

小白菜花叶病流行曲线分析及两参数 植病流行方程的非线性拟合

王振中 林孔勋 范怀忠

(植保系)

提 要

小白菜花叶病流行曲线分析表明, Weibull方程拟合效果最好, Logistic方程次之, Gompertz方程又次之。

探讨了两参数植病流行方程的非线性拟合方法: 台劳级数展开法和麦夸尔特法。在小白菜花叶病等18个植病系统的94组流行曲线中, 非线性方法的拟合结果均优于线性方法。

关键词 小白菜; 花叶病, 病害流行; 曲线拟合方法

引 言

自从Vanderplank^[1,2]将Logistic方程和单分子生长模型应用于描述植物病害发展时间动态过程以后, 对流行的时间动态过程的研究, 已越来越引起人们的重视^{[1][2][3][4][5]}, 病害流行曲线分析已成为植物病害流行学的一个重要方面。利用曲线方程的形式描述病害流行过程, 会有助于我们全面地了解流行特征, 并且可以进行不同病害或病害的不同区域和不同时间的流行有关特征的比较^{[1][6]}, 或者可以从曲线方程出发探讨流行的有关特征如达某一病情的时间或期望发展速率等^[1], 利用曲线下方的面积AUDPC还可以有效地进行一些病害所引起的产量损失估计^[6]。

1963年以后, Vanderplank^[1,2]提出的病害流行动态方程的线性化拟合方法一直成为两参数植物病害流行方程的通用拟合方法, 被植物病害流行工作者接受下来, 无论是在植物病害流行的时间动态或空间动态的研究中, 都可以看到线性化方法在两参数模型中的应用^{[1][6][8]}。

• 本文承北京农业大学曾士迈教授、广东省甘蔗所王莹明教授, 本校李郁治副教授审阅, 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。

1987年7月17日收稿

线性化方法具有简单明确、易于应用的特点,但是,线性化方法所取得的流行方程,已不是原始数据的最佳方程,它所反映的仅是变换后数据的最小二乘解^{3,17}。线性化方法引起的 R^2 虚假增高和模型比较方面可能造成的失误,已引起人们的注意^{1,17},以线性化方法所取得的结果去进行不同病害或不同处理间的有关参数的比较,或者以AUDPC进行产量损失估计等,则可能会以讹传讹,导致最终结果的一些失误来。

随着植物病害流行学研究的深入,人们对流行特征的探讨将越来越深入,因而对所用的数学方法的要求也会更高,对拟合病害流行曲线的传统线性化方法进行修正,提出更合理的拟合方法,似乎是必要的。

由芜菁花叶病毒(TuMV)和黄瓜花叶病毒(CMV)引起的小白菜(*Brassicae chinensis*)花叶病,是广州市蔬菜生产的一个重要病害⁴,据作者近年来的观察表明,每造栽培的小白菜发病率多在90%以上,发病后植株生长迟缓,株型变小,引起较大的产量损失。对本病的流行动态过程的分析,仍未发现任何报道。

本文的目的,便是从分析小白菜花叶病流行曲线出发,提出病害流行两参数模型的非线性拟合方法的计算过程,用以分析小白菜花叶病流行的有关特征,并对非线性方法和传统线性化方法进行拟合结果比较。

材 料 和 方 法

(一) 小白菜花叶病流行数据的获得

在小白菜栽培区(广州市天河区东圃)内,取地位适中的田块为病害观察圃,面积约为0.2亩,品种为相应季节内栽培的主要品种春水白菜、郊区黑叶,南海白菜和金边大白菜等,在1985年8月至1986年12月共进行6次田间试验。

将观察圃分为1、2两大区,每大区为5小区(畦),直播小白菜,按农民一般管理程序进行栽培管理,但在生长期严禁使用一切对介体蚜虫有杀伤作用的农药。

在每小区内按棋盘式取样10个样方,每样方按对角线法取5株植株作为观察对象,两大区共取500个观察植株。

在小白菜有3~4片真叶以后,每天调查田间病害发展情况,记录每株病级,病级共分为4(0~3)级:

