

小白菜花叶病流行及其介体 种群时空动态的模糊聚类分析*

王振中 林孔勋 范怀忠
(植保系)

提 要

利用模糊聚类分析方法对小白菜花叶病介体蚜虫种群增长和病害流行的时空动态分别进行分析，并对介体种群增长和病害流行时空动态进行概述。田外带毒介体扩散迁入，花叶病开始发生，在病害流行初期，由于介体在本田内未建立种群，来自田外的带毒有翅蚜虫在田内随机扩散，导致病害的空间扩展迅速，病样方率逐渐上升，病株率伴随上升，每病样方多为1株病株，在病害流行前期，随着介体的进一步迁入和定殖，病害的空间扩展加快，病样方率迅速上升，样方内病株数量增加，病害严重度上升缓慢；在病害流行中期，田内介体种群密度上升，有翅介体在田内大量扩散，导致病株遍及全田，病样方率接近饱和，病害的增长以病株率上升为主，在病害流行后期，病株率接近饱和，严重度迅速上升，然后趋于平缓。

关键词 小白菜；蚜虫；介体；病害流行；模糊聚类分析

引 言

植物病害流行的时间动态和空间动态是相互相承的两个同步过程，时空动态的综合研究，越来越引起有关学者的关注^[4,5,7,8,10]，这种综合研究将有助于我们进一步了解流行的全貌。

植病流行是一个庞大系统的动态变化过程。在病害流行过程中，一系列因子作用于各同时发生或相继发生的流行事件上，且由于介体或接种体在空间的不连续、不统一的分布，流行过程显得极其复杂^[8]。不相容原理认为，随着系统的复杂性的增大，我们对系统研究的精确化能力将减小，当复杂性达一定的阈值之上时，我们对系统研究的精确性与系统的复杂性将相互排斥^[6]。可以想象，将复杂的植病流行系统的时空动态过程进行精确的数量化研究将遇到较大的困难。并且，植物病害流行所涉及的许多概念是

* 本文承北京农业大学曾士迈教授、广东省甘蔗所王鉴明教授、华南农业大学李郁治副教授审阅并提宝贵意见，广州市天河区东圃农科站为田间试验提供方便。谨致谢忱。

部分经费由广州市科委提供。 1988年1月12日收稿

模糊的^[1]。因此,用模糊数学方法处理病害流行时空动态过程等,将具有较大的意义,国内一些植病工作者曾作过了一些探讨^[1,7]。

模糊聚类分析方法是处理“物以类聚”的一种多元方法^[8],应用本法对病害流行时空动态进行分析归类,将有助于我们较全面地了解病害流行的数量增长(时间动态)和空间扩展(空间动态)的整体过程。在水稻纹枯病的时空动态方面,已有了初步的尝试^[7]。

由芜菁花叶病毒和黄瓜花叶病毒引起的小白菜(*Brassica chinensis*)花叶病,是广州市蔬菜生产的一个重要病害,引起较大的产量损失^[2]。在田间,小白菜花叶病主要由桃蚜和菜蚜(*Myzus persicae*和*Rhopalosiphum pseudobrassicae*)传播。对小白菜花叶病流行的时空动态和介体种群增长的时空动态过程进行综合分析,仍未见任何报道。

本研究的目的,便是利用模糊聚类分析方法,对病害流行的时空动态和介体蚜虫种群增长的时空动态进行一次初步的分析。

材料和方法

1985年8月至1986年12月在小白菜栽培区(广州市天河区东圃)进行田间试验,调查小白菜花叶病流行及介体种群增长动态,小白菜花叶病田间调查和数据处理方法已在有关论文^[2,8]报道。

在试验区内按棋盘式取100个植株,每天调查各植株上菜蚜、桃蚜的各虫态数量,分别计算各种蚜虫各虫态和蚜虫总量的有关时空动态参数,这些参数包括:平均虫口密度m,聚块性指标m*/m和有蚜株率PL%,与欧氏距离计算公式的相应数元为X_{1,1},X_{2,1}和X_{3,1}。

