草地贪夜蛾的潜在分布,与实际发生状况相吻合。针对中国来说,在西北灌溉区(如新疆、西藏等)实际少有发生,预测表现出重叠性降低,风险较小;在华北平原种植区(如河北)、东北三省种植区表现重叠较高,实际发生量较大;部分地区虽气候适合但不是玉米种植区,不会造成草地贪夜蛾的广泛发生。

参考文献

毕迎风, 许建初, 李巧宏, GUIAN A, THUILLER W, ZIMMERMAN N E, 杨永平, 杨雪飞, 2013. 应用 BioMod 集成多种模型研究物种的空间分布——以铁杉在中国的潜在分布为例. 植物分类与资源学报 (5): 647–655.
姜玉英, 刘杰, 朱晓明, 2019a. 草地贪夜蛾侵入我国的发

- 生动态和未来趋势分析. 中国植保导刊, 39(2): 33–35.
- 姜玉英, 刘杰, 谢茂昌, 李亚红, 杨俊杰, 张曼丽, 邱坤, 2019b. 2019 年我国草地贪夜蛾扩散为害规律观测. 植物保护, 45(6): 10–19.
- 刘杰, 姜玉英, 吴秋琳, 赵胜园, 李虎, 2019. 我国草地贪夜蛾冬春季发生为害特点及下半年发生趋势分析. 中国植保导刊, 39(7): 36–49.
- 乔慧捷, 胡军华, 黄继红, 2013. 生态位模型的理论基础、发展方向与挑战. 中国科学: 生命科学, 43(11): 915–927.
- 秦誉嘉, 蓝帅, 赵紫华, 孙宏禹, 朱晓明, 杨普云, 李志红, 2019. 迁飞性害虫草地贪夜蛾在我国的潜在地理分布. 植物保护, 45(4): 43–47.
- 秦誉嘉, 杨冬才, 康德琳, 赵紫华, 赵中华, 杨普云, 李志红, 2020. 草地贪夜蛾对我国玉米产业的潜在经济损失评估. 植物保护, 46(1): 69–73.
- 吴孔明, 杨现明, 赵胜, 2020. 草地贪夜蛾防控手册. 北京: 中国农业科学技术出版社.
- 朱耿平, 范靖宇, 王梦琳, 陈敏, 乔慧捷, 2017. ROC 曲线形状在生态位模型评价中的重要性——以美国白蛾为例. 生物安全学报, 26(3): 184–190.
- 朱耿平, 刘国卿, 卜文俊, 高玉葆, 2013. 生态位模型的基本原理及其在生物多样性保护中的应用. 生物多样性, 21(1): 90–98.
- 朱耿平, 刘强, 高玉葆, 2014. 提高生态位模型转移能力来模拟入侵物种的潜在分布. 生物多样性, 22(2): 223–230.
- ARAUJO M B, ALAGADOR D, CABEZA M, NOGUÉS-BRAVO D, THUILLER W, 2011. Climate change threatens European conservation areas. *Ecology Letters*, 14: 484–492.
- BALOGH M N, FAN J Y, HASEEB M, ZHANG R Z, 2020. Mapping potential distribution of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in central Asia. *Insects*, 11: 172.
- CARLSON C J, 2020. Embarcadero: species distribution modelling with Bayesian additive regression trees in R. *Methods in Ecology and Evolution*. doi:10.1111/2041-210X.13389.
- ELITH J, GRAHAM C H, ANDERSON R P, DUDÍK M, FERRIER S, GUIAN A, HIJMAN R J, HUETTMANN F, LEATHWICK J R, LEHMANN A, LI J, LOHMANN L G, LOISELLE B A, MANION G, MORITZ C, NAKAMURA M, NAKAZAWA Y, OVERTON J M M, PETERSON A T, PHILLIPS S J, RICHARDSON K, RICHARDSON K, SCA-CHETTI-PEREIRA R, SCHAPIRE R E, SOBERÓN J, WILLIAMS S, WISZ M S, ZIMMERMANN N E, 2006. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography*, 29: 129–151.
- ELITH J, LEATHWICK J R, HASTIE T, 2008. Boosted regression trees — A new technique for modelling ecological data. *Journal of Animal Ecology*, 77: 802–813.
- FAN J Y, ZHAO N X, LI M, GAO W F, WANG M L, ZHU G P, 2019. What are the best predictors for invasive potential of weeds? Transferability evaluations of model predictions based on diverse environmental data sets for *Flaveria bidentis*. *Weed Research*, 58: 141–149.
- FENG X, PARK D S, LIANG Y, PANDEY R, PAPEŞ M, 2019. Collinearity in ecological niche modeling: confusions and challenges. *Ecology and Evolution*, 9: 10365–10376.
- KASS J M, VILELA B, AIELLO-LAMMENS M E, MUSCARELLA R, MEROW C, ANDERSON R P, 2018. Wallace: a flexible platform for reproducible modeling of species niches and distributions built for community expansion. *Methods in Ecology and Evolution*, 9: 1151–1156.
- EARLY R, GONZALEZ-MORENO P, MURPHY S T, DAY R, 2018. Forecasting the global extent of invasion of the cereal pest *Spodoptera frugiperda*, the fall armyworm. *NeoBiota*, 40: 25–50.
- MONFREDA C, RAMANKUTTY N, FOLEY J A, 2008. Farming the planet: 2. Geographic distribution of crop areas, yields, physiological types, and net primary production in the year 2000. *Global Biogeochemical Cycles*, 22: GB1022.
- NORBERG A, ABREGO N, BLANCHET F G, ADLER F R, ANDERSON B J, ANTTILA J, ARAUJO M B, DALLAS T, DUNSON D, ELITH J, FOSTER S D, FOX R, FRANKLIN J, GODSOE W, GUIAN A, O'HARA B, HILL N A, HOLT R D, HUI F K C, HUSBY M, KÅLÅS A T, LEHIKONEN A, LUOTO M, MOD H K, NEWELL G, RENNERT I, ROSLIN T, SOININEN J, THUILLER W, VANHATALO J, WARTON D, WHITE M, ZIMMERMANN N E, 2019. A comprehensive evaluation of predictive performance of 33 species distribution models at species and community levels. *Ecological Monographs*, 89: e01370.
- PETERSON A T, PAPEŞ M, SOBERÓN J, 2018. Rethinking receiver operating characteristic analysis applications in ecological niche modeling. *Ecological Modelling*, 213: 63–72.
- PHILLIPS S J, ANDERSON R P, SCHAPIRE R E, 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190: 231–259.
- QIAO H J, SOBERÓN J, PETERSON A T, 2015. No silver bullets in correlative ecological niche modelling: insights from testing among many potential algorithms for niche estimation. *Methods in Ecology and Evolution*, 6: 1123–1136.
- RAMANKUTTY N, EVAN A T, MONFREDA C, FOLEY J A, 2008. Farming the planet: 1. Geographic distribution of global agricultural lands in the year 2000. *Global Biogeo-*

