

第四届数学中国数学建模网络挑战赛

地址：内蒙古数学会
电话：0471-5220129

邮编：010021

网址：www.tzmcm.cn
Email: 2011@tzmcm.cn

第四届“互动出版杯”数学中国

数学建模网络挑战赛 承 诺 书

我们仔细阅读了第四届“互动出版杯”数学中国数学建模网络挑战赛的竞赛规则。

我们完全明白，在竞赛开始后参赛队员不能以任何方式（包括电话、电子邮件、网上咨询等）与队外的任何人（包括指导教师）研究、讨论与赛题有关的问题。

我们知道，抄袭别人的成果是违反竞赛规则的，如果引用别人的成果或其他公开的资料（包括网上查到的资料），必须按照规定的参考文献的表述方式在正文引用处和参考文献中明确列出。

我们郑重承诺，严格遵守竞赛规则，以保证竞赛的公正、公平性。如有违反竞赛规则的行为，我们将受到严肃处理。

我们允许数学中国网站(www.madio.net)公布论文，以供网友之间学习交流，数学中国网站以非商业目的的论文交流不需要提前取得我们的同意。

我们的参赛队号为：1312

参赛队员（签名）：

队员 1： 陈秋云

队员 2： 陈容莲

队员 3： 宿慧民

参赛队教练员（签名）：

参赛队伍组别： 本科

第四届“互动出版杯”数学中国

第四届数学中国数学建模网络挑战赛

地址：内蒙古数学会
电话：0471-5220129

邮编：010021

网址：www.tzmcm.cn
Email: 2011@tzmcm.cn

数学建模网络挑战赛 编号专用页

参赛队伍的参赛队号：（请各个参赛队提前填写好）：

1312

竞赛统一编号（由竞赛组委会送至评委团前编号）：

竞赛评阅编号（由竞赛评委团评阅前进行编号）：

第四届数学中国数学建模网络挑战赛

地址：内蒙古数学会
电话：0471-5220129

邮编：010021

网址：www.tzmcm.cn
Email：2011@tzmcm.cn

2011 年第四届“互动出版杯”数学中国 数学建模网络挑战赛

题 目 生物多样性评估模型

关 键 词 生物多样性；生态位耗散结构模型；群落耗散结构模型；计算方法

摘 要：

2010 年是联合国大会确定的国际生物多样性年。保护地球上的生物多样性已经越来越被人类社会所关注，相关的大规模科研和考察计划也层出不穷。但是如何评价被考察区域的生物多样性，目前还没有一个全面评价的标准。

本文先是举例论证了某一区域其生物多样性的价值，并在此基础上制定了一套切实可行的评估某一地区生物多样性的赋分标准和计算方法。从生态系统多样性、物种多样性及遗传多样性三个大的方面进行建模分析，以生态位耗散结构的数学模型及群落耗散结构的数学模型来综合评估生态系统多样性；再从物种相对多度指数、物种均匀度、物种丰富度、生态优势度及熵等寻找了评估物种多样性的各种指标；最后确立了评估遗传多样性的计算公式。综合以上几个因素对生物多样性进行了比较全面的评估。

最后，我们对以上的模型建立及计算方法进行了评价，发现了其中也存在着不足之处，这些可能是由于时间仓促，搜集的数据不足、相关方面分析太少进而不能制定一个十分全面的评价生物多样性的指标，为此我们对这两个模型进行了改进，并就某个模型进行了优化，以此来做进一步的总结。

参赛队号 1312

所选题目 B

参赛密码 _____
(由组委会填写)

第四届数学中国数学建模网络挑战赛

地址：内蒙古数学会
电话：0471-5220129

邮编：010021

网址：www.tzmcm.cn
Email: 2011@tzmcm.cn

英文摘要（选填）

（此摘要非论文必须部分，选填可加分，加分不超过论文总分的 5%）

数学中国提供 (www.madio.net)

参赛队号 # 1312

一、问题的重述

1.1 背景

生物多样性是地球上所有生命的总和，是 40 亿年来生物进化的最终结果。它是多样化的生命实体群的特征。每一级生命实体基因、细胞、种群、物种、群落、生态系统等都存在着多样性。生物多样性是一个描述自然界多样性程度的、内容广泛的概念，它是时间和空间的函数，因此它具有区域性^[1]。生物多样性，作为一种生命资源，对整个人类社会所起的作用是不可估量的。人类生存、发展需要的各种生物资源，工业、农业和医药业等需要的各种原材料，生态平衡的维持，生态环境的稳定等，无不归功于生物多样性。

2010 年是联合国大会确定的国际生物多样性年。保护地球上的生物多样性已经越来越被人类社会所关注，相关的大规模科研和考察计划也层出不穷。为了更好地建立国际交流与专家间的合作，联合国还建立了生物多样性和生态系统服务政府间科学政策平台（IPBES）。但迄今为止，几乎所有的考察计划都面临着一个基本的困难：如何评价被考察区域的生物多样性。传统的方法是清点物种数量，但现在有许多科学家认为这种方法具有很大的局限性。譬如有人提出应当考虑物种的相似程度。有人则提出有一些物种的基因多样性程度远远超另一些物种，所以应当考虑基因的多样性等。但现在还缺少一种能全面考虑不同因素的对生物多样性进行测定的方法。

生物多样性包括遗传多样性、物种多样性和生态系统多样性三个层次和水平，因此对其进行客观评价时要全面考虑这三方面的内容。

1.2 问题

根据本题要求，我们以生态系统多样性、物种多样性和遗传多样性三个方面为指标来评价生物多样性，并就生物多样性的价值进行了分析。为了便于模型的建立，我们提出了以下几个问题：

问题一：举例说明某一地区生物多样性有怎样的价值。

问题二：如何制定生物多样性的评估方向。

问题三：建立评估生态系统多样性的数学模型。

问题四：寻找评估物种多样性的各种指标。

问题五：确立评估遗传多样性的计算公式。

参赛队号 #1312

二、模型的假设及符号的约定

2.1 模型的假设

- 1) 生物多样性对中国产生了可观的经济价值。
- 2) 给生物多样性各方面的权重赋分标准和计算公式。
- 3) 生物多样性模型在相对理想化的环境、时间、控制因素下进行。
- 4) 对一个区域的生态系统研究可推广到整个生态系统。
- 5) 模型的计算结果可客观的表现出生物多样性评价的信息。

2.2 符号的约定

符 号	含 义
a	群落 A 的分布集中点
b	群落 B 的分布集中点
r	位点数
A	样方面积
C	常数
H	Brillouin 指数
N	群落中的个体总数
U	群落一致性的量度
X	物种 1
Y	物种 2
OD	多样性的奇数测度
$N-U$	多样性的绝对度量
λ_i	有界闭模糊数
\hat{x}_i	各等位基因频率的估计值
δ_1	群落 A 的分散程度
δ_1	群落 B 的分散程度
P_i	个体属于第 i 类的概率
A_j	位点 j 的等位基因数
H'	Shannon-Wiener 指数
ξ_1, ξ, ξ_2	相对某一生态因子的生态幅度量
$H_{xy}(\wedge)$	生态位的重叠
$H(\wedge)$	物种 X 的生态位
$L(\alpha)$	左连续增函数
$R(\alpha)$	右连续减函数
$H(\lambda_i)$	第 i 个生态因子在第 i 维上的投影生态位
$E(s)$	稀疏标准化样方物种数目的预期值

参赛队号 # 1312

\tilde{A}	生物群落 1
\tilde{B}	生物群落 2
$m(\tilde{A}, \tilde{B})$	两个群落的分离度
\circ	内积
\otimes	外积
Δ	实测多样性
\wedge	某物种生存空间的某一状态
\wedge^*	生存空间的最适生态环境

三、 问题分析

目前生物多样性正以前所未有的速度在全球范围内丧失,这使得生物多样性经济价值评估的理论和实践意义显得越来越重要。同时,制定评估某一区域的生物多样性的标准有利于今后考察和科研工作地开展。从而也能提醒我们对某一区域的生物多样性更好地进行保护。

针对问题一,人类生存与发展,归根结底,依赖于自然界各种各样的生物。生物多样性是人类赖以生存的各种有生命资源的总汇和未来工农业、医药业发展的基础。生物多样性不仅为人类提供了食物、能源、材料等基本需求,并且对维持生态平衡、稳定环境具有关键性作用,为全人类带来了难以估价的利益。那么就中国这一区域的生物多样性而言,生物多样性究竟产生了哪些可观的经济效益呢?方法是我们以货币的数据形式针对中国生物多样性的价值类别及其价值类型进行初步评估。

