

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：1401

参赛队员（签名）：

队员 1：廖文夫

队员 2：何成海

队员 3：田雪颖

参赛队教练员（签名）：

参赛队伍组别：大学组

第四届“互动出版杯”数学中国

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）：1401

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）：

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 生物多样性评估指标体系

关 键 字 层次分析法、基因多样性模型、物种多样性模型、生态系统多样性模型、多样性测度方法、改进的多样性测度方法、非线性加权综合法

摘 要：

当前，生物多样性研究深受全球重视，但对生物多样性评估方面的研究工作多集中于物种水平，而对生态系统和基因水平的研究较少。实践证明，保护生态系统多样性、基因多样性与保护物种多样性同样重要。因现在仍缺乏一种能全面考虑不同因素对生物多样性进行评估的方法，本文综合层次分析法并从基因、物种、生态系统多样性三方面建立数学模型设立指标对这一问题进行全面有效的评价。

首先，本文利用层次分析法将生物多样性评估指标作为一个系统，分为基因多样性、物种多样性、生态系统多样性三部分，通过定性指标模糊量算法计算这三部分各相对于生物多样性所占的权重。

其次，本文分别从基因、物种、生态系统多样性三方面建立数学模型对生物多样性展开具体评估。在基因多样性中，采用随机抽样方案建立数学模型。首先利用样方法和标记法采集 DNA 数据（我们打破物种的界限将所有的物种看做一个整体在抽取基因样本时把所有生物当做一个整体进行抽样，然后将得到的样本进行提取基因操作），然后统计分析获得基因多样性标准指标 I_{gs} ；在物种多样性中我们采用多样性测度方法算出物

种丰富度指数、Shannon-Wiener 指数 (H') 和 Simpson 指数 (D)，得到物种多样性标准指；在生态系统多样性中，我们改进多样性测度方法，建立正六边形模型，我们称之此算法为环绕差异法，得到生态系统多样性指标。

最后，我们利用非线性加权综合法建立综合指标模型。利用权重 w_1, w_2, w_3 和

I_{gs}, I_{ss}, I_{cs} 通过公式 $y = \prod_{j=1}^n x_j^{w_j}$ 建立综合指标模型，对生物多样性进行全面高效的评估。

参赛队号 1401

所选题目 B

参赛密码 _____
(由组委会填写)

英文摘要（选填）

Currently, biodiversity is paid attention to by the globe people, but biodiversity assessment research work mainly focused on the species level [1], while the level of ecosystems and genetic research less. Practice has proved, protect the ecosystem diversity, genetic diversity and protected species diversity are equally important. For now is still lacks a comprehensive consideration of different factors to evaluate biological diversity, the method of analytical hierarchy process and this article comprehensively from genes, species, and ecosystem diversity three aspects of mathematical model set up index the overall effective evaluation.

Firstly, the paper by ahp evaluation index of biological diversity as a system, divided into genetic diversity, species diversity, ecosystem diversity three parts, through qualitative indexes fuzzy arithmetic calculate the three parts of relative to the weight of biological diversity w_1, w_2, w_3 .

Secondly, this paper respectively from the genes, species diversity, ecosystem mathematical model three aspects of biodiversity launch concrete assessment. In genetic diversity, by random sampling plan established the mathematical model. First with the sample method and notation acquisition DNA data, then statistical analysis get genetic diversity standard index. In the species diversity, we adopt diversity measure calculate species richness index、Shannon-Wiener index() and Simpson index, so we can get the species diversity standard means. In the ecosystem diversity, we improve diversity measure [4], we establish hexagonal model, we call this algorithm of around difference method. So we can get ecosystem diversity standard means.

Finally, we use nonlinear weighted synthesis establishing comprehensive index model. We use the weight w_1, w_2, w_3 , I_{gs}, I_{ss}, I_{cs} , and the formula establish comprehensive index model, so we take the comprehensive efficiency evaluation of the biodiversity.

1. 问题重述

生物多样性是人类社会赖以生存和发展的物质基础，划分为基因多样性、物种多样性、生态系统多样性。



Figure 1-1 生物多样性

应该说，生物多样性是活有机体的基本特征之一，它表现在生命各个组织水平，从基因、分子到生态系统。但基于目前尚无系统研究方法的现状，使生物多样性没有办法得到全面有效的评估。要求建立合理的数学模型，设计一个全面而有效的评价生物多样性的指标，以利于今后考察和科研工作的开展。具体要解决的问题如下：

1) 利用层次分析法，将生物多样性分为基因、物种、生态系统多样性三部分进行研究，通过定性指标模糊量算法计算这三部分各相对于生物多样性所占的权重 w_1, w_2, w_3 。

2) 分别建立基因多样性、物种多样性、生态系统多样性模型，各自求出评定生物多样性的标准指标。

3) 建立综合指标模型。利用问题 1 中得到的权重和问题 2 中得到标准指标，通过非线性加权综合公式：

$$y = \prod_{j=1}^n x_j^{w_j}$$

得到综合指标模型。

2. 模型假设

- 1) 假设目标调查区域是连续完整的。
- 2) 假设专家评分法中，专家评价是公正无偏见的。
- 3) 假设调查区域样方大小为 1000 平方公里。
- 4) 假设在调查时没有发生自然灾害。
- 5) 假设在调查时没有物种大量迁入迁出和大量繁殖。

3. 符号及变量说明

	生物多样性
	基因多样性
	物种多样性
	生态系统多样性
	元素与重要性之比
	元素相对重要性两两对比得到的判断矩阵
	对于 C 的相对权重
	矩阵最大特征值
	基因多样性中调查区域的长度
	基因多样性中调查区域的宽度
	基因多样性中调查区域的深度或高度
	区域内采集样本数量
	区域内包含生命体质量
	物质重量
	生物个体基因数目
	稀疏标准化样方大小
	拟稀疏标准化样方中第个物种的个体数目
	拟稀疏标准化样方中记录的个体总量
	一个个体属于第类的概率
	生态系统多样性指标标准值
	物种多样性指标标准值
	基因多样性指标标准值
	选取样方中的物种数
	生态系统多样性模型中调查区域边长