小白菜花叶病在田间属随机分布^[8],所用参数包括具有强度和广度特征的病样频率SPOT% (X_{1,1}),病株率INC% (X_{2,1})和严重度SEV% (X_{3,1})。

蚜虫介体的分析材料取自虫口密度较高的851003,851121和861022三次试验,小白菜花叶病数据则取自850811,851003,851121,860219和860906五次试验^[2,8]。

模糊聚类分析方法采用一般的计算程序,即经原始数据标准化,计算各点集间的欧氏距离,求相关矩阵,再经自乘改造为等价矩阵,最后用λ—截矩阵分类的方法^[8]。其中求相关矩阵R各元素r_{ij}的公式为:

$$r_{ij} = 1 - d_{ij} / M$$

其中d_{ij}为点集i与点集j间的欧氏距离,校正数M为可将r_{ij}压缩在[0,1]区间内的正整数。

$$d_{ij} = \sqrt{\sum_{k=1}^s (x_{ik} - x_{jk})^2}$$

$$M = \text{int} (\max \{ d_{ij} \}) + 1$$

结果和分析

(一) 蚜虫介体种群时空动态分析结果

以三次试验的每种蚜虫各虫态(若虫, 无翅成虫和有翅成虫)和总蚜量, 两种蚜虫各虫态和蚜虫总量为对象, 共进行36组聚类分析, 限于篇幅, 仅以851121试验的总蚜量为代表, 描述蚜虫种群时空动态变化的一些特征。

对851121试验的聚类分析原始数据(表1)进行标准化处理后得标准化数据(表2), 用较正数 $M=8$ 计算得模糊相关矩阵 R (略)。

R 阵满足自反性和对称性, 但不满足传递性。对 R 阵进行自乘改造后发现 $\tilde{R}^8 - \tilde{R}^{16}$, 则令 $\tilde{R}^* = \tilde{R}^8$, 得模糊等价矩阵 \tilde{R}^* (略)。

对 \tilde{R}^* 进行 λ —截阵分析, 动态聚类过程见图1。

状态15~21在很高水平上便归为一类, 说明在蚜虫时空动态变化过程中, 这几个状态很相似, 描述了这样一个阶段: 有蚜株率已达98%以上, 蚜虫总量平稳上升, 显现出较低的聚集度。状态2在很高的水平上仍未能与任何状态归类, 表明这个状态有其独特的特征: 有蚜株率很低, m 值很低, 但聚集度相当高, m^*/m 表明蚜虫的空间分布是高度聚度的。事实上, 从田间实际情况来看, 这个阶段的蚜虫主要为有翅蚜, 似乎很难有这种聚集分布的现象, 但其它两次试验也表明, 在病害流行初期, 确有一个蚜虫聚集度较高的阶段, 其原因以及对病害流行的作用, 有待进一步探讨。在连续取样的序列变化状态中, 模糊聚类分析方法把这个状态区别于相邻状态, 便很能表明这个状态的特殊所在。