针对问题二,生物多样性的评价是有效保护生物多样性、合理利用其资源、保证其可持续发展的关键,于是就有必要制定一套指标和标准,对生物多样性进行客观合理的评价,从而为人类对其合理的经营利用提供科学的指导,也为国家和国际水平的政策讨论及贯彻实施提供更可靠的信息,意义相当重大。我们通过广泛查阅资料并在深入分析的基础上,根据遗传多样性、物种多样性和生态系统多样性三个层次水平指标在评价中的影响力差异赋予不同分值,并确定总评分为100分而制定一套评价生物多样性的指标系、评价方法和评价标准,为生物多样性的合理开发利用、有效管理提供依据。

针对问题三,生态系统是一个复杂的大系统,很多重要的生态学理论问题都是以生态位和生物群落概念为基础的,生态位和生物群落及其相关概念的量化和模型化是生态系统的根本问题。我们将所研究对象看作一个结构单位——生态位进行研究,利用Fuzzy数学理论给出生态位和群落耗散结构系统的动态Fuzzy模型,并以此为基础研究生态系统中相关的理论。

针对问题四,物种多样性在生物多样性中具有极其重要的地位它既是遗传多样性的载体,又是生态多样性的基础。据估计全球物种数目在200万至1亿,但只有140万种被定名。为了避免这种认识的不统一,我们将从物种相对多度、物种均匀度、物种丰富度、物种生态有适度和熵等角度,采用稀疏标准化方法、热力学几率、波尔兹曼熵(统计力学熵)等方法,用Pielou均匀度指数、Sheldon均匀度指数、Molinari均匀度指数等指数对收集到的相关数据进行分析,从而得出物种多样性的指标系、评价方法和评价标准。

针对问题五,遗传多样性是生物多样性的的重要组成部分。物种或居群的遗传多样

参赛队号 # 1312

性大小是长期进化的产物，是其生存适应和发展进化的前提遗传多样性是保护生物学的核心之一。如果不了解种内遗传变异的大小时空分布及其与环境条件的关系，我们就无法采取科学而有效的措施来保护人类赖以生存的遗传资源基因，来挽救濒于绝灭的物种。为此，我们采用整体杂合度、多态位点的比例和各位点的平均等位基因数等对遗传多样性进行分析，并运用平均等位基因数计算公式、平均等位基因数计算公式、平均表观杂合度计算公式等对其进行研究。

四、模型的建立与求解

4.1 问题一：分析中国生物多样性对其产生价值。

4.1.1 生物多样性的生态功能价值

生物多样性的生态功能价值是巨大的，它在自然界中维系能量的流动、净化环境、改良土壤、涵养水源及调节小气候等多方面发挥着重要的作用。丰富多彩的生物与它们的物理环境共同构成了人类所赖以生存的生物支撑系统。

4.1.2 生物多样性对人类生存和发展的价值

千姿百态的生物给人以美的享受，是艺术创造和科学发明的源泉。人类文化的多样性很大程度上起源于生物及其环境的多样性。生物多样性对人类生存和发展的价值是巨大的。它提供人类所有的食物和许多诸如木材、纤维、油料、橡胶等重要的工业产品。中医药绝大部分来自生物，它是维持人们健康的重要组成部分。

根据《中国生物多样性国情研究报告》的研究成果，中国生物多样性的价值为 39.33 万亿元（ 40×10^{12} ）人民币。

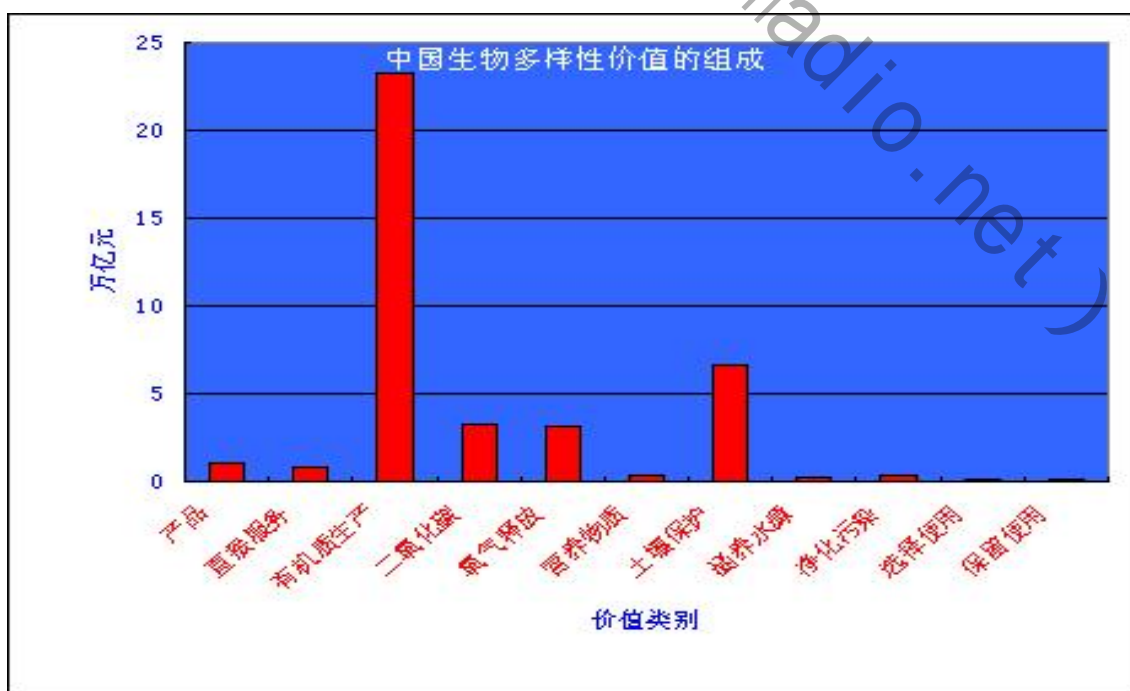


图 1

参赛队号 # 1312

表一 中国生物多样性经济价值初步评估

(单位：万亿元)

	价值类型	价值
直接使用价值	产品及加工品年净价值	1.02
	直接服务价值	0.78
	小计	1.80
间接使用价值	有机质生产价值	23.3
	CO ₂ 固定价值	3.27
	O ₂ 释放价值	3.11
	营养物质循环与贮存价值	0.32
	土壤保护价值	6.64

4.1.3 结论分析

通过上述所得的数据分析可知：中国生物多样性的价值组成较为丰富，生物多样性的经济价值巨大，为人类的生产、生活提供的良好的物质基础，构成了人类赖以生存的环境。

4.2 问题二：生物多样性的赋分标准和计算公式。

4.2.1 赋分标准

在广泛查阅相关资料及分析的基础上，根据各指标在评价中的影响力差异赋予不同分值，并确定总评分为100分，各指标的赋分及赋分标准如下：

- A 生态系统多样性（35分）；
- B 物种多样性（35分）；
- C 遗传多样性（30分）。

4.2.2 计算方法

生物多样性评估可以根据所制定的评价指标，赋分标准和计算公式，从而得出生物多样性最终的评估分值。

$$\text{生物多样性评估分值} = \sum_{i=1}^3 A_i + \sum_{i=1}^5 B_i + \sum_{i=1}^5 C_i$$

生物多样性评价可能的分值分布为2215~100，根据分数高低，将生物多样性评判为7级：生物多样性极丰富(91~100分)；生物多样性丰富(81~90分)；生物多样性较丰富(66~80分)；生物多样性一般(51~65分)；生物多样性较贫乏(41~50分)；生物多样性贫乏(31~40分)；生物多样性极贫乏(2215~30分)。

参赛队号 # 1312

4.3 问题三: 评估生态系统多样性的数学模型。

生态系统是一个复杂的大系统, 很多重要的生态学理论问题都是以生态位和生物群落概念为基础的, 生态位和生物群落及其相关概念的量化和模型化是生态系统的根本问题。下面将利用Fuzzy 数学理论给出生态位耗散结构的数学模型及群落耗散结构的数学模型, 并以此为基础研究生态系统中相关的理论。