0级:无病害症状;

1级:全株有症状叶片数少于1/3;

2级:全株有症状叶片数为1/3~2/3;

3级:全株有症状叶片数大于2/3。

分1、2两大区计算普遍率(病株率)和严重度(病情指数)。

以病情和时间数对拟合Logistic^[12], Gompertz^[15]和Weibull方程^[10],前两者

用非线性拟合方法（后面详述），后者则用王振中和林孔勋^[2]的区间对分寻优法拟合方程。

利用拟合的方程计算剩余平方和Q值和非线性决定系数 R^2 值。

$$Q = \sum (\hat{X}_i - X_i)^2 \dots\dots\dots (1) *$$

$$R^2 = (SX - Q) / SX \dots\dots\dots (2)$$

式中， $SX = \sum (x_i - \bar{X})^2$ 为因度量总平方和 \hat{X}_i 为病情计算值， X_i 为病情实测

值， \bar{X} 为病情实测值的平均值。

(二) Logistic和Gompertz方程的非线性拟合方法

1. 台劳级数展开法

(1) 计算过程 上述两方程可以用一般的函数表示为：

$$X = f(t; a, b) \dots\dots\dots (3)$$

式中， f 为特定参数 a 、 b 的非线性函数， t 为时间， X 为病情。在本文中，均取 $0 < X < 1$ ，与线性化方法取值一致。

设已给特定参数 a 、 b 一个初值 a_0 、 b_0 ，初值与真值之差为 Δ_1 、 Δ_2 ，即：

$$\begin{cases} a = a_0 + \Delta_1 \\ b = b_0 + \Delta_2 \end{cases} \dots\dots\dots (4)$$

这样，便可以把方程拟合问题化为确定修正值 Δ_1 、 Δ_2 的问题了。

为了确定 Δ_1 、 Δ_2 的选值，在 a_0 、 b_0 附近对函数(3)进行台劳级数展开，并略去 Δ_1 、 Δ_2 的二次方以上各项。

$$f(t; a, b) = f_0 + \frac{\partial f_0}{\partial a} \Delta_1 + \frac{\partial f_0}{\partial b} \Delta_2 \dots\dots\dots (5)$$

其中， f_0 为在 a_0 、 b_0 处的函数值， $\frac{\partial f_0}{\partial a}$ 、 $\frac{\partial f_0}{\partial b}$ 则为该处的偏导数值。

此时，由 a_0 、 b_0 决定的剩余平方和Q为：

$$Q = \sum \left[X_i - \left(f_0 + \frac{\partial f_0}{\partial a} \Delta_1 + \frac{\partial f_0}{\partial b} \Delta_2 \right) \right]^2 \dots\dots\dots (6)$$

由最小二乘法，可得正规方程组：

$$\begin{cases} a_{11} \Delta_1 + a_{12} \Delta_2 = a_{1x} \\ a_{21} \Delta_1 + a_{22} \Delta_2 = a_{2x} \end{cases} \dots\dots\dots (7)$$

* 本文中均以 \sum 代替 $\sum_{i=1}^n$

式中:

$$\begin{cases} a_{11} = \sum \frac{\partial f_0}{\partial a} \cdot \frac{\partial f_0}{\partial a} \\ a_{12} = \sum \frac{\partial f_0}{\partial a} \cdot \frac{\partial f_0}{\partial b} = a_{21} \dots\dots\dots (8) \\ a_{22} = \sum \frac{\partial f_0}{\partial b} \cdot \frac{\partial f_0}{\partial b} \\ a_{1x} = \sum (X - f_0) \frac{\partial f_0}{\partial a} \\ a_{2x} = \sum (X - f_0) \frac{\partial f_0}{\partial b} \end{cases}$$