	相邻两个正六边形中心距离
	正六边形边长
	某一物种
	个物种存在与否的数组
	中物种差异数目之和
	正六边形六边均值再除以乘积
	调查区域总的物种数目
	平均值
	影响

4. 问题分析

4.1 对层次分析法的分析

层次分析法是把复杂问题分解成各个组成因素，又将这些因素按支配关系分组形成递阶层次结构。通过两两比较的方式确定各个因素相对重要性，然后综合决策者的判断，确定决策方案相对重要性的总排序。由于影响生物多样性的因素很多，本文选取三个部分即基因多样性、物种多样性、生态系统多样性进行研究。

4.2 对基因多样性模型的分析

基因多样性代表生物种群之内和种群之间的遗传结构的变异。每一个物种包括由若干个体组成的若干种群。各个种群由于突变、自然选择或其他原因，往往在遗传上不同。由于目标区域内可能含有成千上万个物种，逐个调查每个物种的种群间基因差异需花费天文数字的人力物力。但是既然我们的目标在于调查目标区域内的基因多样性，那么一个随机 DNA 抽样能够反映随机遇到的生命体的基因的差异。各区域基因类型和数目的差异是基因多样性的良好指标。我们将采用随机抽样方案建立数学模型。首先利用样方法和标记法采集 DNA 数据，然后统计分析获得基因数量指标，最后求出基因多样性评估指标。

4.3 对物种多样性模型的分析

物种多样性是对生物多样性研究最早和最深入的因素，是生物多样性的中心，同时是生物多样性最主要的结构和功能单位，反应地球上动物、植物、微生物等生物种类的丰富程度。本论文中我们用多样性测度方法详细考察了物种丰富度指数、指数()、指数 三种应用最为广泛的模型后求出物种多样性评估指标。

4.4 对生态系统多样性模型的分析

生态系统多样性指生态学方面的物种分布的均匀程度，又称生物群落多样性或生境多样性。本文中我们考虑到生境梯度以外的区域的变化情况，在多样性基础上建立了一种新的测度方法，称之为环绕差异法，利用该方法求出生态系统多样性评估指标。



Figure 4-1 生态系统多样性

5 模型建立

5.4 层次分析法

层次分析法是一种新的定性分析与定量分析相结合的系统分析方法，是将人的主观判断用数量形式表达和处理的方法，简称AHP（The Analytic Hierarchy Process）法。

5.1.1 层次分析法的基本方法和步骤

层次分析法是把复杂问题分解成各个组成因素，又将这些因素按支配关系分组形成递阶层次结构。通过两两比较的方式确定各个因素相对重要性，然后综合决策者的判断，确定决策方案相对重要性的总排序。运用层次分析法进行系统分析、设计、决策时，可分为4个步骤进行：

- (1) 分析系统中各因素之间的关系，建立系统的递阶层次结构；
- (2) 对同一层次的各元素关于上一层中某一准则的重要性进行两两比较，构造两两比较的判断矩阵；
- (3) 由判断矩阵计算被比较元素对于该准则的相对权重；
- (4) 计算各层元素对系统目标的合成权重，并进行排序；

5.1.2 递阶层次结构的建立

首先把生物多样性评估问题条理化、层次化，构造出一个层次分析的结构模型。在模型中，复杂问题被分解为基因多样性、物种多样性、生态系统多样性三个元素。层次可分为两部分：

（1）最高层：这一层次中只有一个元素，它是问题的预定目标或理想结果，因此也叫目标层，即生物多样性评估指标。

（2）中间层：这一层次包括要实现目标所涉及的中间环节中需要考虑的准则，该层也叫准则层，包括基因多样性、物种多样性、生态系统多样性三个因素。

（注：层次本来分为三层但由于本题只含有两层，即无最底层）

上层元素对下层元素的支配关系所形成的层次结构被称为递阶层次结构。如图5-1所示：



Figure 5-1 递阶层次结构图

5.1.3 构造两两比较判断矩阵

在递阶层次结构中，设目标层元素生物多样性为准则，所支配的下一层元素基因多样性、物种多样性、生态系统多样性对于准则生物多样性评估重要性即权重。

由于此如果问题比较复杂，对于准则的重要性无法直接定量，而只能定性，那么确定权重就要使用两两比较方法。其方法是：对于准则C，元素和哪一个更重要，重要的程度如何，通常按比例标度对重要性程度赋值，下表中列出了标度的含义。

表格 1 标度的含义

标度	含义
	表示两个元素相比，具有同样的重要性
	表示两个元素相比，前者比后者稍重要
	表示两个元素相比，前者比后者明显重要
	表示两个元素相比，前者比后者强烈重要
	表示两个元素相比，前者比后者极端重要
	表示上述相邻判断的中间值
倒数	若元素 与的重要性之比为 ，那么元素与元素 重要性之比为=

对于准则 C，3个元素之间相对重要性的比较得到一个两两比较判断矩阵

$$A = (a_{ij})_{3 \times 3}$$

其中 就是元素 和相对于的重要性比例标度。判断矩阵A 具有下列性质：

$$a_{ij} = \frac{1}{a_{ji}}, \quad a_{ii} = 1$$

由判断矩阵所具有的性质知，一个3个元素的判断矩阵只需要给出其上（或下）三角的3个元素就可以了，即只需做个比较判断即可。

在这里，我们通过专家打分得到对于准则的重要性比值为。得到矩阵为：

若判断矩阵A的所有元素满足 $a_{ij} \cdot a_{jk} = a_{ik}$ ，则称A为一致性矩阵。

5.1.4 单一准则下元素相对权重的计算以及判断矩阵的一致性检验

已知 3 个元素对于准则C 的判断矩阵为A，求 对于准则C的相对权重，写成向量形式即为

(1) 利用和法计算权重

将判断矩阵A 的个行向量归一化后的算术平均值，近似作为权重向量，即

计算步骤如下：

第一步：A 的元素按行归一化, 分别用，，表示，即

第二步：将归一化后的各行相加, 分别用，，表示，即

第三步：将相加后的向量除以即得权重向量，得到最终结果为，，。

一致性检验.