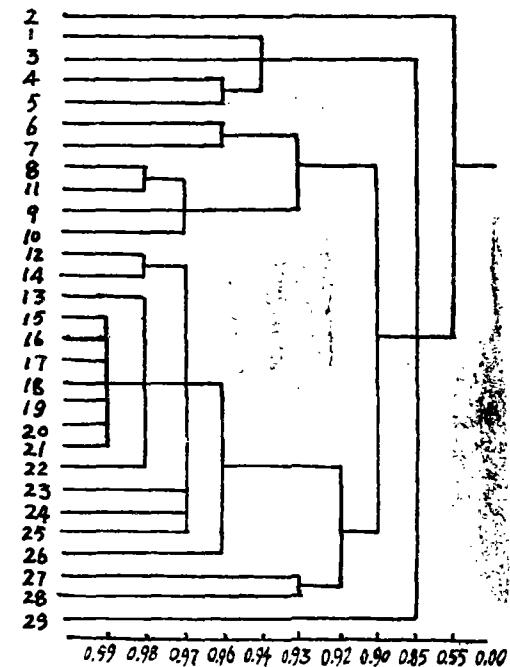


图1 蚜虫介体增长时空动态聚类图

对 $0.93 > \lambda \geq 0.92$ 时的分类情况进行如下分析。

R_λ 截阵表明, 状态1、3、4、5归为一类, 描述了这样一个种群时空特征: 蚜虫密度很低, 有蚜株率很低, 聚集度较低(用扩散系数分析表明空间分布为随机分布)。田间调查表明, 这个阶段主要是有翅蚜的迁入, 在田间扩散为随机扩散。

状态6~11归为一类, 在这个阶段里, 种群数量上升, 聚集度较高, 蚜虫在田间迅

表1 总鲜量植物聚类分析原始数据

数据号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
m	0.36	0.28	0.15	0.19	0.20	1.42	1.68	2.37	3.16	2.76	3.28	6.45	9.39	8.49	9.44	11.58
m^*/m	1.54	7.65	1.77	0.55	0.99	3.33	3.07	2.50	2.24	2.08	2.49	1.80	1.52	1.60	1.55	1.64
PL%	26	19	13	18	18	58	50	62	68	61	68	89	94	87	99	99

续表1

数据号	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
m	15.57	13.63	18.45	20.39	21.39	25.25	31.24	40.55	50.78	61.07	84.82	104.59	145.66
m^*/m	1.46	1.54	1.42	1.34	1.42	1.42	1.25	1.21	1.18	1.21	1.16	1.15	1.12
PL%	97	98	99	100	97	100	99	100	100	100	100	100	100

表2 总鲜量植物聚类分析标准化数据

数据号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
m	-0.67	-0.67	-0.67	-0.67	-0.64	-0.63	-0.61	-0.59	-0.60	-0.58	-0.49	-0.41	-0.44	
m^*/m	-0.23	4.57	-0.04	-1.01	-0.66	1.17	0.97	0.52	0.31	0.19	0.51	-0.02	-0.24	-0.18
PL%	-1.46	-1.87	-2.06	-1.90	-1.90	-0.61	-0.87	-0.48	-0.29	-0.51	-0.29	0.38	0.54	0.32

续表2

数据号	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
m	-0.41	-0.35	-0.27	-0.29	-0.29	-0.10	-0.07	0.03	0.20	0.47	0.76	1.05	1.73	2.30	3.04
m^*/m	-0.22	-0.15	-0.29	-0.23	-0.23	-0.38	-0.32	-0.32	-0.46	-0.49	-0.51	-0.48	-0.53	-0.54	-0.56
PL%	0.70	0.70	0.64	0.67	0.67	0.74	0.64	0.74	0.70	0.74	0.74	0.74	0.74	0.74	0.74

表3 小白菜花叶病植物聚类分析原始数据

数据号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
SPOT%	6	7	11	10	14	20	38	50	72	80	91	93	96
INC%	1.19	1.60	2.20	2.40	2.99	4.79	9.79	14.39	23.40	30.79	43.60	49.99	55.40
SEV%	0.40	0.52	0.73	0.80	1.00	1.60	3.26	4.80	7.93	11.06	16.40	18.80	20.66

续表3

数据号	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
SPOT%	98	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
INC%	66.20	83.10	89.80	94.00	96.60	98.6	98.60	98.60	98.80	98.80	99.20
SEV%	25.80	33.99	38.06	40.66	47.66	53.13	57.26	61.20	66.20	70.53	76.26