至此, 求解正规方程组 (8) 便可以得到 Δ_1 、 Δ_2 的解。

以 Δ_1 、 Δ_2 对 a_0 、 b_0 根据式 (3) 对 a 、 b 进行校正, 利用所得的值作为新的 a_0 、 b_0 值, 重新根据上述过程求解 Δ_1 、 Δ_2 , 再对 a 、 b 进行再校正。重复上述迭代过程, 直到 Δ_1 、 Δ_2 与 a 、 b 的相对误差小于一定的阈值 (本文定为 1×10^{-4}) 时, 迭代过程结束, 此时的 a 、 b 值便可看作 a 、 b 的真值。

(2) Logistic 和 Gompertz 方程的偏导数

① Logistic 方程

Logistic 方程的形式为:

$$X = f(t) = \frac{1}{1 + \exp[-(a + bt)]} \dots\dots\dots (9)$$

a 、 b 的偏导数为:

$$\begin{cases} \frac{\partial f}{\partial a} = \frac{\exp[-(a + bt)]}{\{1 + \exp[-(a + bt)]\}^2} \dots\dots\dots (10) \\ \frac{\partial f}{\partial b} = \frac{t \cdot \exp[-(a + bt)]}{\{1 + \exp[-(a + bt)]\}^2} \end{cases}$$

② Gompertz 方程

Gompertz 方程的形式为:

$$X = f(t) = \exp \left\{ -\exp[-(a + bt)] \right\} \dots\dots\dots (11)$$

a 、 b 的偏导数为:

$$\begin{cases} \frac{\partial f}{\partial a} = \exp[-(a + bt)] \exp \left\{ -\exp[-(a + bt)] \right\} \\ \frac{\partial f}{\partial b} = t \cdot \exp[-(a + bt)] \exp \left\{ -\exp[-(a + bt)] \right\} \dots\dots\dots (12) \end{cases}$$

由上述方程和偏导数, 便可以根据等式 (8) 和正规方程组 (7) 求得相应的 Δ_1 、 Δ_2 值迭代求解 a 、 b 参数。

(3) 初值的选取 台劳级数展开法求解非线性方程的难点是迭代过程的发散^[3], 这种发散是由于初值 a_0 、 b_0 选得不好而导致的。实际上, 台劳级数展开式(5)仅是原函数(3)的近似表示, 只有当 Δ_1 、 Δ_2 足够小时, 两方程才较为接近。为了保证选取的初值与真值相差不太大, 从而保证迭代过程收敛, 本文采用线性化估计的 a 、 b 参数值作为迭代的初值。

2. 改进的方法, 麦夸尔特法

假如上述迭代过程仍不收敛的话, 可以改用麦夸尔特法。麦夸尔特法的优点在于扩大了初值的选用范围, 它与台劳级数展开法的不同之处在于决定修正值 Δ_1 、 Δ_2 的方程组不同。与方程组(7)对应的正规方程组为:

$$\begin{cases} (a_{11} + d) \Delta_1 + a_{12} \Delta_2 = a_{1x} \\ a_{21} \Delta_1 + (a_{22} + d) \Delta_2 = a_{2x} \end{cases} \quad \dots\dots\dots (13)$$

方程组(13)的各系数的计算方法仍同公式(8), 它与方程组(7)的差异仅在对角线上增加了一个“阻尼因子” d ($d \geq 0$), 不难看出, 当 d 退化为0时, 方程组(13)即为方程组(8)。

d 为任意选择的数值。为了加快收敛速度, 在迭代求解时, 先选择 $d=0$ 进行迭代, 若解出的 Δ_1 、 Δ_2 能使剩余平方和下降, 则可以继续迭代下去, 否则, 可选择 $d=10^{-2}$ 、 10^{-1} 、1、10、 10^2 、……等数据依次试探, 可以证明, 当 d 值足够大时, 定能使下一步的剩余平方和减小^[3]。

