福田红树林自然保护区湿地生态系统模型框架的构建 及应用实例研究

摘要

福田红树林自然保护区因其面积小、靠近城市中心等特点,导致湿地生态系统的生态健康较脆弱,迫切需要构建动态监测、健康评估及预警系统来支撑其保护、管理工作。本文建立数学模型为福田红树林湿地构建新型的生态系统动态监测和健康评估及预警科学管理支撑体系。

针对福田红树林生态系统一体化生态系统模型框架的构建问题,使用生态学EWE 软件,建立福田红树林湿地生态系统 Ecopath 模型,构建红树林湿地的生态场景。首先,基于Q型聚类方法,使用 SPSS 22.0 软件聚类湿地内生物,将其划分为 15 个功能组,接着通过文献调研的方式确定各个功能组参数,建立具体的Ecopath 模型。基于该模型,定量描述福田红树林生态系统的物质循环、能量流动、生态位重叠、混合营养效应等变量,结果完整还原出福田红树林湿地生态系统全貌,根据功能组之间的捕食关系,建立起以生物种群数量为基础的系统动力学模型,进行动态模拟仿真,得出绝大部分物种种群数量稳定上升,鱼类种群先下降后上升的结论。

针对福田红树林湿地的动态监测问题,考虑到遥感技术在生态监测中的巨大优势,选取动态度作为红树林监测的指标,基于相关系数和光谱角两种算法,匹配分类福田红树林区光谱图像。采用基于 Kohonen 自组织神经网络的红树林遥感图像分类法,有效提高了福田红树林保护区动态监测的效率和准确性。

针对福田红树林的评价问题,基于 PSR 理论,结合因子分析法对评价指标整合筛选。综合使用熵值取权法和层次分析法,建立组合权重向量,较好地建立了福田红树林湿地生态系统的静态评价模型,结合系统动力学的动态模拟构建健康评估预警系统,给出有关红树林土地面积的监测方案。

针对福田红树林的水质污染问题,通过采取 WASP7.3 软件对水质主要指标溶解氧、氨氮、磷酸盐等指标进行参数率定,根据实测数据和模拟数据的对比分析,验证了 WASP 模型在福田红树林水质动态监测的可靠性与可行性。同时建立深圳湾水质污染扩散的系统动力学模型,为福田红树林保护区水污染控制和治理提供了解决方案

针对福田红树林生态发展趋势和外来物种入侵的预测问题,本文选取福田红树林湿地面积作为红树林生态发展趋势的代表性指标,为减小预测误差,结合灰色预测 GM (1,1) 模型和 GRNN 神经网络模型,通过权值优化,建立组合预测模型,成功预测了未来5年福田红树林保护区的面积变化和未来四年海桑林生物量变化,并根据预测结果提出了针对性建议。

最后,我们针对论文中建立的福田红树林自然保护区湿地生态系统模型框架 进行优缺点分析,为模型进一步改进提供方向。

关键词: Ecopath 模型; Q型聚类; Kohonen 自组织神经网络; 因子分析法; 熵值取权法; 层次分析法; 遥感图像分类法; 光谱法; 组合预测模型; 系统动力学模型; WASP模型; 灰色预测模型;

目录

一、	问题重述1
_,	问题分析2
三、	模型假设3
四、	符号说明4
五、	模型的建立与求解5
	5.1 福田红树林自然保护区湿地生态系析6
	5.2 福田红树林湿地 Ecopath 生态系统模型的建立7
	5.2.1 Ecopath 模型基本原理8
	5.2.3 福田红树林湿地 Ecopath 模型功能组参数确定13
	5.2.4 福田红树林湿地一体化生态系统模型框架的构建15
	5.2.5 福田红树林湿地生态系统 Ecopath 模型特征分析 17
	5.3 基于卫星遥感技术的福田红树林生态系统动态检测20
	5.3.1 福田红树林遥感动态监测指标20
	5.3.2 基于相关系数与光谱角方法的红树林区光谱图像匹配与分
	类21
	5.3.3 基于 Kohonen 自组织神经网络的红树林遥感图像分类 22
	5.4 生态系统动态模拟的系统动力学模型26
	5.4 基于 PSR 模型的福田红树林生态系统评价模型31
	5.4.1 基于 PSR 理论概述与健康评价的指标选取31
	5.4.2 基于层次分析法与熵值取权法的红树林评价模型构建与求
	解35
	5.5 福田红树林生态发展趋势的预测
	5.5.1 灰色预测模型41
	5.5.2 GRNN 神经网络模型43
	5.5.3 组合预测模型的建立与求解45
	5.5.4福田红树林水质污染预测评价模型的建立与求解46

	5.5.5 福田红树林水质监测与模拟50
	5.5.6 水质污染的系统动力学模型5
	5.5.7 针对外来物种海桑入侵的预测与分析65
六、	模型应用与保护建议66
七、	模型的优缺点分析67
八、	参考文献68
附责	6