表4 小白菜花叶病模糊聚类分析标准化数据

数据号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
SPOT%	-1.68	-1.65	-1.57	-1.55	-1.47	-1.31	-0.84	-0.53	0.05	0.25	0.54	0.59	0.67
INC%	-1.26	-1.25	-1.23	-1.23	-1.21	-1.17	-1.05	-0.93	-0.71	-0.53	-0.22	-0.07	0.07
SEV%	-1.05	-1.04	-1.03	-1.03	-1.02	-1.00	-0.93	-0.87	-0.75	-0.63	-0.43	-0.33	-0.26

表续4

数据号	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
SPOT%	0.72	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78
INC%	0.33	0.74	0.90	1.01	1.07	1.12	1.12	1.12	1.12	1.12	1.13
SEV%	-0.06	0.25	0.41	0.51	0.78	0.99	1.15	1.30	1.50	1.66	1.89

速扩散, 有蚜株率比上一阶段急剧增加, 并渐趋于平稳状态。

状态12~26表明, 有蚜株率经过一个时期的急剧增加以后, 已达平稳, 由于上一阶段的扩散, 蚜虫的聚集度已有所下降。

综合三次试验的模糊聚类分析结果, 可以看到, 在发病初期蚜虫密度较低, 主要是田外扩散迁入的有翅介体, 田间以Poisson分布为主, 但也有较低的聚集分布, 有翅蚜在田内的随机扩散, 是病害在田间迅速蔓延的原因。经过这个阶段以后, 蚜虫在田间建立种群, 有蚜株率迅速上升, 然后出现一个平缓阶段, 但蚜虫群体数量持续上升, 形成生长季节中的高聚集阶段。当有蚜株率达90%以上时, 上升更加缓慢, 聚集度低于上一阶段, 且趋于稳定, 主要以群体数量上升为主。在流行后期, 有蚜株率达100%, 聚集度趋于平稳, 但群体数量增加很快, 可能是由于田间食物丰富, 蚜虫数量大大小于理论环境容纳量(另文), 生长函数曲线正处在所谓指数上升阶段等原因所导致。

(二) 小白菜花叶病流行动态分析结果

小白菜花叶病流行的五次试验的模糊聚类分析表明, 田间病害流行过程可以分为几个阶段。初始阶段, 病害流行的特征以空间扩展为主, 病株率上升, 病株率伴随上升,

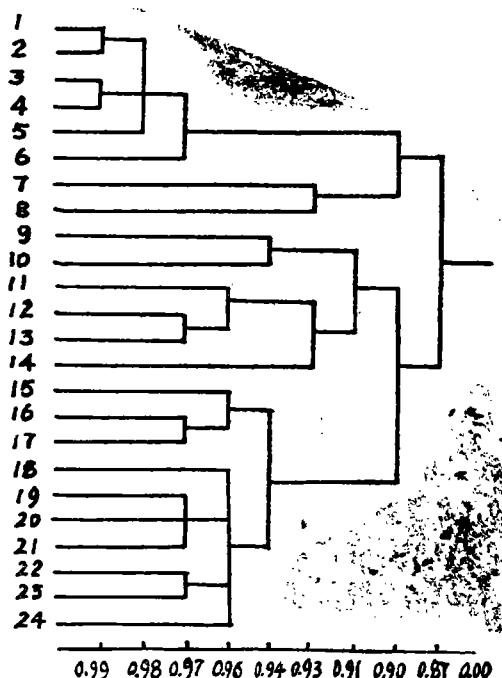


图2 小白菜花叶病流行时空动态聚类图

流行前期, 病害在样方间扩展加速, 病样方率上升很快, 病害在样方内也有传播, 病情严重度伴随上升。流行中期, 病样方率的上升已趋于平缓, 病株率快速增加, 严重度伴随增加。流行后期, 样方内的病害扩展也已趋于饱和, 受侵染植株病情加重, 严重度迅速上升, 然后趋于平缓。