4.3.1 生态位耗散结构的数学模型

生态位是个体维持其生育的种群, 只能在特定的条件中, 利用特定的资源, 在特定的时间出现, 这些因子的交叉情况描述了个体的生态位。

(1) 生态位的Fuzzy模型

定义 3.1 设 \wedge 是 n 维实空间 R^n 上的向量, 表示某物种生存空间的某一状态, $\wedge = (\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n)$ 分别表示生物生存和生殖的全部生态因子(生物因子和非生物因子)的坐标, 则 n 维空间的集合套 $H(\wedge)$ 就是物种 X 的生态位。

$H(\wedge)$ 是由 n 维向量组成的, 从几何意义上说就是 n 维超体积, 其内包含物种生存和生殖有关的所有生态因子, 如温度、湿度、海拔梯度、pH 值、资源、时空、竞争等。

我们知道物种的生态位是一物种实际占有生物环境和生物开拓利用环境的能力, 对每种生物而言, 每一生态因子都有一个“最佳耐受范围”, 这一概念具有模糊性。在“最佳”与“最劣”之间即有差异又共维且处于两极, 具有中介过渡性, 我们用模糊数 $\lambda_i (i=1, 2, \dots, n)$ 表示。且 λ_i 是有界闭模糊数, 它的隶属函数为

$$\lambda_i = \begin{cases} 1, & \alpha \in [m_{\lambda_i}, n_{\lambda_i}] \\ L(\alpha), & \alpha < m_{\lambda_i} \\ R(\alpha), & \alpha > n_{\lambda_i} \end{cases}$$

其中, $L(\alpha)$ 是增函数左连续且 $\lim_{\alpha \rightarrow -\infty} L(\alpha) = 0, 0 \leq L(\alpha) < 1; R(\alpha)$ 是减函数右连续且

$$\lim_{\alpha \rightarrow +\infty} R(\alpha) = 0, 0 \leq R(\alpha) < 1。$$

则 $\lambda_i = \{[m_{\lambda_i}, n_{\lambda_i}], L(\alpha), R(\alpha)\} (i=1, 2, \dots, n), \wedge \rightarrow H(\wedge) = V$ 表示物种 X 的“最适生态位”, 在这个生态位中生物种的所有物化条件都是最佳的, 物种隶属“最适生态位”的隶属函数为:

$$\mu_v(u) = \begin{cases} 0, & H^{-1}(v) \neq 0 \\ \bigvee_{i=1}^n \mu_{\lambda_i}(\mu_i), & (\mu_1, \mu_2, \dots, \mu_n) \in H^{-1}(v) \end{cases}$$

其中, $H^{-1}(V) = \{(u_1, u_2, \dots, u_n) | H(u_1, u_2, \dots, u_n) = V\}$, 更一般地给出物种 X 的最适生态位模型。

定义3.2 设 n 维生态因子 $\lambda_i (i=1, 2, \dots, n)$ 是一个模糊数, $\wedge^* = (\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n)$ 就表示生存空间的最适生态环境。则模糊集合套 $H(\wedge^*)$ 就表示 X 的最适生态位, 它是一个 n 维

参赛队号 # 1312

模糊集合,从几何上讲就是 n 维超模糊空间:

$$H(\wedge) = (H(\lambda_1), H(\lambda_2), \dots, H(\lambda_n))$$

其中, $H(\lambda_i)$ 表示第 i 个生态因子在第 i 维上的投影生态位, 特别设 λ_i 是一个特殊的模糊数, 既区间数, 记 $\lambda_i = [m_i, n_i] (i = 1, 2, \dots, n)$, 表示生态幅。根据谢尔福德的“耐受性定理”, 每一生物体对每一环境因子都有一个耐受范围, 既有一个生态上的最低点(或最低度)和一个生态上的最高点(或最高度), 此间的范围称为生态幅。则利用Fuzzy数学理论

$$\wedge^* = (\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n) = ([m_1, n_1], [m_2, n_2], \dots, [m_n, n_n])$$

是一个 n 维模糊闭区间组成的向量, 表示物种的耐受空间, 它是一个动态的开放系统。

基础生态位是一个物种能够占据的生态位空间, 是受竞争和强度的影响。若没有竞争的胁迫, 物种能够在更广的条件和范围内得到繁荣。当竞争和捕食出现时, 物种被限制在更加狭窄的生态位空间中也即实际生态位。由集合套理论: 设 ξ_1 、 ξ 和 ξ_2 分别表示相对某一生态因子的生态幅度量, 则 $H(\xi_1)$ 、 $H(\xi)$ 和 $H(\xi_2)$ 分别表示物种的理想生态位, 基础生态位和实际生态位, 当 $\xi_1 < \xi < \xi_2$ 时, 有 $H(\xi_1) \supseteq H(\xi) \supseteq H(\xi_2)$ 。上式恰好表示了物种实际生态位始终是基础生态位和理想生态位的子集, 也表明物种逐步适应环境, 缩小与外界环境的差异以及开发利用环境的能力。

(2) 生态位宽度的计算

下面我们将基于提出的生态位的数学模型, 给出生态位宽度、重叠及竞争等相关概念的数学方法。

某物种占据的生态位 $H(\wedge)$ 在每一维上都有投影 $H(\lambda_i)$, 它表示该物种在第 i 维上的投影生态位。环境的一个生态因子形成一维生态位, 二维生态位是生态环境的两种生态因子所形成的平面的一部分, n 维生态因子形成的是 n 维超体积生态位。

① 生态因子 $\lambda_i (i = 1, 2, \dots, n)$ 为区间数时

设第 i 维上生态位的宽度 $w(H(\lambda_i)) = n_{\lambda_i} - m_{\lambda_i}$, 则物种 X 占据的生态位 $H(\wedge)$ 的宽度为:

$$B(H(\wedge)) = W\{w(H(\lambda_1)), w(H(\lambda_2)), \dots, w(H(\lambda_n))\} = \sqrt{\sum_{i=1}^n (w(H(\lambda_i)))^2}$$

此计算公式充分反映了生物或生物群落对资源利用的多样化程度, 即物种对 n 个生态因子的耐受(或利用) 范围。如果实际被利用的资源只占整个资源谱的一部分, 势必某些投影 $H(\lambda_i)$ 的宽度很小或等于 0, 则 $B(H(\wedge))$ 就很小, 说明该物种具有较窄的生态位。

② 生态因子 $\lambda_i (i = 1, 2, \dots, n)$ 为广义钟形函数时

设生态位的各生态因子 λ_i 的隶属函数(MF)为广义钟形函数, 即:

$$bell(x; a, b, c) = \frac{1}{1 + \left(\frac{x-c}{a}\right)^{2*b}}$$

其中, $b > 0$, c 和 a 分别为MF的中心和宽度。此时宽度可看作区间数同①处理。

(3) 生态位重叠的数学模型

模型1 设物种 X 和 Y 的生态位分别为 $H_x(\wedge_1)$ 和 $H_y(\wedge_2)$, 则物种 X 和 Y 的重叠生态位为:

参赛队号 # 1312

$$\begin{aligned}
 H_{xy}(\wedge) &= H(\wedge_1) \cap H_y(\wedge_2) \\
 &= (H_x(\lambda_{11}), H_x(\lambda_{12}), \dots, H_x(\lambda_{1n})) \cap (H_y(\lambda_{21}), H_y(\lambda_{22}), \dots, H_y(\lambda_{2n})) \\
 &= (H_{xy}(\lambda_1), H_{xy}(\lambda_2), \dots, H_{xy}(\lambda_n))
 \end{aligned}$$

其中,

$H_{xy}(\lambda_i) = (H_x(\lambda_{1i}) \cap H_y(\lambda_{2i})) = [\max(m_{1i}, m_{2i}), \min(n_{1i}, n_{2i})]$, $\lambda_{1i} \in [m_{1i}, n_{2i}]$, $\lambda_{2i} \in [m_{2i}, n_{2i}]$
 $H_{xy}(\lambda_i)$ 表示物种 X 和物种 Y 在第 i 个生态因子 λ_i 上投影生态位 $H_x(\lambda_i)$ 和 $H_y(\lambda_i)$ 的重叠, $H_{xy}(\wedge)$ 便是由 n 维闭区间模糊向量构成的。此模型反映了两物种生态位重叠在各个生态因子上的重叠情形, 随着生态因子的变化, 各生态因子上的重叠也相应发生变化, 这种变化是动态的具有中介过渡性。