结果 和 分 析

(一) 小白菜花叶病流行曲线分析

1985年8月11日至9月26日、10月3日至11月19日、11月21日至1986年1月20日、2月19日至4月24日、9月6日至10月19日、以及10月22日至12月15日共进行6次试验(依次称850811、851003、851121、860219、860906和861022试验)得病情发展数据22组。利用病情和时间数对拟合三种模型, 计算各组的 R^2 和 Q 值以及总平均值, 列于表1。

从表1可以看到, 小白菜花叶病为较典型的复利式病害, 在三种模型上的拟合效果都较好, 有较低的 Q 值和较高的 R^2 值。这种结果表明, 小白菜花叶病流行是以 r —策略进行的, 这种复利式病害流行曲线与蚜虫介体的 r —策略生存方式是吻合的。

从表1还可以看到, 小白菜花叶病流行曲线描述以 Weibull 方程最佳, 这与一般结论相同^{[1][10]}。但是, 对于小白菜花叶病流行曲线, Logistic 方程的拟合结果优于Gompertz方程。在22组曲线中, 前者在19组中优于后者, Campbell 等人^[9]在烟草黑胥病流行曲线分析中, 也有类似结论。

Weibull 方程在不同的流行曲线上有不同的形状参数值, 与 Pennypacker 等^[10]的推论有所不同, 他们在分析 Weibull 方程时, 认为在复利式病害中的形状参数

表 1 三种模型对小白菜花叶病流行曲线的拟合结果

病情标志*	LOGISTIC		GOMPERTZ		WEIBULL	
	R ²	Q	R ²	Q	R ²	Q
850811.1.I	0.9986	0.0094	0.9868	0.0132	0.9896	0.0103
850811.1.S	0.9794	0.0070	0.9912	0.0030	0.9867	0.0045
851003.1.I	0.9886	0.0152	0.9704	0.0394	0.9963	0.0049
851003.1.S	0.9956	0.0072	0.9912	0.0145	0.9940	0.0099
851121.1.I	0.9770	0.0557	0.9724	0.0665	0.9806	0.0469
851121.1.S	0.8824	0.1607	0.8597	0.1917	0.8870	0.1543
860210.1.I	0.9945	0.0218	0.9882	0.0465	0.9964	0.0143
860210.1.S	0.9926	0.0111	0.9958	0.0063	0.9967	0.0050
860906.1.I	0.9843	0.0283	0.9586	0.0749	0.9934	0.0119
860906.1.S	0.9957	0.0021	0.9942	0.0028	0.9970	0.0014
850811.2.I	0.9932	0.0082	0.9817	0.0220	0.9960	0.0048
850811.2.S	0.9961	0.0016	0.9960	0.0017	0.9978	0.0009
851003.2.I	0.9893	0.0197	0.9761	0.0439	0.9961	0.0072
851003.2.S	0.9975	0.0068	0.9927	0.0203	0.9965	0.0097
851121.2.I	0.9941	0.0184	0.9829	0.0539	0.9975	0.0080
851121.2.S	0.9069	0.1583	0.8851	0.1954	0.9143	0.1457
860210.2.I	0.9964	0.0151	0.9889	0.0463	0.9979	0.0086
860210.2.S	0.9946	0.0105	0.9945	0.0108	0.9972	0.0054
860906.2.I	0.9754	0.0483	0.9461	0.1056	0.9879	0.0238
860906.2.S	0.9897	0.0043	0.9899	0.0042	0.9914	0.0036
861022.2.I	0.9937	0.0102	0.9835	0.0268	0.9963	0.0059
861022.2.S	0.9899	0.0050	0.9811	0.0095	0.9914	0.0043
平 均	0.9821	0.0284	0.9730	0.0454	0.9854	0.0223

在本栏中,前6位数字为试验代号,中间数字为区号,后边的字母表示普遍率(I)和严重度(S)