在计算单准则下权重向量时，还必须进行一致性检验。在判断矩阵的构造中，并不要求判断具有传递性和一致性，即不要求严格成立，但要求判断矩阵满足大体上的一致性。计算排序权重向量（即相对权重向量）的方法，在判断矩阵过于偏离一致性时，其可靠程度就值得怀疑了，因此要对判断矩阵的一致性进行检验，具体步骤如下：

计算一致性指标

查找相应的平均随机一致性指标

下表给出了1~15 阶正互反矩阵计算1000 次得到的平均随机一致性指标。

表格 2 平均随机一致性指标 R. I.

矩阵阶数					
矩阵阶数					
矩阵阶数					

③计算性一致性比例(consistency ratio)

当 时，认为判断矩阵的一致性是可以接受的；当 时，应该对判断矩阵做适当修正。

为了讨论一致性，需要计算矩阵最大特征值，除常用的特征根方法外，还可使用公式：

④ 求性指标

若已求得 层上元素为准则的一致性指标平均随机一致性指标一致性比例，则k 层的综合指标

当时，，认为递阶层次结构在 层水平的所有判断具有整体满意的一致性。

5.5 基因多样性模型

为了得到这个指标我们设计了采集数据——数据处理——得到结论的步骤。

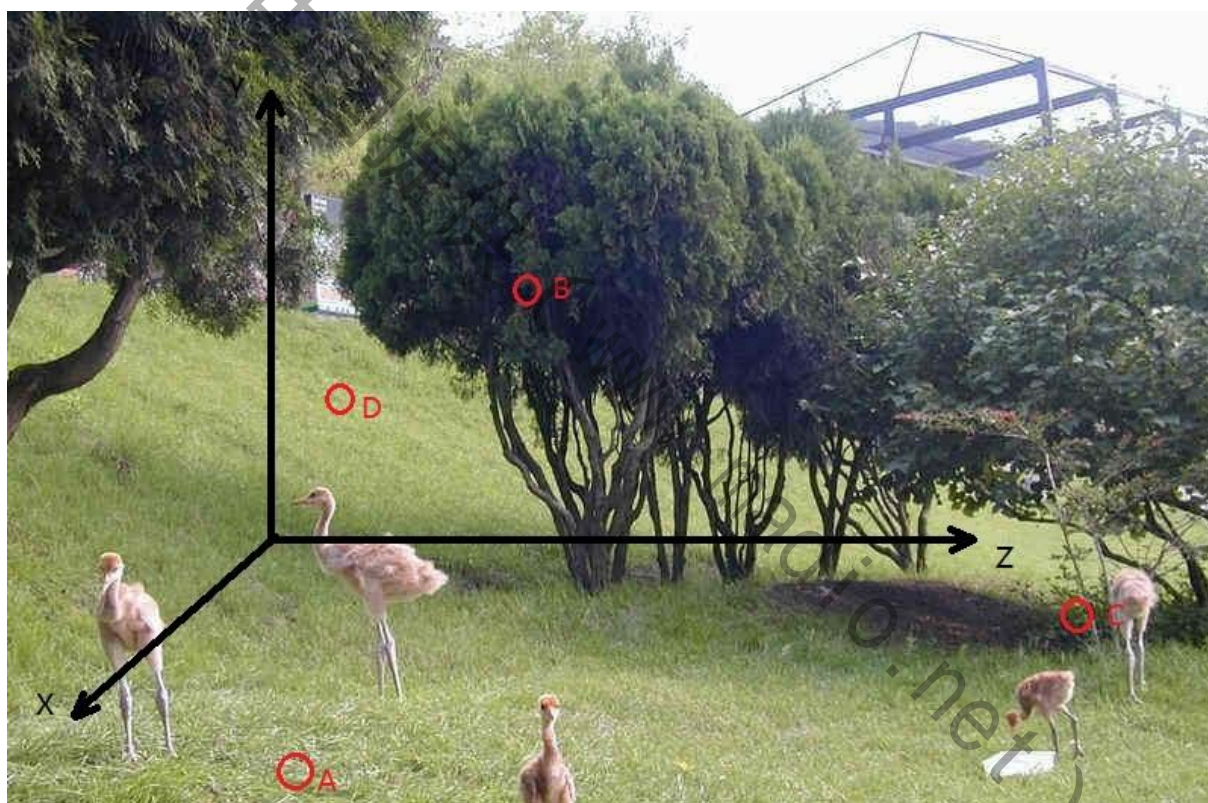
5.5.1 采集数据

设调查区域划分为长，宽，高或深，则所调查的立体区域体积为，在这个区域中既有静止于原地的生命体也有运动的生命体。因为目标区域可能包括各种差异很大的生态系统，内部动植物形态分布不确定，所以采用较有普遍性的随机抽样的方法。我们将数据的采集分为两部分，对静态生命体（植物、微生物和速度较慢不能避人的动物）的数据采集和对动态生命体的数据采集。

1) 静态生命体基因数量采集

首先计算在一个区域内应采集的样本的数量和应包含的生命体因为的含有的生命种类很多，基因总量极大，故不必与成比例，达到一定数量即可。为此综合考虑人工和经费来决定。根据假设每人每天约能调查个区域，设每个取样时间为分钟，一天工作小时，则每个区域内有个采样点。