chemical Cycles, 22: GB1022.

SPARKS A N, 1979. A review of the biology of the fall armyworm. *Florida Entomologist*, 62: 82–87.

THIBAUD E, PETITPIERRE B, BROENNIMANN O, DAVISON A C, GUIBAN A, 2014. Measuring the relative effect of factors affecting species distribution model predictions. *Methods in Ecology and Evolution*, 5: 947–955.

THUILLER W, LAFOURCADE B, ENGLE R, ARAUJO M B, 2009. BIOMOD — A platform for ensemble forecasting of species distributions. *Ecography*, 32: 369–373.

WANG R L, JIANG C X, GUO X, CHEN D D, YOU C, ZHANG Y, WANG M T, LI Q, 2020. Potential distribution of *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) in China and the major factors influencing distribution. *Global Ecology and Con-*

servation, 21: e00865.

ZHAO J, YANG X, SUN S, 2018. Constraints on maize yield and yield stability in the main cropping regions in China. *European Journal of Agronomy*, 99: 106–115.

ZHU G P, BU W J, GAO Y B, LIU G Q, 2017. Potential geographic distribution of brown marmorated stink bug invasion (*Halyomorpha halys*). *PLoS ONE*, 7: e31246.

ZHU G P, PETERSON A T, 2017. Do consensus models outperform individual models? Transferability evaluations of diverse modeling approaches for an invasive moth. *Biological Invasions*, 19: 2519–2532.

(责任编辑:郭莹)

(上接第 64 页)

伍有声, 董祖林, 刘东明, 吴桂昌, 冯荣辉, 1998. 棕榈植物红棕象甲发生调查初报. *广东园林*, 20(1): 38.

钟义海, 刘奎, 彭正强, 2003. 椰心叶甲——一种新的高危害虫. *热带农业科学*, 23(4): 67–72.

ANSALONI T, PERRING T M, 2004. Biology of *Aceria guerreronis* (Acari: Eriophyidae) on queen palm, *Syagrus romanzoffiana* (Arecaceae). *International Journal of Acarology*, 30(1): 63–70.

BAGDE A S, PASHTE V V, 2016. Efficacy of neem bio-pesticides against eggs of coconut eriophyid mite, (*Aceria guerreronis* Keifer). *Advances in Life Sciences*, 5(4): 1436–1441.

DENISE N, MANOEL G, NAYANIE A, GILBERTO M, 2013. A review of the status of the coconut mite, *Aceria guerreronis* (Acari: Eriophyidae), a major tropical mite pest. *Experimental and Applied Acarology*, 59(1/2): 67–94.

FERNANDO L C P, WICKRAMANADA I R, ARATCHIGE N S, 2002. Status of coconut mite, *Aceria guerreronis* in Sri Lanka//FERNANDO L C P, DE MORAES G J, WICKRAMANADA I R. International workshop on coconut mite (*Aceria guerreronis*) proceedings. Lunuwila: Coconut Research Institute; 1–8.

FLECHTMANN C H W, 1989. *Cocos weddelliana* H. Wendl. (Palmae: Arecaceae), a new host plant for *Eriophyes guerreronis* (Keifer, 1965) (Acari: Eriophyidae) in Brazil. *International Journal of Acarology*, 15(4): 241.

GUNASINGHAM M, MANJUNATHA M, 2011. *Fusarium* species: acaropathogenic fungi as potential control agents against coconut mite, *Aceria guerreronis*. Berlin: Springer Netherlands.

MURALI G, ALKA G, 2001. Has *Hirsutella thompsonii* the wherewithal to counter coconut eriophyid mite scourge? *Current Science*, 80(7): 831–836.

RAMARAJU K, RABINDRA R J, 2002. Palmyra, *Borassus flabellifer* Linn. (Palmae): a host of the coconut eriophyid mite *Aceria guerreronis* Keifer. *Pest Management in Horticultural Ecosystems*, 7(2): 149–151.

SATHIAMMA B, NAIR C P R, KOSHY P K, 1998. Outbreak of a nut infesting eriophyid mite *Eriophyes guerreronis* (K.) in coconut plantations in India. *Indian Coconut Journal*, 29(2): 1–3.

(责任编辑:郑姗姗)