由于物种生态位具有一个非常模糊的边界, 因此生态位重叠 $H_{xy}(\wedge)$ 也是具有动态边界的, 所以这里给出的生态位和生态位重叠 Fuzzy 模型更贴近自然, 因为, 这种动态的模糊边界反映了物种利用周围环境的能力, 我们还可以把这种生态位重叠推广到多个物种的情形。

模型2 设物种 x_1, x_2, \dots, x_m 的生态位分别为 $H_{x_1}(\lambda_1), H_{x_2}(\lambda_2), \dots, H_{x_m}(\lambda_m)$, 则多物种生态位重叠为:

$$\begin{aligned}
 H_x(\wedge) &= \bigcap_{i=1}^m H_{x_i}(\wedge_i) \\
 &= \bigcap_{i=1}^m (H_{x_1}(\lambda_{i1}), H_{x_2}(\lambda_{i2}), \dots, H_{x_m}(\lambda_{im})) \\
 &= (H_x(\lambda_1), H_x(\lambda_2), \dots, H_x(\lambda_m))
 \end{aligned}$$

其中

$$\begin{aligned}
 H_x(\lambda_i) &= H_{x_i}(\lambda_{1i}) \cap H_{x_i}(\lambda_{2i}) \cap \dots \cap H_{x_i}(\lambda_{mi}) = [\bigwedge_{j=1}^m a_{ji}, \bigwedge_{j=1}^m b_{ji}], j = 1, 2, \dots, n \\
 \lambda_{ji} &= [a_{ji}, b_{ji}], i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots, n
 \end{aligned}$$

一般的生态位重叠只反映两物种间的重叠情况, 模型2可以表示多个物种在多个生态因子的重叠情形, 能较全面地反映生态系统中物种的重叠。

4.3.2 群落耗散结构的数学模型

(1) 群落的动态Fuzzy模型

群落是在相同时间聚集在同一地段上的许多物种种群的集合。 $H(\wedge^*)$ 表示生物种的模糊生态位, 由模糊数学的表现定理, 根据群落层次结构给出群落定义的模糊表示。

定义3.3 $\underset{\sim}{A} = \bigcup_{\wedge^* \in [0,1]} \wedge^* H(\wedge^*)$ 表示一个生物群落, 它是生存在特定地区或自然生境里的任何物种任意地散布在地球上。

(2) 群落层次结构

在群落的Fuzzy表示中 $\underset{\sim}{A} = \bigcup_{\wedge^* \in [0,1]} \wedge^* H(\wedge^*)$, 通过 \wedge^* 离散取值和连续取值, 从相应的

参赛队号 # 1312

生态位 $H(\wedge^*)$ 层次上可以看出以下几点:

- ① 当生态因子 \wedge^* 离散取值且离散程度很大时, 相应生态位 $H(\wedge^*)$ 的层次就越明显, 表现出清楚的不连续性, 因而导致更强烈的群落的不连续性。
- ② 当 \wedge^* 取连续值时, 生态位 $H(\wedge^*)$ 的层次相对模糊, 使得群落的生存环境界线不分明。
- ③ 群落空间结构的一个明显特点是其分层现象, 即 $\tilde{A} = \bigcup_{\wedge^* \in [0,1]} \wedge^* H(\wedge^*)$, 显然各群落的分层的程度是由生态因子 $\wedge^* = (\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n)$ 所决定的。
- ④ 群落内各个子系统(不同的 \wedge^* 层)之间的相互作用是非线性, 起着相互制约相互促进的作用。

(3) 群落的优势种

定义3.4 \tilde{A} 表示某生物群落, \tilde{A} 则的核 $\text{Ker } \tilde{A} = \{Z \mid \mu_{\tilde{A}}(Z) = 1\}$ 称为该群落 \tilde{A} 的优势种 Z 所占据的生态位 ($\text{Ker } \tilde{A} \neq \Phi$)。

若 $\text{Ker } \tilde{A} \neq \Phi$, 令 $\wedge^* \in [0,1]$ 的最大值为 $\max \wedge^*$, 则 $H(\max \wedge^*)$ 为该群落优势种的生态位。

定义3.5 模糊集 $\sup \tilde{A} = \{Z \mid \mu_{\tilde{A}}(Z) > 0\}$ 称为群落的生态位, $\sup \tilde{A} - \text{Ker } \tilde{A} = (\tilde{A})$ 称为群落 \tilde{A} 的边界。可以得出:

- ① 若 $\mu_{\tilde{A}}(Z) = 1$, 则表示生物种 Z 完全隶属于群落 \tilde{A} , 该种群 Z 便是群落 \tilde{A} 的优势种, 群落 \tilde{A} 可以用优势种 Z 命名, 种群 Z 是种群 \tilde{A} 的核心。
- ② 若 $\mu_{\tilde{A}}(Z) < 1$, 此时 ($\text{Ker } \tilde{A} = \Phi$)。按定义3.4找 $\max \wedge^*$ 使 $\mu_{\tilde{A}}(Y) = \max \wedge^*$ 成立。则 Y 就是该种群落的优势种的核心。

(4) 群落交错区

在局域和地区范围内, 当物种个体沿着环境梯度变化的时候, 群落也发生了变化, 群落交错区是两个或多个不同群落之间的过渡。设 $\tilde{A}^1, \tilde{A}^2, \dots, \tilde{A}^k$ 表示 k 个不同的群落它们交错区定义为模糊集

$$\bigcup_{i=1}^k \tilde{A}^i = \bigcap_{i=1}^k \left[\bigcup_{\wedge^* \in [0,1]} \wedge^* H(\wedge^*) \right]$$

可以看出群落的交错区是各群落的种群在各个梯度上的重叠, 沿着交错区生物群系彼此融合, 其边界是不明显和非突然中断的, 是模糊、逐渐的。

(5) 群落的分离度

定义3.6 设 \tilde{A} 和 \tilde{B} 分别表示两个群落, 称 $m(\tilde{A}, \tilde{B}) = 1 - \mu_{\tilde{A} \circ \tilde{B}}$ 为两个群落的分离度。

参赛队号 #1312

假设两群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的隶属函数满足正态分布, 即

$$\mu_{\tilde{A}}(z) = \exp\left\{-\left[\frac{z-a}{\delta_1}\right]^2\right\}, \delta_1 > 0$$

$$\mu_{\tilde{B}}(z) = \exp\left\{-\left[\frac{z-b}{\delta_2}\right]^2\right\}, \delta_2 > 0$$

其中 δ_1, δ_2 分别表示群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的分散程度, a 和 b 表示种群分布集中点。分别用统计中的均值与方差表示。

设 $a \leq b$, 可求出交点 $Z_0 = \frac{a\delta_2 + b\delta_1}{\delta_2 + \delta_1}$, 则

$$\mu_{\tilde{A} \circ \tilde{B}} = \exp\left\{-\left[\frac{Z_0 - a}{\delta_1}\right]^2\right\} = \exp\left\{-\left[\frac{a-b}{\delta_1 + \delta_2}\right]^2\right\}$$

所以两群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的分离度为 $m(\tilde{A}, \tilde{B}) = 1 - \exp\left\{-\left[\frac{a-b}{\delta_1 + \delta_2}\right]^2\right\}$ 。

讨论: 令 $1 - \exp\left\{-\left[\frac{a-b}{\delta_1 + \delta_2}\right]^2\right\} = c$,

① 当 $0 < c^* < m(\tilde{A}, \tilde{B})$ 时, 生态位 $H(c^*)$ 有重叠, 群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的种间的竞争在交错区内发生。

② 当 $m(\tilde{A}, \tilde{B}) < c^* < 1$ 时, 两群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 是分离的, 在这个梯度以上的物种间几乎没有竞争。

③ 当 $c^* = m(\tilde{A}, \tilde{B})$ 时, 则存在 Z_0 使 $\mu_{\tilde{A} \circ \tilde{B}}(Z_0) = c^*$ 的种群 Z_0 是两群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的相似种。

④ $m(\tilde{A}, \tilde{B})$ 越大, 说明重叠的生态位 $H(c^*)$ 的层次越多, 群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的交错区就越大; 反之, 越小, 则重叠的生态位 $H(c^*)$ 层次越少, 因而群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的交错区越小。