以860219试验加以说明。

860219试验的有关病害时空动态数据列于表3, 对这些数据进行标准化处理后, 得标准化数据(表4)。取较正数 $M=5$ 计算得模糊相关矩阵 R (略)。

\tilde{R} 满足自反性和对称性, 但不满足传递性, 对其进行自乘改造后, 发现 $\tilde{R}^{10} = \tilde{R}^{32}$,

则令 $\tilde{R}^* = \tilde{R}^{10}$, 得模糊等价矩阵(略)。

对 \tilde{R}^* 阵进行 λ —截阵分析, 动态聚类过程见图2。

取截阵 R_λ ($\lambda=0.91$), 流行过程可划分为5个阶段, 各阶段特征分述如下:

状态1~6在很高 λ 值时便已并为一类, 表明这几个状态有很相似的特征: 病害在空间平稳地扩散, 病株率的增加是由于病样方的增加引起, 田间病株全为1级。状态7、8是病害空间扩展迅速的阶段, 在短短两天内, 病样方率上升了1.5倍, 同时病害也向邻近植株扩散, 田间仍无2级以上病株。状态9、10表明病害空间扩展还较迅速, 尤其病株率上升较快, 在2天时间内增长了1倍, 田间已有2级以上病株出现。状态11~4表明样方间的病害扩展已达饱和, 病株率和严重度同步发展。状态15~24表明病害在样方内的扩展已趋于饱和, 病株率上升缓慢, 但病株病级加重, 严重度迅速上升。

本试验时间不够长, 病情严重度达76.26%时便终止试验, 因此病情发展的后期特征不太明显。现利用851003试验作一补充说明(851003试验缺少初期数据, 第一次病情调查时病株率已达16.6%, 痘样方率为60%)。

851003试验后期7次田间调查的SPOT%, INC%和SEV%数据分别为100、96.8、70.26; 100、99.4、75.46; 100、100、80.86; 100、100、83.20; 100、100、96.93; 100、100、99.73; 100、100、99.73%。

聚类分析表明, 当 $\lambda=0.93$ 时, 前4个状态归为一类, 后3组归为一类。前一类的流行特征同860219试验的最后阶段, 而后一类则表明, 田间植株几乎全部发病, 大部分病株已达最高病级, 严重度上升缓慢。

结论和讨论

综合介体种群增长和小白菜花叶病流行时空动态的模糊聚类分析结果, 可对介体增长和病害流行的综合时空动态作初步说明: 田外带毒介体扩散迁入, 病害开始发生。在流行初期, 由于介体在田内未建立种群, 病源主要来自田外, 带毒有翅介体的随机扩散, 导致病害空间扩展较快, 痘样方率逐渐增加, 病株率伴随上升, 痘样方多为1株病

株。在流行前期, 随着介体的进一步迁入和定殖, 病害空间扩展加快, 病样方率迅速上升, 样方内也有病害扩展, 严重度上升缓慢。在流行中期, 田内介体种群上升, 有翅介体的田内扩散, 导致病株遍及全田, 病样方率已近饱和, 病害发展以病株率上升为主。在流行后期, 蚜虫介体群体数量增加很快, 病株率接近饱和, 严重度迅速上升, 然后趋于平缓。

模糊聚类分析方法综合了时间动态和空间动态的特征, 指明在流行初期, 介体的分布主要以随机分布为主, 在此阶段田间的介体主要为迁入的有翅介体, 病毒病便由于这些介体的迁入而发生。经此阶段后, 有翅介体在田内定殖并繁殖后代, 出现了一个高聚集度的时期, 随后便有一个快速的扩散, 有蚜样方增加, 聚集度有所下降。而此阶段与病害在样方间扩展并迅速散布全田的阶段是吻合的。扩散后的介体继续繁殖后代, 平均密度上升, 但聚集度保持平稳状态, 而病害则主要以样方内的扩散和严重度的增加为主, 这就形成了中后期的流行特征。本文借助模糊聚类分析方法对介体和病害流行所作的有关时空动态的分析, 仅是一次初步的探讨, 但也已初步描绘了一个小白菜花叶病在时空扩展方面的有关特征的图象。