然后根据实际地形确定高度或。利用生成在范围内的随机点。



最后在目标点重量的物质，利用仪器获取这些物质里各种生物的基因数目并与基因数据库比较，将不重复的部分存入数据库中。

在上面示意图中，随机生成了四个点，在这四点处采样。预计样本包括三种草本植物，一种昆虫，一种软体动物；预样本包括一种乔木，一种甲虫，一种藤蔓；预本包括一种灌木，一种昆虫；预计样本落空。上述样本都可能含有多种微生物。

2) 活动生命体基因数量采集

以上方法不适用获取活动范围较大的动物样本采集，这部分需不同的方法获得。为此调查区域内物种每个取样一次。将测得的基因与基因数据库比较，将不重复的部分存入数据库中。

5.5.2 数据处理

将各个区域的数据库汇总，得到无重复基因的基因数据库

内含基因数量反映了目标区域内蕴藏的不同基因数目总数，可以作为基因多样性的数量指标。

具体数据可按上述步骤获得，现在对的数量做一个估计。

海南尖峰岭热带雨林的调查表明单位面积内约有种植物，种鸟类，其它动物数百种。云南云雾山草原单位面积内约有种植物，种动物。水稻基因数约为万个，兰花基因数约为万个，杨树基因数约为万个。水螅、小鼠的基因数与人相近，约为万个。

据此推算目标区域的不同基因总量将会达到 $10^6 \sim 10^8$ 。

5.3 物种多样性模型

对于物种多样性模型，我们采用多样性的测度方法来测量物种多样性，从而对生物多样性做出评估。多样性测度方法可分为四类，在测度过程中以种群的大小作为具体采用哪一类测度方法的选取标准。当生态系统的面积不超过 1000 平方米时，我们采用物种丰富度指数作为判断物种多样性的标准；当生态系统较大（比如大于 1000 平方米）并且各种间数量分布比较均匀时我们采用 Shannon-Wiener 指数；当生态系统较大且各种间数量分布不是非常均匀时我们采用 Simpson 指数(D)来测度物种的多样性。下面我们进一步介绍一下通过上述三种方法建立物种多样性模型。

5.3.1 物种丰富度指数

公式： $H' = -\sum_{i=1}^S p_i \ln p_i$ 式

其中， S 为稀疏标准化， n 为稀疏标准化的样方大小， n_i 为拟稀疏标准化的样方中记录的个体总量， n_{ij} 为拟稀疏标准化的样方中的第 j 物种的个体数目。

应用物种丰富度时，所研究的地区或样地面积在时间和空间上是确定的或可控制的，因为物种丰富度与样方大小有关，换言之，二者不独立，但是二者没有确定的函数关系。最后，我们计算出总

5.3.2 指数

的方差=
自由度

其中是一个个体属于第 i 类的概率， H' 、 H'' 分别代表第 1 和第 2 个样方多样性指数， S 的方差；分别为样方 1 和 2 的个体总数。

指数(D)公式满足 3 个生态学上的意义：第一条保证了对种类数量一定的总体，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。我们利用指数公式得到如下图表：

表格 3

i	1	2	3	4	5	6	7	8
	0.12	0.13	0.07	0.16	0.07	0.09	0.1	0.74
	-2.12	-2.04	-2.66	-1.83	-2.66	-2.40	-2.3	-0.30
	-0.92	-0.88	-1.15	-0.80	-1.15	-1.04	-1	-0.13
	-0.1104	-0.1144	-0.0805	-0.1280	-0.0805	-0.0936	-0.1	-0.0962
	-0.2544	-0.2652	-0.1862	-0.2928	-0.1862	-0.2160	-0.23	--0.2220

通过上述表格求出所需要的各个量然后再求出，=。

5.3.3 指数

公式：

其中：是第物种第一次被抽中的概率；为第 i 物种第二次被抽中的概率

表格 4

i	1	2	3	4	5	6	7	8
	1567	1234	1300	1235	1543	1456	1321	1567
$N_i(N_i-1)/N(N-1)$	0.019 5	0.012 1	0.013 4	0.012 1	0.018 9	0.016 8	0.013 8	0.019 5

最后，我们计算出总

5.4 生态系统多样性模型

5.4.1 模型的建立

生态系统多样性反映了物种分布随着空间转移而分化的总和。常用的多样性指数如指数和指数都是沿着生境梯度的变化量积分：

其中指沿着生境梯度增加的物种数，指沿着生境梯度失去的物种，指样方内的物种数。

我们认为上述思路忽略了生境梯度以外的区域的变化情况，是不全面的。视调查区域为边长米的正方形区域，并假设生境梯度并没有过多弯曲。则列入上述公式的面积仅为总面积的，牵涉到的面积也仅为。当调查成百上千平方公里地区时，上述比例小于。

下面我们构造了一种基于算法上的新算法，能更全面的考虑各区域的变化，我们称之为环绕差法。

将调查区域划分为 n 个正六边形，每相邻两个正六边形中心距离（以为一个距离单位）。设正六边形的边长为 a ，面积为 S 。在中心建立样方调查物种 A_i 是区域内总的物种数）的存在性。（生成蜂窝格的 Matlab 程序见附录二）