⑤ 特别地, 当 $m(\tilde{A}, \tilde{B}) = 0$ 即 $a = b$ 时, 群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的种群分布都集中于 a 点。

⑥ δ_1, δ_2 越小, 分布曲线越陡峭, 那么群落在交错区种群数目以及一些种群密度要比相邻群落大, 这种增大的密度趋势就是 \tilde{A} 和 \tilde{B} 生存环境的边缘作用。

(6) 群落的相似度

定义3.7 如果设 \tilde{A} 和 \tilde{B} 分别表示两个群落, 那么就称 $T(\tilde{A}, \tilde{B}) = (\tilde{A} \otimes \tilde{B}) \wedge (\tilde{A} \circ \tilde{B})$ 为群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的相似度。

其中, $\tilde{A} \circ \tilde{B} = \mu_{\tilde{A} \circ \tilde{B}} = \vee [\mu_{\tilde{A}}(z) \wedge \mu_{\tilde{B}}(z)]$, 称为内积, 表示种群 Z 隶属于交错区的程度。

$\tilde{A} \otimes \tilde{B} = \mu_{\tilde{A} \otimes \tilde{B}} = \vee [\mu_{\tilde{A}}(z) \wedge \mu_{\tilde{B}}(z)]$, 称为外积, 表示种群 Z 属于交错区以外的程度。

参赛队号 # 1312

显然, 当内积越大同时外积越小时, 群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的交错区就越大, 并且散布在交错区以外的区域越小, 从而群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 就越相似。

上列中 $\tilde{A}^c \tilde{B}^c = \bigvee_z [1 - \mu_{\tilde{A}}(z) \wedge 1 - \mu_{\tilde{B}}(z)]$ 。

所以, 群落的分离度与群落的相似度满足下列关系: $m(\tilde{A}, \tilde{B}) = 1 - T(\tilde{A}, \tilde{B})$

因此, $T(\tilde{A}, \tilde{B}) = \exp\{-[\frac{a-b}{\delta_1 + \delta_2}]^2\}$ 表示群落 \tilde{A} 和 \tilde{B} 的相似程度。

例如: 我们考虑下面几种春小麦品种的测量值, 讨论生态位、生态位宽度、群落相似度、群落交错区以及群落的分离度等。

有关实验采用了定时定位的观察方法, 作物的每个物候期观测一次, 如表1所示。

表二^[2] 调控试验结果的标准化值

区号	春小麦品种	试验条件	x_1	x_2	x_3	x_4	x_5	x_6
1	和尚头	空白	1. 1696	1. 2456	1. 0329	1. 0785	0. 6380	0. 8354
2	和尚头	低肥	1. 1277	1. 2145	1. 0554	1. 0410	0. 7373	0. 8241
3	和尚头	中肥	1. 0700	1. 1512	0. 9887	1. 0239	0. 8668	0. 8939
4	和尚头	高肥	1. 3043	1. 0839	0. 9832	1. 0336	0. 9202	0. 9958
5	定西24号	空白	1. 2251	1. 3370	0. 9130	0. 8478	0. 7147	0. 8804
6	定西24号	低肥	1. 2251	1. 3037	0. 9110	0. 8325	0. 8168	0. 9110
7	定西24号	中肥	1. 0909	1. 1864	0. 8729	0. 8318	0. 9682	1. 0500
8	定西24号	高肥	1. 1206	1. 1915	0. 9220	0. 8653	0. 9220	0. 9787
9	陕西-8139	空白	1. 3612	1. 4329	0. 8060	0. 7146	0. 7881	0. 8955
10	陕西-8139	低肥	1. 3200	1. 4057	0. 7371	0. 7029	1. 0909	0. 9600
11	陕西-8139	中肥	1. 2254	1. 3207	0. 6849	0. 7337	0. 9946	1. 0109
12	陕西-8139	高肥	1. 2066	1. 2562	0. 6942	0. 6777	0. 8743	1. 0744
最适值			1. 0189	1. 0868	0. 9962	1. 0189	0. 9057	0. 9736

x_1 为地下0~30土层的平均温度指标; x_2 为地上0~50的平均温度指标; x_3 为地下0~30土层的平均含水率指标; x_4 为地下30~60土层的含水率指标; x_5 为土壤中速效氮含量

参赛队号 # 1312

指标： x_6 为土壤中速效磷含量指标。

以上各指标均为无量纲变量, 即用实际观测值与观测的最大值之比表示。

① 取春小麦品种和尚头空白、低肥、中肥在某一维上的相对隶属函数(Guass 型)分别为 $\mu_k(x_1)$ 、 $\mu_d(x_1)$ 、 $\mu_z(x_1)$, 则

$$\mu_k(x_1) = \exp\left[-\frac{(x-1.1696)^2}{0.1507^2}\right]$$

$$\mu_d(x_1) = \exp\left[-\frac{(x-1.1277)^2}{0.1088^2}\right]$$

$$\mu_z(x_1) = \exp\left[-\frac{(x-1.0700)^2}{0.0511^2}\right]$$

因此, 它们之间的分离度分别为:

$$m(K, D) = 1 - e^{-0.027}$$

$$m(K, Z) = 1 - e^{-0.2436}$$

$$m(D, Z) = 1 - e^{-0.1302}$$

同法, 可以计算其他品种在不同的条件下某一维上的分离度和相似度。

② 生态位宽度见表2。

表二^[2] 生态位宽度

区号	春小麦品种	实验条件生态位宽度	实验条件生态位宽度
1	和尚头	空白	0.14359
2	和尚头	低肥	0.082847
3	和尚头	中肥	0.014705
4	和尚头	高肥	0.08255
5	定西24号	空白	0.186483
6	定西24号	低肥	0.14339
7	定西24号	中肥	0.075106
8	定西24号	高肥	0.050695
9	陕西-8139	空白	0.385658
10	陕西-8139	低肥	0.393831
11	陕西-8139	中肥	0.284893
12	陕西-8139	高肥	0.282696

4.4 问题四：寻找评估物种多样性的各种指标。

物种多样性是地球上现有生物有机体种的复杂多样性, 属于群落组织水平的特征, 包括群落中的物种数、总个体数、物种的多度和均匀度等, 因此下面讨论的计算方法中将结合物种相对多度指数、均匀度、物种丰富度、生态优势度、熵等指标对物种多样性进行评估。

参赛队号 # 1312

4.4.1 物种相对多度指数

物种相对多度分布模型对群落的多样性数据进行了很好的描述。当观察到的数据较好地服从某一理论分布时，则拟合分布的参数可以作为一个多样性指标来描述群落的多样化程度。例如，当群落的物种多度服从对数级数时，它有 2 个参数 a 和 x 。其中 x 是样本大小的函数，而另一个参数 a 下受样本大小的影响，反映了群落的固有特性。因此 Williams 将其定义为多样性指标，然而，通过理论分布的参数去测度群落物种多样性的方法有很大的局限性，首先，某些理论分布的参数与样本大小有关，不适于作为多样性指数；第二，很多观察数据不能较好地被任何一种理论分布拟合；第三，某些群落在进行多样性测度时尚不清楚其物种多度分布格局。因此，人们希望找到与物种多度分布格局独立的多样性测度方法，于是就产生了众多的物种多样性指数，下面仅对应用较为广泛的几类予以介绍。

(1) 多样性的概率度量

① Simpson 指数

Simpson 指数又称为优势度指数，是对多样性的反面即集中性的度量。假设从包含 N 个个体的 S 个种的集合中（其中属于第 i 种的有 N_i 个个体 $i=1,2,\dots,S$ ；并且 $\sum N_i = N$ ）随机抽取 2 个个体并且不再放回。如果这两个个体属于同一物种的概率大，则说明其集中性高，即多样性程度低。其概率可表示为

$$\lambda = \sum [N_i(N_i - 1) / N(N - 1)] \quad \text{式 1}$$

式中 N_i / N 为第 i 物种第一次被抽中的概率；

$(N_i - 1) / (N - 1)$ 为第 i 物种第二次被抽中的概率。

显然， λ 是集中性的测度，而非多样性的测度。为了克服由此带来的不便，可用

$$D = 1 - \sum [N_i(N_i - 1) / N(N - 1)] \quad \text{式 2}$$

作为多样性测度指标。

当把集合当作一个完全总体时，由式：得出 λ 是集合多样性的无偏估计量，没有抽样误差，而当两个个体从无限大的群落随机抽取时，式 1 则变成：

$$\lambda = \sum (N_i / N)^2 = \sum p_i^2 \quad (p_i = N_i / N) \quad \text{式 3}$$