为3.6。实际上,由于流行是在众多因子的影响下进行的,与速率有关的参数会受到内外因子的影响而产生波动,这种波动会影响曲线形状的变化,从而使形状参数发生改变,这一点,已受到了有关学者的注意^{[8][11]}。

纵观小白菜花叶病病情发展的 Logistic 方程的r值,发现小白菜流行速度很快,在普遍率方面,r的变化幅度大多为0.40~0.75,仅1例为0.25,在严重度方面,r的变化幅度为0.11~0.54,大多数在0.20以上。这样快的流行速率并不多见,这便使得小白菜花叶病在较短的时间内迅速蔓延,达到相当高的病情水平。

(二) 线性化方法与非线性方法比较

在小白菜花叶病的22组流行数据上,对线性化和非线性方法拟合 Logistic 和 Gompertz 方程的结果进行比较,结果(表2)表明,在所有的数据上,非线性方法的

表2 线性化与非线性方法在小白菜花叶病流行曲线的拟合结果比较

方 程	LOGISTIC				GOMPertz			
	线 性		非 线 性		线 性		非 线 性	
病情标志*	R ²	Q	R ²	Q	R ²	Q	R ²	Q
850311.1.I	0.9897	0.0102	0.9986	0.0094	0.9527	0.0470	0.9868	0.0132
850811.1.S	0.9333	0.0225	0.9794	0.0070	0.9768	0.0078	0.9912	0.0030
851003.1.I	0.8933	0.1421	0.9886	0.0152	0.8167	0.2443	0.9704	0.0394
851003.1.S	0.9942	0.0095	0.9956	0.0072	0.9626	0.0617	0.9912	0.0145
851121.1.I	0.9768	0.0561	0.9770	0.0557	0.0560	0.1064	0.9724	0.0665
851121.1.S	0.8711	0.1762	0.8824	0.1607	0.8460	0.2104	0.8597	0.1917
860219.1.I	0.9941	0.0233	0.9945	0.0218	0.9243	0.2986	0.9882	0.0465
860219.1.S	0.9572	0.0643	0.9926	0.0111	0.9927	0.0110	0.9958	0.0063
860906.1.I	0.9625	0.0680	0.9843	0.0283	0.8889	0.2012	0.9586	0.0749
860906.1.S	0.9875	0.0060	0.9957	0.0021	0.9883	0.0057	0.9942	0.0028
850811.2.I	0.9906	0.0113	0.9932	0.0082	0.9282	0.0861	0.9817	0.0220
850811.2.S	0.9921	0.0033	0.9961	0.0016	0.9707	0.0120	0.9960	0.0017
851003.2.I	0.8640	0.2795	0.9893	0.0197	0.8106	0.3474	0.9761	0.0439
851003.2.S	0.9887	0.0315	0.9975	0.0068	0.9554	0.1241	0.9927	0.0203
851121.2.I	0.9384	0.1937	0.9941	0.0184	0.9043	0.3007	0.9829	0.0539
851121.2.S	0.8894	0.1880	0.9069	0.1583	0.8640	0.2314	0.8851	0.1954
860219.2.I	0.9794	0.0859	0.9964	0.0151	0.8961	0.4335	0.9889	0.0463
860219.2.S	0.9850	0.0296	0.9946	0.0105	0.9881	0.0234	0.9945	0.0108
860906.2.I	0.9223	0.1523	0.9754	0.0483	0.8119	0.3686	0.9461	0.1056
860906.2.S	0.9783	0.0090	0.9897	0.0043	0.9831	0.0070	0.9899	0.0042
861022.2.I	0.9913	0.0140	0.9937	0.0102	0.9734	0.0430	0.9835	0.0268
861022.2.S	0.9843	0.0078	0.9899	0.0050	0.9798	0.0100	0.9811	0.0095
平 均	0.9574	0.0720	0.9821	0.0284	0.9259	0.1446	0.9730	0.0454