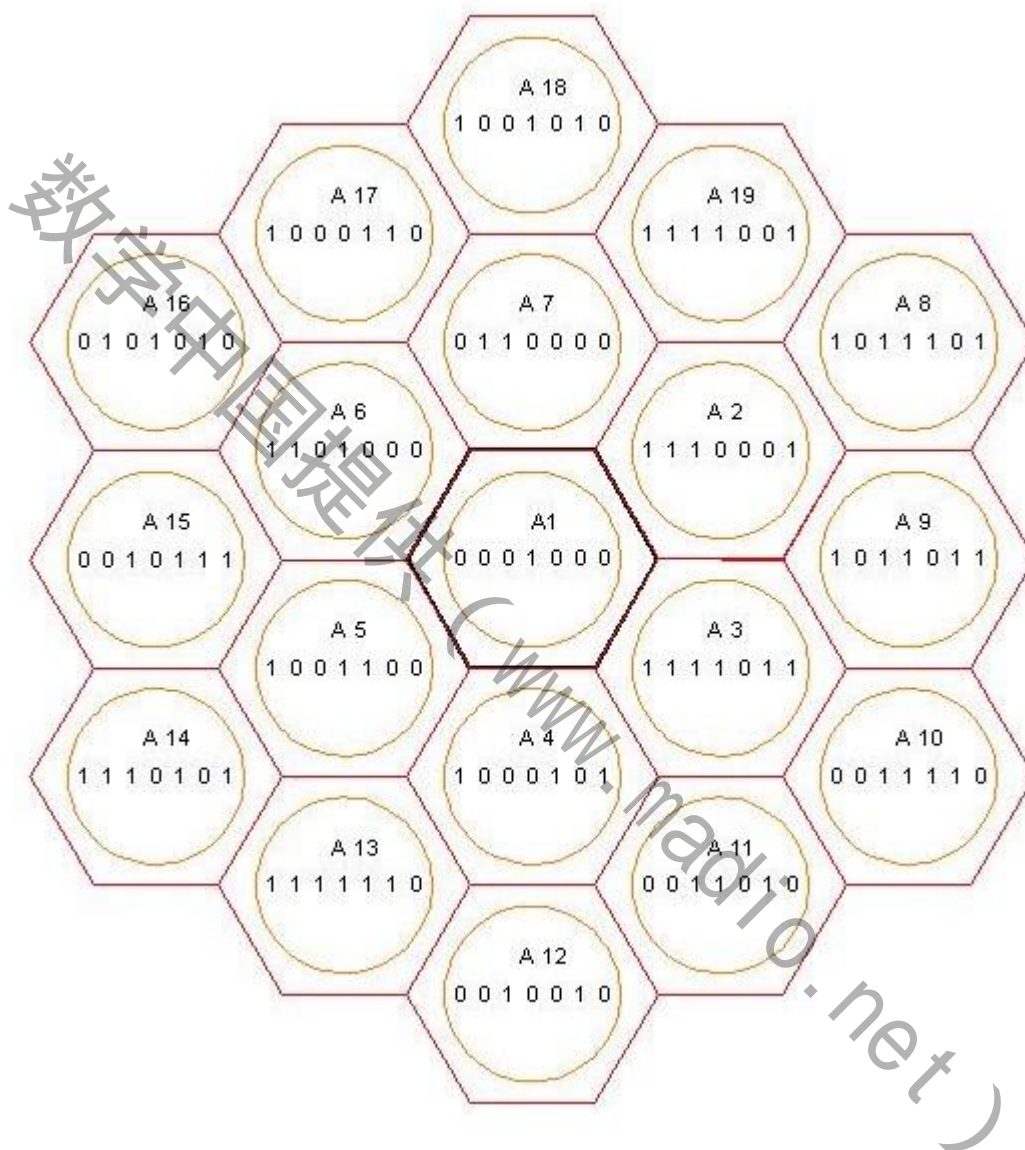


Figure 5- 2

如上图所示，每个 A_i 与周围六个正六边形相邻，其中有一个进制数组表示个物种的存在与否（此图中）。即 A_i 正六边形中的数组的第 k 位, 此数为表示在此正六边形中第 k 种物种存在, 若此数为 0 则第 k 种物种不存在。