相应地

$$D = 1 - \sum p_i^2 \quad \text{式 4}$$

显然 λ 和 D 是有偏的估计量。式 4 称为 Gini 指数。

② 种间相遇机率 (PIE)

Hurlbert 在 1971 年提出了种间相遇机率 (Probability of Interspecific Encounter, PIE) [3] 的概念及其表达式：

$$PIE = \sum [(N_i / N)(N - N_i) / (N - 1)] \quad (i = 1, 2, \dots) \quad \text{式 5}$$

该指数表示不同物种的个体在随机活动情况下相遇的概率。可以证明 $PIE = D$ 。

参赛队号 # 1312

$$\begin{aligned}
 \text{因为 } PIE &= \sum [(N_i / N)(N - N_i) / (N - 1)] \\
 &= (N \sum N_i - \sum N_i^2) / N(N - 1) \\
 &= (N^2 - \sum N_i^2) / (N(N - 1)) \\
 &= [N(N - 1) - (\sum N_i^2 - N)] / N(N - 1) \\
 &= 1 - (\sum N_i^2 - N_i) / N(N - 1) \\
 &= 1 - \sum N_i(N_i - 1) / (N - 1)
 \end{aligned}$$

所以 $PIE = D$

③ 多样性的奇测法

应用统计奇数概念，在Simpson指数的基础上提出了多样性奇数法其通式为：

$$N_\alpha = (\sum P_i^\alpha)^{1/(1-\alpha)} - 1 \quad \text{式 6}$$

当 α 取值 2, $+\infty$ 和 $-\infty$ 时，得：

$$N_2 = (\sum P_i^2)^{-1} - 1 \quad \text{式 7}$$

$$N_\infty = P_{\max}^{-1} - 1 \quad \text{式 8}$$

$$N_{-\infty} = P_{\min}^{-1} - 1 \quad \text{式 9 式 7 到}$$

式 9 的意义如下：

根据统计奇数的定义，一个概率为 P 的随机事件，其统计奇数 (0) 为 $0 = P/(1-P)$ 。如果一个随机事件的概率为 $1-P$ ，则其统计奇数为

$$\begin{aligned}
 0' &= (1-P)/[1-(1-P)] \\
 &= (1-P)P \\
 &= P^{-1} - 1
 \end{aligned} \quad \text{式 10}$$

比较式 10 和式 4，得

$$OD = (\sum P_i^2)^{-1} - 1$$

即式 7。 OD 即自样本中随机抽取的 2 个个体属于不同物种的统计奇数，称为多样性的奇数测度。

(2) 多样性的信息度量

① Shannon — Wiener 指数

假设可以把一个个体无限的总体分成 S 类，即 A_1, A_2, \dots, A_s ，每个个体属于且仅属于其中一类。随机抽取一个个体属于 $A_i (i=1, 2, \dots, S)$ 类的概率为 P_i ，因此有 $\sum P_i = 1$ 。我们希望找出 P_i 的一个函数比如 $H'(P_1, P_2, \dots, P_s)$ 作为总体（例如群落）多样性的一个度量，并且它满足下述条件：

第一，对于给定的 S ，当 $P_i = 1/S$ 时，有最大值，用 $L|(S)$ 代表，于是

$$L(S) = H'(1/S, 2/S, \dots, 1/S) \quad \text{式 11}$$

第二，如果假定还有下含个体的 $S+1$ 类、 $S+2$ 类 \dots ，这将不影响总体的多样性指数的大小，即

$$H'(P_1, P_2, \dots, P_i, 0, \dots, 0) = H'(P_1, P_2, \dots, P_i) \quad \text{式 12}$$

参赛队号 # 1312

第三, 假设总体经受另一个分类过程(B), 当其分类是独立的情况下, 则

$$H'(AB) = H'(A) + H'(B) \quad \text{式 13}$$

当B分类在A分类内部进行时, 则有

$$H'(AB) = H'(A) + H'_A(B) \quad \text{式 14}$$

可以证明, 满足上述3条性质的唯一函数是:

$$H'(P_1, P_2, \dots, P_s) = -C \sum P_i \log P_i \quad \text{式 15}$$

式中: P_i 是一个个体属于第 i 类的概率, C 是常数, 一般置 $C = 1$ 式28 假定个体是取自一个无限大的总体, 若对有限的总体样本而言, 只的真值未知, 要用 N_i/N 作为有偏估计值。

于是式 15应为:

$$H' = -\sum P_i \log P_i - \frac{S-1}{N} + \frac{1 - \sum P_i^{-1}}{12N^2} + \frac{(P_i^{-1} - P_i^{-2})}{12N^3} \quad \text{式 16}$$

事实上式 16中等式右端除第一项外, 其它各项是非常小的。实际工作中可忽略不计, 可以近似地表示为:

$$H' = -\sum P_i \log P_i \quad \text{式 17}$$

如果从群落中随机地抽取一个个体, 它将属于哪个种是不定的, 而且物种数目越多, 其不定性也越大。因此, 有理由将多样性等同于不定性, 并且两者用同一度量。

式28满足的3个条件在生态学上的意义可以理解为: 第一条保证了对种数一定的总体, 各种间数量分布均匀时, 多样性最高; 第二条表明, 两个物种个体数量分布均匀的总体, 物种数目越多, 多样性越高; 第三条表明多样性可以分离成几个不同的组成部分, 即多样性具有可加性, 从而为生物群落等级特征引起的多样性的测度提供了可能。

式 15中的log可以选用2、 e 和10为底。由此导致 H' 单位的变化, 分别为bit, nat 和decit。目前, 生态学上所用的单位及其名称都未标准化, 但存在着用nat的趋向。Shannon-Wiener多样性指数一般在1.5至3.5之间很少超过4.5。

H' 的方差可以由下式计算:

$$\text{Var}H' = [\sum P(\ln P_i)^2 - (\sum P_i \ln P_i)^2] / N + (S-1) / 2N_2 \quad \text{式 18}$$

据此, 可用t值比较样本方间差异的方法。

$$t = (H'_1 - H'_2) / (\text{Var}H'_1 + \text{Var}H'_2)^{1/2} \quad \text{式 19}$$

自由度由下式求得:

$$df = (\text{Var}H'_1 + \text{Var}H'_2) 2 / [(\text{Var}H'_1)^2 / N_1 + \text{Var}H'_2)^2 / N_2] \quad \text{式 20}$$

式中: $\text{Var}H'_1$ 、 $\text{Var}H'_2$ 分别为第1和第2个样方多样性指数(H'_i)的方差, N_1 和 N_2 分别为样方1和样方2的个体总数。

② Brillouin 指数 (HB)

Shannon-Wiener指数的基本假设是个体随机地取自一个无限的总体, 当不能保证随机抽样如灯光诱捕或总体是有限的, 如一个可普查的群落情况下, 则应按照下式计算总体的多样性:

$$H = (1/H) \log[N! / (N_1! N_2! \dots N_i!)] \quad \text{式 21}$$

此式即Brillouin多样性指数式中 N 是群落中的个体总数: $N_i (i = 1, 2, \dots, S)$ 为第 i 物

参赛队号 # 1312

种的个体数。用此函数来测度生态多样性。

注意 H' 为Shannon-Wiener指数, H 为Brillouin指数。二者的关系可作如下理解:

第一, 随 $\min(N_i) \rightarrow \infty$ 有 $H \rightarrow H'$ 即

$$\lim_{\min(N_i) \rightarrow \infty} H = H' \quad \text{式 22}$$

第二, 对普查群落与抽样群落用不同的多样性公式, 强调了它们之间不容忽视的差别。 H 是确定的, 不是估计的, 理论上不存在误差; H' 总是通过样本对总体的估计, 总带有抽样误差。而且, H' 的一个特定数值估计总要伴随其抽样方差 (或标准差) 的一个估计。