• 附表1

结果均优于线性化方法。

同时，我们利用了花生锈病的32组流行数据对两种方法进行拟合结果比较，得到了相同的结论（表3）。

此外，我们还利用了马铃薯晚疫病等13种复利式病害的36组流行数据对线性化方法和非线性方法进行拟合比较，均可以看到非线性方法的结果优于线性化方法。限于篇幅，不再列出全部计算结果。

另外，我们还利用单利式病害的单分子生长模型对4组流行数据进行线性化和非线性方法进行拟合比较，仍表明非线性方法比线性化方法为优。

表 3 线性化和非线性方法在花生锈病流行曲线的拟合结果比较*

方 程		LOGISTIC				GOMPERTZ			
方 法		线 性		非 线 性		线 性		非 线 性	
时 间	病 情	R ²	Q	R ²	Q	R ²	Q	R ²	Q
1975.S	SEV	0.9838	0.0143	0.9908	0.0081	0.9471	0.0470	0.9747	0.0224
1975.S	INC	0.9833	0.0281	0.9923	0.0128	0.9818	0.0308	0.9893	0.0179
1976.S	SEV	0.9338	0.0462	0.9628	0.0260	0.8472	0.1068	0.9325	0.0471
1976.S	INC	0.9969	0.0043	0.9972	0.0039	0.9188	0.1151	0.9932	0.0095
1977.S	SEV	0.5045	0.0306	0.8853	0.0070	0.8633	0.0081	0.9259	0.0045
1977.S	INC	0.9740	0.0224	0.9914	0.0073	0.9810	0.0163	0.9908	0.0079
1978.S	SEV	0.9370	0.0436	0.9894	0.0073	0.9961	0.0026	0.9961	0.0026
1978.S	INC	0.8766	0.1805	0.9759	0.0352	0.9709	0.0425	0.9861	0.0202
1979.S	SEV	0.9789	0.0231	0.9948	0.0057	0.9888	0.0122	0.9937	0.0068
1979.S	INC	0.9370	0.0928	0.9833	0.0245	0.9939	0.0089	0.9949	0.0073
1980.S	SEV	0.9513	0.0492	0.9753	0.0249	0.9588	0.0416	0.9672	0.0331
1980.S	INC	0.9720	0.0537	0.9770	0.0440	0.9311	0.1323	0.9856	0.0276
1981.S	SEV	0.9604	0.0484	0.9826	0.0212	0.9419	0.0709	0.9790	0.0256
1981.S	INC	0.9528	0.0745	0.9709	0.0458	0.9779	0.0348	0.9792	0.0327
1982.S	SEV	0.9193	0.0438	0.9944	0.0030	0.9774	0.0122	0.9845	0.0084
1982.S	INC	0.9812	0.0306	0.9971	0.0045	0.9630	0.0603	0.9976	0.0039
1984.S	SEV	0.7586	0.0258	0.9402	0.0064	0.9537	0.0049	0.9658	0.0036
1984.S	INC	0.9285	0.0551	0.9588	0.0317	0.9770	0.0177	0.9792	0.0160
1975.S	SEV	0.8893	0.0341	0.9882	0.0036	0.9930	0.0021	0.9933	0.0020
1975.S	INC	0.9452	0.0648	0.9760	0.0284	0.9873	0.0149	0.9888	0.0132
1976.A	SEV	0.9211	0.0768	0.9689	0.0302	0.9653	0.0337	0.9750	0.0243
1976.A	INC	0.7883	0.2417	0.9512	0.0557	0.8598	0.1600	0.9648	0.0401
1977.A	SEV	0.8475	0.0453	0.9836	0.0048	0.9901	0.0029	0.9907	0.0027
1977.A	INC	0.9670	0.0609	0.9928	0.0132	0.9709	0.0537	0.9914	0.0158
1978.A	SEV	0.7733	0.0534	0.8626	0.0323	0.8894	0.0260	0.9046	0.0225
1978.A	INC	0.9159	0.0509	0.9463	0.0325	0.9472	0.0319	0.9695	0.0184
1979.A	SEV	0.8885	0.0365	0.9513	0.0159	0.9687	0.0102	0.9700	0.0098
1979.A	INC	0.9258	0.0636	0.9647	0.0303	0.9254	0.0640	0.9729	0.0232
1980.A	SEV	0.9321	0.0378	0.9661	0.0188	0.9443	0.0310	0.9472	0.0294
1980.A	INC	0.9877	0.0187	0.9958	0.0063	0.9466	0.0818	0.9947	0.0080
1981.A	SEV	0.5945	0.0037	0.9282	0.0006	0.9172	0.0007	0.9550	0.0004
1981.A	INC	0.8883	0.0177	0.9645	0.0056	0.9826	0.0027	0.9833	0.0026
平 均		0.8998	0.0523	0.9687	0.0187	0.9520	0.0400	0.9755	0.0159