给每两个相邻正六边形每条相交边各赋予一个数值 H_{ij} ，即为两相邻两个正六边形 A_i 和 A_j 内所含物种的差异数目之和，亦即为

$$H_{ij} = \sum_{k=1}^S Array_i[k] XOR Array_j[k] \quad \text{式 (16)}$$

每个正六边形内赋予一值即为六条边的H值的平均数除以中包含的物种数再除以相邻样方之间距离即

最后对所有求平均值即可代表。

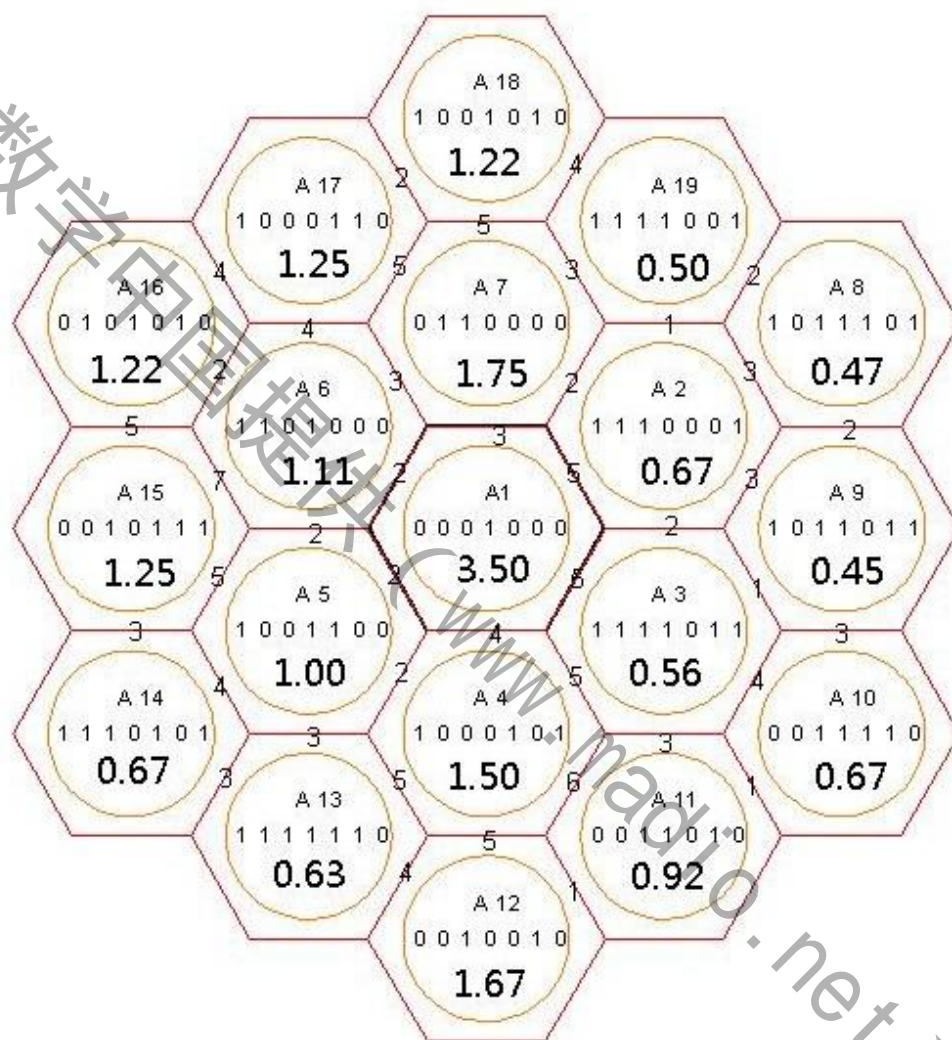


Figure 5- 3

如上图所示，计算得出。

5.4.2 模型的改进

讨论发现该模型不能对以下两种情况进行区分。情况一，设相邻两正六边形和的和分别为和。情况二，设和为和。两种情况下都是5，但我们一眼便能看出情况一中生态系统变化更大。为此我们引入。建立标准：

当 A_i 和 A_j 的物种没有交集时， $=1$ ，表示差异达到最大；

2) 当 A_i 和 A_j 物种一样时，。

一个方案是令

$$H_{ij} = \left\{ \sum_{k=1}^S (Array_i[k] XOR Array_j[k]) \right\} / \left\{ \sum_{k=1}^S (Array_i[k] OR Array_j[k]) \right\} \quad \text{--- 式(19)}$$