第三, H 和 H' 一般是相关的, 具相近的数值。但同时用 H 和 H' 测度一组特定数据的多样性时, H' 往往大于 H 这是因为Brillouin公式 (H) 不考虑不确定性是对可普查的有限总体而言。而Shannon-Wiener公式 H' 则与此相反, 既要估计总体抽样的部分, 也要估计总体未抽样部分的多样性。

第四, 在物种数目及其相对多度保持下变的情况下, H' 的值下变, 而 H 并非如此。

③ 等级多样性 (Hierarchical diversity)

生命系统是一个复杂的等级系统, 在群落水平上这种等级属性表现的尤为明显, 因为群落是由处于不同分类等级上的相互作用的生物体构成的集合。在考察或比较群落的多样性时, 生物的等级属性是应该考虑的。

假设我们比较两个群落, 并且两者物种数目和各物种相对多度相同, 则不管用哪一种多样性指数测度, 都不能比较出两个群落的差别, 但是, 如果一个群落中所有种都属于同一个属, 而另一个群落中每个种都属于不同的属, 很显然, 后者的多样性程度要高于前者, 若从遗传多样性角度考虑更是如此。

可用信息多样性指数测度等级多样性的方法, 显然式 15 满足的三个条件中的第三条为等级多样性的测度提供了可能。

考虑一个全面普查的群落, 其个体成员已分类成属和种。令个体分类成属为 G 分类并假设共有 g 个属第 i 属中个体数为 $N_i (i=1, 2, \dots, g; \sum N_i = N)$, 个体按种的分类称为 S 分类并假定在第 j 属中有 S_i 个种在第 i 属的第 j 种中有 N_{ij} 个个体。

($j=1, 2, \dots, S_i; \sum N_{ij} = N_i$) 令

$H(G)$ 为群落的属多样性;

$H(GS)$ 为群落的种多样性即总体多样性;

$H_i(S)$ 为第 i 属内的种多样性; 并且

$$Hg(S) = \sum (N_i / N) H_i(S) \quad \text{式 23}$$

表示在所有 g 个属中, 种多样性的加权平均。显然, 由式 26 知

$$H(GS) = H(G) + Hg(S) \quad \text{式 24}$$

同样, 对于测量大群落多样性的Shannon-Wiener指数 H' 来说有

$$H'(GS) = H'(G) + Hg(S) \quad \text{式 25}$$

对于科、属和种三个等级的多样性, 有

$$H'(SGF) = H'(F) + H'_F(G) + H'_{GF}(S) \quad \text{式 26}$$

(3) 多样性的几何度量

参赛队号 # 1312

任何群落的一个样方都可以视为 S 维空间的一点其点的位置可由下式确定

$$U = (\sum N_i^2)^{1/2} \quad \text{式 27}$$

此式之值可作为某样方至没有任何个体的裸地的距离，即该点到 S 维空间坐标原点的距离。 U 依赖于样方中的个体总数及其在种间的分布。当 N 一定时 ($\sum N_i$)，种数越多， U 将越小，因此 U 是群落一致性的量度。当群落只含一个种时，达到最大值，即

$$U_{\max} = N \quad \text{式 28}$$

当每个个体都属于不同种时达到最小即

$$U_{\min} = N^{1/2} \quad \text{式 29}$$

因为多样性是一致性之补，所以将 $N - U$ 作为多样性的绝对度量，很显然，最大绝对多样性为 $N - N_1$ ，最小绝对多样性为 $N - N = 0$ 。当 S 和 N 一定时，群落的最大多样性为 $N - N/S^{1/2}$ ；群落的最小多样性 $N - [(N - S + 1)^2 + S - 1]^{1/2}$ 。

为了比较方便，一般以观察的多样性占最大绝对多样性的比例作为McIntosh多样性指数 (D) 其独立于 N ，且 $0 \leq D \leq 1$ 。

$$D = (N - U)/(N - N^{1/2}) \quad \text{式 30}$$

当 S 和 N 一定时，群落的最大和最小多样性指数分别为

$$D_{\max} = (N - U)/(N - N/S^{1/2}) \quad \text{式 31}$$

$$D_{\min} = (N - U)/\{N - [(N - S + 1)^2 + (S - 1)]^{1/2}\} \quad \text{式 32}$$

实际工作中式43比较常用式44和式45由于自然界中几乎不存在这种极端情况而很少使用，只具有一定的理论意义。

4.4.2 物种均匀度指数

无论怎样定义多样性指数，它都是把物种丰富度与均匀度结合起来的一个单一的统计量。多样性信息度量，概率度量还是几何度量都是以不同的方式表达物种丰富度与均匀度的结合。因此，均匀度Evenness 是群落多样性研究中十分重要的概念。

均匀度可以定义为群落中不同物种的多度（生物量、盖度或其它指标）分布的均匀程度。以下介绍几种评估物种均匀度指数的方法。

(1) Pielou 的均匀度指数

Pielou把均匀度 (J) 定义为群落的实测多样性 (H') 与最大多样性 (H'_{\max} ，即在给定物种数 S 下的完全均匀群落的多样性) 之比率。以Shannon-Wiener 指数为例，Pielou的均匀度指数 (J_{sw}) 为：

$$J = H' / H'_{\max} \quad \text{式 33}$$

$$J_{sw} = (-\sum p_i \log p_i) / \log s \quad \text{式 34}$$

因为 $H'_{\max} = -\sum (1/s) \log(1/s)$

$$= -1 \times (\log 1 - \log s)$$

$$= \log s$$

相应地，用Gini指数计算的均匀度指数为：

$$\begin{aligned} J_{gi} &= (1 - \sum p_i^2) / [1 - \sum (1/s)] \\ &= (1 - \sum p_i^2) / (1 - 1/s) \end{aligned} \quad \text{式 35}$$

参赛队号 # 1312

以McIntosh 指数计算的均匀度指数即式 30。

(2) Sheldon均匀度指数^[4]

$$E_s = \exp(-\sum P_i \ln P_i) / S \quad \text{式 36}$$

(3) Alatalo 均匀度指数 $F_{2,1}$

上述 2 个均匀度指数的分母中都包含物种丰富度指数(S), 由于(S)直接受到样本大小的影响, 因此上述 2 个指数同样受到样本大小的强烈影响, 鉴于此, 提出了对样本大小下敏感的均匀度指数

$$E_a = [(\sum p_i^2)^{-1}] / [\exp(-\sum p_i \log p_i) - 1] \quad \text{式 37}$$

该指数是在Hill的均匀度指数($E_{2,1}$), 即 $E_{2,1} = (1/\lambda) / \exp(H')$ 基础上, 对分子和分母分别减去1得到的, 又称其为 $F_{2,1}$ 。

(4) Molinari 均匀度指数($G_{2,1}$)

Molinari用一组均匀度递增的样本检验了包括Alatalo 均匀度指数在内的若干种均匀度指数, Alatalo均匀度指数和Pielou的J指数都存在下列两点不足: ①对均匀度低的样本估计过高; ②其变化是非线性的(均匀度低时增加很快, 尔后变化缓慢)。为了克服这两点不足, Molinari提出了标准化的均匀度指数($G_{2,1}$) 其表达式为:

$$G_{2,1} = (\arcsin F_{2,1} / 90) F_{2,1}^6 \quad \text{当 } F_{2,1} > 1/2 \text{ 时:}$$

$$G_{2,1} = F_{2,1}^3 \quad \text{当 } F_{2,1} > 1/2 \text{ 时:}$$

(5) Hurlber均匀度指数

Hurlbert不仅考虑到多样性的最大值(完全均匀群落的多样性), 而且也考虑了多样性的最小值[群落中一个种有 $(N-3+1)$ 个个体, 其余的 $(S-1)$ 个种都仅有一个个体时的多样性], 其公式为。

$$\Sigma_{hu} = (\Delta - \Delta_{\min}) / (\Delta_{\max} - \Delta_{\min}) \quad \text{式 38}$$

式中: Δ 为实测多样性

Δ_{\max} 和 Δ_{\min} 分别为最大和最小多样性值。

4.4.3 物种丰富度指数

物种丰富度即物种的数目, 是最简单、最古老的物种多样性测度方法。直至目前, 仍有许多生态学家, 特别是植物生态学家使用。如果研究地区或样地面积在时间和空间上是确定的或可控制的, 则物种丰富度会提供很有用的信息。否则, 物种丰富度几乎是没有什么意义的。因为物种丰富度与样方大小有关, 换言之, 二者不独立, 但二者之间又没有确定的函数关系。