* 表中时间一列, A表示秋花生, S表示春花生; 病情一列, SEV表示严重度, INC表示普遍率。

单分子生长模型及其各偏导数为:

$$f(t) = 1 - \exp[-(a + bt)]$$

$$\frac{\partial f}{\partial a} = \exp[-(a + bt)]$$

$$\frac{\partial f}{\partial b} = t \cdot \exp[-(a + bt)]$$

在所有结果中,均表明非线性方法比线性化方法有了较好的改进,同时,在选用线性化初值 a 、 b 迭代时,除马铃薯晚疫病的1组流行数据外,其余的均在台劳级数展开法的无阻尼因子的方程组(7)确定的 Δ_1 、 Δ_2 迭代下收敛,且收敛速度很快,几秒钟便可以达到 1×10^{-4} 的收敛阈值。由此看来,在一般情况下,可以直接用台劳级数展开法求解方程。

结 论 和 讨 论

流行曲线分析表明,小白菜花叶病流行曲线描述以 Logistic 方程优于 Gompertz 方程,与 Campbell 等^[9]在烟草黑胫病流行曲线分析时的结论相同。因此,作者认为, Berger^[5]的关于病害发展速率分布不对称且峰值出现较 Logistic 密度分布曲线的峰值为早的说法,不一定具有普遍意义。尽管这个说法是在分析了 9 个植物病害系统的 113 组流行曲线后提出来的。

从流行曲线分析的结果来看,小白菜花叶病具有很高的 r 值,这是流行的一个重要特征,这种高流行速率的特征,使得病害在较短的时间内迅速蔓延,达到很高的发病水平。

小白菜花叶病 r 值比一般真菌性病害的 r 值要高。这可能来自三方面的原因,其一,真菌病害必须经过一个潜伏期后才能产孢进行再侵染,但病毒病株则在出现症状之前已具有传染性,真正的“潜伏期”较短;其二,真菌性病害流行具有一个传染期限,即显症病斑仅在随后的一段时间内具有产孢能力,以后便因老化而失去传染性(提供新接种体的能力),而病毒病株(指本病)发病后终生带毒、可以不断提供毒源;其三,病毒病害不象真菌病害那样有一个产孢能力的限制,当有效介体在病株上取食以后,便可以携带病毒和传染。

在小白菜花叶病的流行中,外源病毒有着重要的作用,由于此病不能由种子传播,最初的侵染是由田外迁入的带毒蚜虫介体引起,在田内未建立介体种群之前,这种外源病毒便成为维持流行进展的原因。当田内建立介体种群以后,内源病毒的重要性便逐渐重要,进而成为主要的流行进展原因。当田内平均介体密度与田外平均密度一致时,介体的迁入,迁出作用达到动态平衡,可以假定此时的病害发展由内源病毒导致。