在本研究中, 我们对每一种蚜虫各虫态及总数, 两种蚜虫混合材料的各虫态及总数进行了36组聚类分析。结果表明各样本时空特征均很相似, 文中便以851121试验的蚜虫总量为代表进行描述。一方面为节省篇幅, 另一方面, 我们的有关研究(另文)表明, 对于小白菜花叶病的发展流行, 两种蚜虫混合材料的联合回归效果比单独作用的回归效果好, 因而本分析侧重于总蚜量的描述。

模糊数学自1965年创立以后, 迅速渗进了自然科学的多个学科^[6]。从植病流行学的有关研究^[1, 7]和本文的探讨中, 可以预料, 模糊数学方法在植病流行学中将会有更广泛的应用。

引用文献

- [1] 王振中. 植物病理学报, 1986, 16 (3): 145—150
- [2] 王振中, 林孔勋, 范怀忠. 华南农业大学学报, 1988, 9 (2): 11—21
- [3] 王振中, 林孔勋, 范怀忠. 华南农业大学学报, 1989, 10 (2): 48—53
- [4] 肖悦岩, 曾士迈. 植物病理学报, 1986, 10 (1): 1—10
- [5] 赵美琦, 肖悦岩, 曾士迈. 植物病理学报, 1985, 15 (4): 199—204
- [6] 贺仲雄. 模糊数学及其应用, 天津: 科学技术出版社, 1983: 5, 152—187
- [7] 敬甫松. 植物病理学报, 1985, 15 (1): 37—45
- [8] Kranz, J. and Hau, B., 1980, Ann. Rev. Phytopathol. 18:67—83
- [9] Mundt, C. C., Leonard, K. J., Thal, W. M. and Fulton, J. H., 1986, Phytopathology 76:590—598
- [10] Paysour, R. E. and Fry, W. E., 1983, Phytopathology 73:1014—1020

APPLICATION OF FUZZY CLUSTER ANALYSIS TO
TEMPORAL AND SPATIAL DYNAMICS OF
CHINESE-SMALL-CABBAGE MOSAIC DISEASE AND ITS VECTORS

Wang Zhenzhong Lin Kung—hsun Faan Hwei—chung

(Department of Plant Protection)

ABSTRACT

The temporal and Spatial dynamics of the aphid vectors (*Myzus persicae* and *Rhopalosiphum pseudobrassicae*) of the Chinese-small-cabbage mosaic disease were outlined by means of fuzzy cluster analysis. At the early stage of the epidemic aphids mainly of alatae immigrating from the outside of the field were of low density and Poisson distribution, but sometimes low aggregations were observed. After the colonization of the aphids in the field, the infestation increased greatly in a short time, but soon the rate of infestation began to decrease; the density of aphids, however, still continued to increase, resulting in a high aggregation in the season. When the aphid-infested plants reached 90%, the rate of infestation was greatly slow down, the aggregation became lower than before, being stable. The size of the aphid population continued to increase to a peak just before harvest of the crop.

The dynamic of disease progress was also studied with a Fuzzy cluster analysis. At the early stage of the epidemic the inoculum (virus) was carried and spread by the immigrating alatae with a random distribution, which resulted in a random distribution of diseased plants in the field. Due to the rapid spatial spread of the disease, there was a rapid increase in number of diseased sampling units, which was paralleled by an increase in percentage of diseased plants in the field. However, at the beginning there was often only 1 diseased plant per sampling unit. Owing to the immigration and colonization of the vectors, inter-and intra-unit spread of disease occurred simultaneously and was accompanied with an increase of disease severity. The migration of vectors in the field facilitate the spread of diseased plants all over the field, resulting in a rapid increase of diseased sampling units to 100% and diseased plants as well. At the last stage of the epidemic, nearly all plants were infected and thus the disease progress was then reflected in the increase of severity.

Key words: Chinese-small-cabbage, *Myzus persicae*, *Rhopalosiphum pseudobrassicae*; Epidemiology, Vector, Fuzzy cluster analysis;