$$V_i = \sum_1^{v_i} H_{ij} / v_i / d \quad \text{--- 式(20)}$$

重新生成图为：

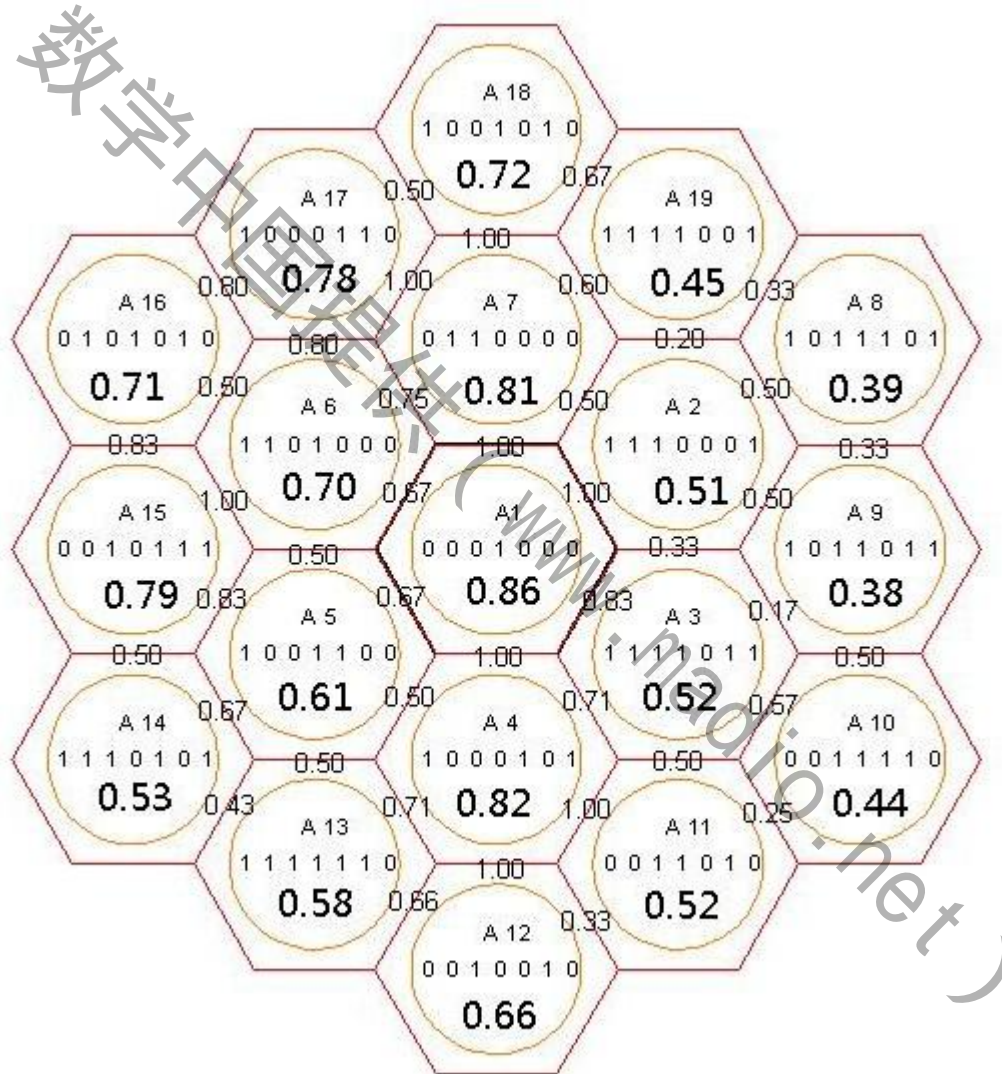


Figure 5-4

计算得。

5.4.3 模型的检验

为了验证我们建立模型的准确性，我们考虑随机生成时的期望值、真实世界的 β 期望值

和两种极端情况。

随机生成时的期望值

首先考虑比较简单情况，假设每个中的物种存在性数组是随机生成的。两相邻正六边形中和各有位，和相同的几率为，不同的几率为。故

$H_{ij} = \sum_{k=1}^S \text{Array}_i[k] \text{ XOR } \text{Array}_j[k]$ 的期望值为。 $\sum_{k=1}^S (\text{Array}_i[k] \text{ OR } \text{Array}_j[k])$ 的计算可视作做次试验，每次试验取的几率是，取的几率是。则其期望值为。根据

$$H_{ij} = \left\{ \sum_{k=1}^S (\text{Array}_i[k] \text{ XOR } \text{Array}_j[k]) \right\} / \left\{ \sum_{k=1}^S (\text{Array}_i[k] \text{ OR } \text{Array}_j[k]) \right\} \text{---式 } \{23\}$$

得到期望值为 $2/3$ 。

所以由得 的期望值为。由有 $\bar{\beta} = \sum_{i=1}^n \bar{V}_i / n = \frac{2}{3}$

真实世界的 β 期望值

真实世界中相隔 100m 远的距离不可能出现上节内的情况，即有近一半的物种变化。预计 β 变化幅度将为 $1/10 \sim 1/5$ 。

3) 两种极端情况

情况一：系统由同一单元组成，即系统中的每一物种在每一样方中都出现。此时系统中无群落更替；可知任意 等于，则，最后求得。与我们建立模型求解的答案相吻合。

情况二：系统由个单元组成，每个单元的样方中都有唯一的独有物种。此时系统群落更替达到最大。任意，则，由式得。求得值与实际情况吻合。

此题中我们求得的，满足我们对上述，且该模型同样适用于极端情况，所以该模型的准确度值得信赖。

5.4.4 模型分析

独立于多样性，多样性和内涵不同，数值应该不相关。从例子中可知两个同样拥有种物种的系统其多样性可能差距极大。

对系统施加轻微扰动，即某样方中减少某一物种的存在，观察最后的变化。在的相邻正六边形中，若原有 的存在则增加 $1 / \sum_{k=1}^S (\text{Array}_i[k] \text{ OR } \text{Array}_j[k])$ ，若原无 的存在则减少 $1 / \sum_{k=1}^S (\text{Array}_i[k] \text{ OR } \text{Array}_j[k])$ 。这一扰动的最大影响是使边的值同时增加或减少并且使增加或减少，对应的实际情况是周围的个正六边形中都没有物种。则最多增加或减少。

$$\Delta\beta / \beta = 2 / \sum_{i=1}^n V_i \text{---式 } (25)$$

在实际情况中 n 约在 至， V_i 约在至，故 $\Delta\beta / \beta$ 约为 \sim ，可认为 β 是稳定的。

5.5 综合指标模型

现在我们已经通过层次分析法和数学模型得到生态系统多样性、物种多样性、基因多样性相对生物多样性的权重和生态系统多样性指标、物种多样性指标、基因多样性指标。

首先，通过分析各种资料以及我们在实施过程中所得到的各种数据我们可以求出生态系统多样性指标的最大值和最小值，物种多样性指标最和最小值和基因多样性指标的最大值和最小值。通过公式我们得出归一化后的评价指标标准值 x_i ，如下表所示：

表格 5

标准值 I	1456	4325	97394700
最小值	1000	3000	10000000
最大值	1800	5000	2222000000
标准指标	0.6392	0.7161	0.4212

其次，我们通过层次分析法得到的权重和数学模型得到的标准指标，利用非线性加权综合法计算出所要求的综合指标。方程式为

$$y = \prod_{j=1}^n x_j^{w_j} \quad \text{—式(27)}$$

其中 y 代表所要求的综合指标， n 代表的是干涉因素的个数， w_i 代表的是 每一个干涉因素的权重， x_i 代表的是每一中干涉因素的标准值。

表格 6

j	1	2	3
w_i	0.3	0.4	0.3
x_i	0.6392	0.7161	0.4212
	0.8744	0.8750	0.7715

由表格我们可以得到综合指标的值。

6 模型推广

该模型是在某个生态系统处于相对静止没有发生物种的相互迁移，以及没有多种生物同时处于繁殖时期的前提条件下建立的。当有些生物发生物种迁移（如大雁南飞）或者存在大量生物处于繁殖时期时会使得各种数据脱离了正常值，从而造成较大的误差。因此在做生物多样性调查时应该注意时间因素，在不同时间做生物多样性调查时做不同的分析和假设，从而减少上述因素所造成的影响。

由于很多物种过着群居的生活（如蚂蚁）或者有很多物种稀有物种、濒危物种，从而造成我们在选取样本时会遗漏一些物种或者选取的某种物种数量过多或过少从而造成了在物种多样性调查过程中造成较大误差，因此在选取样本时尽可能的丰富，涵盖更多的物种。

考察的地段可能是沙漠等特殊地段，物种的分布会有很大的改变，在随机挑选样本时，物种数量和种类会有较大的偶然性，因此在调查过程中应该尽可能的多选取一些地段，尽可能的将误差缩小到最小，至于样本的大小还要根据实际情况具体分析。

7 模型评价

7.1 模型的优点

1) 生态系统多样性模型中改进多样性测度方法建立一种综合考虑区域变化的新模型，我们称之为环绕差异法。此方法独立于多样性，多样性和内涵不同，数值应该不相关。通过生态系统多样性中的例子可知两个同样拥有种物种的系统其多样性可能差距极大。此方法解决了这个问题，使用环绕差异法更有利于模型的推广，得到的生物多样性评估更准确。