外源病毒在系统初始化时的作用,是流行动态过程的最初动因,这在防治策略上似乎是很有意义的。对于病毒的最初来源即植区内的有关 TuMV 和 CMV 的其它的介体的普查和进一步分析主要外源,对本病流行病学研究和病害防治等将是很有意义的。

本文提出的两参数病害流行方程的非线性拟合方法比线性化方法有更好的数据拟合效果,值得在流行曲线分析的有关方面应用。同时,在病害流行空间动态研究中,空间扩展方程的拟合也利用线性化方法进行,这种做法似乎会影响方程的拟合效果,从而进一步影响动态方程的应用,在有条件时,也可应非线性拟合方法。在应用非线性方法于空间动态研究时,用相应的 $f(t)$ 、 $\frac{\partial f}{\partial a}$ 、 $\frac{\partial f}{\partial b}$ 代替本文中有关方程即可。

引用文献

- (1) 王振中, 林孔勋. 植物病理学报, 1986; 16(1): 11~16
- (2) 王振中, 林孔勋. 华南农业大学学报, 1986; 7(1): 17~20
- (3) 中国科学院计算中心概率统计组. 概率统计计算. 北京: 科学出版社. 1983: 157~174
- (4) 范怀忠, 柯冲. 植物病理学报, 1957; 3(2): 155~168
- (5) Berger, R. D. 1981. Comparison of Gompertz and Logistic equations to describe plant disease progress. *Phytopathology* 71, 716-719
- (6) Buchenau, G. W. 1975. Relationship between yield loss and area under the wheat stem rust and leaf rust progress curves. *Phytopathology* 65, 1317-1318
- (7) Butt, D. J. and Royle, D. J. 1974. Multiple regression analysis in the epidemiology of plant diseases. In *Epidemics of Plant Diseases* (Kranz, J. ed.). pp. 78-114. Springer-Verlag, Berlin and New York
- (8) Campbell, C. L., Pennypacker, S. P. and Madden, L. V. 1980. Progression dynamics of hypocotyl rot of snapbean. *Phytopathology* 70, 487-494
- (9) Campbell, C. L., Jacobi, W. R., Powell, N. T. and Main, C. E. 1984. Analysis of disease progression and the randomness of occurrence of infected plants during tobacco black shank epidemic. *Phytopathology* 74, 230-235
- (10) Pennypacker, S. P., Knoble, H. D., Antle, C. E. and Madden, L. V. 1980. A flexible model for studying plant disease progression. *Phytopathology* 70, 232-235
- (11) Thal, W. M., Campbell, C. L. and Madden, L. V. 1984. Sensitivity of Weibull model parameters to variation in simulated disease progression data. *Phytopathology* 74, 1425-1430
- (12) Vanderplank, J. E. 1963. *Plant Diseases, Epidemics and Control*. Academic Press, New York and London

**STUDY ON DISEASE PROGRESS CURVES OF CHINESE-SMALL-CABBAGE
MOSAIC AND NONLINEAR METHOD FOR THE FITTING OF TWO-PARAMETER
EQUATIONS OF PLANT DISEASE PROGRESS**

Wang Zhenzhong Lin Kung-hsun Faan Hwei-chung

(Department of Plant Protection)

ABSTRACT

It was shown by applying different models (Logistic, Gompertz and Weibull) to data obtained by field disease investigation that Weibull model described the progress curves of Chinese-Small-Cabbage Mosaic (mainly caused by Turnip Mosaic Virus and Cucumber Mosaic Virus) the best, and the Logistic better than Gompertz model.

Nonlinear method, Gauss-Newton algorithm and Marquardt's algorithm, was proposed for the fitting of two-parameter equations of plant disease progression. A comparison was made of nonlinear and linear method by using 94 sets of plant disease progress data of 18 disease systems; results showed that the nonlinear method was better than the linear method in all cases.

Key words: Turnip Mosaic Virus; Epidemiology; Curve fitting; Cucumber Mosaic Virus; *Brassicae chinensis*