为了解决这个问题, 一般采用两种方式: 第一, 用单位面积的物种数目即物种密度来测度物种的丰富程度。这种方法多用于植物多样性研究, 一般用每平方米的物种数目表示; 第二, 用一定数量的个体或生物量中的物种数目, 即数量丰度。这种方法多用于水域物种多样性研究, 如1000条鱼中的物种数目。

实践中, 样方大小往往是不同的, 即可能是1000个个体, 500个个体, 也可能是100个个体。此时, 物种丰富度的计算就出现了问题。因为样方的大小对物种丰富度有很大

参赛队号 # 1312

的影响。据此，Sanders在研究海洋底栖生物多样性时提出了稀疏标准化方法。该方法又由Hurlbert予以改进，其形式如下：

$$E(s) = \sum \{1 - [(N - N_i)! / n!(N - N_i - n)!] / [N! / n_i(N - n)!]\} \quad \text{式 39}$$

式中： $E(s)$ 为稀疏标准化样方物种数目的预期值：

n 为稀疏标准化的样方大小：

N 为拟稀疏标准化的样方中记录的个体总数：

N_i 为拟稀疏标准化的样方中第 i 物种的个体数目。

这种方法虽然提高了不同大小的样方间物种丰富度的可比性，但也存在两点不足：①由于利用期望值进行计算，损失大量的信息；②计算复杂，涉及多次阶乘运算。因此，在可能的情况下尽量采用同样大小的样方，以提高比较的精度。

物种丰富度除用一定大小的样方内物种的数目表示外，还可以用物种数目与样方大小或个体总数的不同数学关系（ d ）来测度。 d 是物种数目随样方增大而增大的速率。已有多数此等指数提出，其中比较重要的有：

$$d_{GL} = S / \ln A \quad (\text{Gleason, 1922}) \quad \text{式 40}$$

$$d_{Ma} = (S - 1) / \ln N \quad (\text{Margalef, 1958}) \quad \text{式 41}$$

$$d_{Me} = S / N^{1/N} \quad (\text{Menhinick, 1964}) \quad \text{式 42}$$

$$d_{Mo} = S / N \quad (\text{Monk, 1996}) \quad \text{式 43}$$

式中：

S 为物种数目；

N 为所有物种的个体数目

A 为样方面积

物种丰富度是物种多样性测度中较为简单且生物学意义明显的指数，实践中，关键的环节是样方大小的控制。目前已有很多成功的应用实例。

4.4.4 物种生态优势度指数

生态优势度指数反映的是各物种种群数量的变化情况。生态优势度指数越大，说明群落内物种数量分布越不均匀，优势种的地位越突出。此指数可用以下公式来计算：

$$D = \sum P_i^2 \quad \text{式 44}$$

式中， $p_i = N_i / N$ （整个生态系统总体中第 i 种个体的比例）。

4.4.5 熵

熵是热力学的一个重要组成部分，它是热量传递过程中的能量的度量。而生态系统是开放系统，也是典型的热力学系统，因此，可以用熵值作为生态系统生物多样性评价指标，主要有信息熵、概测度熵、统计力学熵以及用热力学几率作为生物多样性评价指标。

（1）**热力学几率** 假设一个宏观态 $\{N_i\}$ （ N_i 表示 N_i 个粒子）所对应的所有可能微观态数 $W_{\{N_i\}}$ 。

$$\left(W_{\{N_i\}} = N! \prod_{i=1} \frac{G_i^{N_i}}{N_i!} \right)$$

即为该宏观态的热力学几率。

在同一个宏观条件下，系统所有可能的微观状态总数为：

参赛队号 # 1312

$$W = \sum W_{\{N_i\}}$$

那么, 系统物种总数可用 $W_{\{N_i\}} = \sum W_{\{N_i\}}$ 来计算

4.5 问题五：确立评估遗传多样性的计算公式。

4.5.1 遗传多样性指标的计算

遗传多样性可以表现在多个层次上, 如分子、细胞、个体等。在自然界中, 对于绝大多数有性生殖的物种而言, 种群内的个体之间往往没有完全一致的基因型, 而种群就是由这些具有不同遗传结构的多个个体组成的。

传统上, 种群的遗传多样性可通过多种指标来衡量, 如整体杂合度、多态位点的比例和各位点的平均等位基因数等。在数据的分析中常用两类多样性指标, 一是基于等位基因数 (的基因丰富度, 又称为等位基因多样性, 或各位点的平均等位基因数; 二是基于等位基因频率分布的杂合度分析, 包括表观杂合度和期望杂合度; 或称基因多样性。在实际研究中, 基因丰富度可通过以下三种方式进行估计: (1) 直接计数各位点等位基因的数目; (2) 计算各种群的平均等位基因数 (考虑所有位点的平均等位基因数); (3) 通过稀疏法或多次随机取样来对基因丰富度进行标准化校正。

各遗传多样性的计算公式如下

平均等位基因数/ 位点 (MNA):

$$\bar{A} = \sum_{j=1}^r A_j / r \quad \text{公式 (1)}$$

这里 A_j 是在位点 j 的等位基因数, r 是位点数 (下同)。

每位点的无偏基因多样性:

$$\hat{h} = \frac{2n(1 - \sum \hat{x}_i^2)}{(2n-1)} \quad \text{公式 (2)}$$

这里 \hat{x}_i 为各等位基因频率的估计值, n 是样本量。

平均基因多样性:

$$\hat{H} = \sum_{j=1}^r \hat{h}_j / r \quad \text{公式 (3)}$$

平均表观杂合度:

$$\bar{h}_{abc} = \sum_{j=1}^r h_{abc} / r \quad \text{公式 (4)}$$

参赛队号 # 1312

五、 模型的评价与改进

5.1 模型的评价

针对全球生物多样性受到严重威胁的现实, 基于遗传多样性、物种多样性和生态系统多样性三个层次水平, 我们初步提出了一套评价生物多样性的指标体系、评价方法和评价标准, 为设计一个全面而有效的评价生物多样性的指标和以利于今后考察和科研工作地开展提供了合理的开发及有效管理的依据。

为了使问题便于分析, 我们在生物多样性模型处理过程中忽略了一些客观性因素, 生物多样性模型的假设也是在相对理想化的条件下建立的, 这使得我们建立的模型与现实可能有一定差距。由于数据的不足导致了部分模型的建立无法进一步深入, 不能更好地评价生物多样性。

5.2 模型的改进

在遗传多样性模型中, 通过查阅相关资料得知: 对中国的某一昆虫在各地地理种群的遗传多样性数据的分析, 我们发现: 样本大小与所检测出的微卫星DNA位点的等位基因数及整体基因丰富度均呈正相关, 而与表观杂合度无显著相关, 与期望杂合度不相关。因此, 在进行遗传多样性分析时要充分考虑样本量对遗传多样性度量指标等位基因的数目、平均等位基因数目(MNA)的影响。微卫星位点的等位基因数一般较多, 且含有大量的稀有基因。因而, 对于基于等位基因数的基因丰富度等指标而言, 检测的样本量越大, 其稀有基因被检出的概率就越大。

事实上, 缘于许多因素, 往往不会很大, 尤其是在保护遗传学研究中, 现实中存在的个体数已经很少, 因而, 取样数量受很大限制, 这时在进行基因丰富度研究时, 我们就要采取另外一种策略, 即对样本进行等量随机抽样, 获得种群基因丰富度的相对校正值。

在研究种群遗传学时, 我们用内氏基因多样性来作为衡量基因多样性的指标, 然而内氏基因多样性类似于生态学领域的辛普森指数强调的等位基因频率, 并非个数的差异, 导致受样本大小(种群大小)影响较小, 因此, 可以在尽量不加大种群的实际采集量的情况下, 可采用内氏基因多样性来提高对遗传多样性测度。

六、 参考文献

- [1] 张金屯, 《数量生态学》, 北京: 科学出版社, 2004 年。
- [2] 李文龙, 李自珍, 作物生态位构建的模型及其进化惯量与动量的试验研究[J], 地球科学进展, 200217 (3): 44~451
- [3] Hurlbert S H , The non-concept of species diversity, A critique and alternative parameters Ecology, 52: 577-586, 1971。
- [4] Sheldon A L, Equitability indices dependence , species count Ecology, 50:466-467, 1969。