建立综合指标模型，将层次分析法与基因多样性、物种多样性、生态系统多样性模型相结合，得到一种更全面高效的评估生物多样性模型。该模型既吸收了层次分析法的优点，同时又结合多样性测度方法，使模型的建立更加严密准确，有利于推广。

7.2 模型的缺点

1) 该模型在实施过程中比较困难，耗费的人力、物力、财力比较大。

2) 该模型比较适用于较大范围的生物多样性评估，对于较小范围生物多样性评估误差较大。

3) 该模型适用于调查地区在调查期间物种相对稳定的情况，当发生物种大量迁移，大量繁殖或死亡，或者发生自然灾害等原因时，该模型不能得到正确的应用，存在一定的局限性。

4) 为了方便，模型建立时忽略了大量因素，只取主要因素来研究，对模型建立的准确性存在一定程度的影响。

8 参考文献

- 陈波、包志毅，《城市公园和郊区公园生物多样性评估指标》，<http://epub.cnki.net/grid2008/detail.aspx?QueryID=7&CurRec=1>，2011/4/22
- 百度文科，《层次分析法》，<http://baike.baidu.com/view/364279.html?wtp=tt>，2011/4/22
- 马克平. 生物群落多样性的测度方法 I α 多样性的测度方法(上) [J]: 生物多样性, 1994, 2 (3): 162-168
- 马克平, 刘玉明. 生物群落多样性的测度方法 I α 多样性的测度方法(下) [J]: 生物多样性, 1994, 2 (4) 231-239
- 龙春林, 裴盛基, 《生物多样性的研究方法》, <http://epub.cnki.net/grid2008/detail.aspx?QueryID=293&CurRec=1>, 2011/4/22
- 元炳成, 海南尖峰岭热带雨林的生态特征及资源 [Z], 北京师范大学珠海分校, 2008
- 中国科学院水利部水土保持研究所. 宁夏云雾山天然草地 30 年封禁利用成效显著 著 http://www.iswc.ac.cn/xwzx/kydt/200909/t20090909_2547926.html, 2011/4/22
- Sanders H L, Marine benthic diversity: a comparative study. Amer, Nat., 1968, 102:243~282
- McIntosh R P, An index of diversity and relation of certain concepts to diversity. Ecology, 1967, 48:392~404
- Pielou E C 卢泽愚译, 1969, 数学生态学引论, 北京: 科学出版社, 1978
- Heip C, A new index measuring evenness. J. Mar. Biol. Assoc., 1974, 54:555~557
- Magurran A E, Ecological diversity and its measurement. New Jersey, Princeton University, Press, 1988
- 马克平, 刘灿然, 刘玉明. 生物群落多样性的测度方法 II β 多样性的测度方法 [J]: 生物多样性, 1995, 3 (1) 38-43。

附录一:

```
#include<iostream>
using namespace std;
#include<iomanip>
#define n 3
int main()
{
    int i, j, k;
    float a[n][n], b[n];
    cout<<"please input the integer!"<<endl;
    for(i=0; i<n; i++)
```

```

        cin>>b[i];
    for(i=0;i<n;i++)
        for(j=0;j<n;j++)
            a[i][j]=b[i]/b[j];

    for(i=0;i<n;i++)
    {
        for(j=0;j<n;j++)
            cout<<setiosflags(ios::fixed)<<setprecision(2)<<a[i][j]<<" ";
        cout<<endl;
    }
    for(i=0;i<n;i++)
    {
        float num=0;
        for(j=0;j<n;j++)
        {
            float sum=0;
            for(k=0;k<n;k++)
                sum+=a[k][j];
            num+=a[i][j]/sum;
        }
        cout<<num/n<<" ";
    }
    return 0;
}

```

附录二：

```

clc,close all
r=1;
rc=0.7;
s=7
figure;
axis square
hold on;
A=pi/3*[0:6];
aa=linspace(0,pi*2,80);
mat=round(rand(1,s)*1)
arr=num2str(mat);
plot(r*exp(i*A),'k','linewidth',2);
g1=fill(real(r*exp(i*A)),imag(r*exp(i*A)),'k');
set(g1,'FaceColor',[1,1,1])
g2=fill(real(rc*exp(i*aa)),imag(rc*exp(i*aa)),'k');
set(g2,'FaceColor',[1,1,1],'edgecolor',[1,0.5,0],'EraseMode','xor')
text(-0.60,0,arr,'fontsize',5)

```

```
text(0,0.3,'A1','fontsize',7);
Z=0;
At=pi/6;
RA=-pi/2;
N=1;At=-pi/2-pi/3*[0:6];
for k=1:2;
    Z=Z+sqrt(3)*r*exp(i*pi/6);
    for pp=1:6;
        for p=1:k;
            N=N+1;
            mat=round(rand(1,s)*1)
            arr=num2str(mat);
            zp=Z+r*exp(i*A);
            zr=Z+rc*exp(i*aa);
            g1=fill(real(zp),imag(zp),'k');
            set(g1,'FaceColor',[1,1,1],'edgecolor',[1,0,0]);
            g2=fill(real(zr),imag(zr),'k');
            set(g2,'FaceColor',[1,1,1],'edgecolor',[1,0.5,0],'EraseMode','xor');
            text(real(Z)-0.1,imag(Z)+0.3,'A','fontsize',7)
            text(real(Z)+0.1,imag(Z)+0.3,num2str(N),'fontsize',7)
            text(real(Z)-0.6,imag(Z),arr,'fontsize',5);
            Z=Z+sqrt(3)*r*exp(i*At(pp));
        end
    end
end
xlim([-4.5,4.5]*r)
ylim([-4.5,4.5]*r)
axis off;
```