一、问题重述

与国内外其他大规模湿地生态系统相比,福田红树林自然保护区因其面积小,湿地生态系统的生态健康更加脆弱,迫切需要构建湿地动态监测、生态健康评估及预警系统来支撑其保护、管理工作。但目前的生态健康评价主要采用基于抽样监测数据和专家经验的静态方法,仅仅围绕主要生物因子开展调查而没有覆盖到噪声、大气等环境因子,而且监测点信息的时间、空间离散度较大(时间间隔较长、测点密度过于稀疏),致使难以完全满足福田红树林自然保护区科学管理的实际需要。因此,保护区准备用三至五年的时间完成保护管理数字化支撑平台建设,其中构建新型的生态系统动态监测和健康评估及预警科学管理支撑体系是重要工作内容。

鉴于上述情况,请你们查询相关资料,为福田红树林湿地构建一体化生态 系统模型框架,为生态系统动态监测提供大数据管理支撑平台,为生态系统健 康评估及预警提供动态模拟分析支撑平台。

例如,模型框架可由若干生态场景模型组成,生态场景模型以量化方式描述红树林湿地中各种生物、生境的空间结构和生态功能;模型框架应能通过刻画生态场景模型之间的关系实现对湿地生态系统能量流动、物质循环等物种依存竞争关系的动态描述;依托具体的生态场景模型可建设具体的保护、管理业务场景信息系统;全体保护、管理业务场景信息系统基于一体化生态系统模型框架,可以形成完整的生态系统动态监测和健康评估及预警科学管理支撑体系。

然后,请你们基于自己构建的模型框架完成下述工作:

- 1、如果福田红树林自然保护区采用你们设计的模型框架来构建湿地动态监测和健康评估预警系统,你们如何根据模型框架的数据构成要求设计保护区未来的生态环境监测方案?你们对自己模型框架的后续完善工作有何建议?
- 2、请查阅相关资料、收集数据,选取一个你们认为当下福田红树林最迫切需要解决的生态系统问题,基于你们构建的模型框架从健康预警的角度出发对其生态发展趋势进行预测分析,并给出具体的保护、管理建议。

二、问题分析

福田红树林湿地保护区生态系统模型框架的构建是一个复杂的动力学问题,需要考虑其内部动力学机制和生态学构成。考虑到 EWE 软件的专业性,我们采用该软件建立生态系统模型框架(Ecopath 模型),并对生态系统内部场景进行科学描述。同时要设计模型框架来构建湿地动态监测和健康评估预警系统,我们采用因子分析法筛选指标,层次分析法和熵值取权法的综合取权法确定权重,建立起福田红树林自然保护区的健康评价模型。我们采用遥感图像处理和光谱法建立动态监测模型,采用系统动力学模型实现动态模拟,共同构成健康评估预警体系。针对福田红树林自然保护区的土地减少问题,外来物种入侵问题,我们分别建立灰色模型和神经网络模型实现未来几年的预测,提出了针对性建议,而日益严重的水质污染问题,我们采用 WASP 软件和 PLE 软件建立水质污染扩散模型,实现水污染的动态模拟,对水污染的问题提出了解决方案。

三、模型假设

- (1) 不考虑特大型自然灾害或人为因素对福田红树林湿地造成毁灭性的影响的情况:
 - (2) 假定论文中搜集到的关于福田红树林的历史数据均真实可信:

四、符号说明

数学符号	含义
P_{i}	功能组 i 的总生产率
Y_{i}	功能组 i 的总捕捞获得率
$M2_{i}$	功能组i的总被捕食死亡率
E_{i}	功能组 i 的净迁移率
BA_i	功能组 i 的生物量累计率

EE_i	功能组i的生态营养转化效率				
$M_{ m i}$	功能组 і 的生物量				
S	每小时网口扫过的面积				
E	逃逸率				
DC_{ii}	捕食生物 i 在捕食生物 j 的食物组成中				
	所占的比例				
K	VBGF 生长曲线的参数				
L_{∞}	渐进体长				
\overline{L}	种群的平均体长				
L'	捕获生物的平均长度				
Q_i	i年的海桑林生物量				
Z	总死亡率				

五、模型的建立与求解

5.1 福田红树林自然保护区湿地生态系析

福田红树林自然保护区位于深圳湾东北部,长约9公里,平均宽度约0.7km, 地理坐标为东经113°45′, 北纬22°32′, 毗邻拉姆萨尔国际重要湿地一香港米埔保护区,总面积约为368hm², 是全国唯一处于城市腹地的国家级自然保护区。



图 1 福田红树林自然保护区航拍图像(Google TM Earth)

福田红树林区内有高等植物约 172 种,其中红树植物 9 科 16 种,主要是秋 茄、木榄、桐花树、白骨壤、海漆和鱼藤等。

福田红树林湿地有鸟类约 194 种,其中包括黑脸琵鹭、海鸬鹚等 23 种珍稀 濒危鸟类。每年有成千上万只迁徙候鸟在此歇脚或过冬,是国际候鸟迁徙途中 的重要驿站。

福田红树林区内的浮游植物和浮游动物主要集中在基围鱼塘,浮游植物中 硅藻门和绿藻门的藻类占比例较高,浮游动物主要以原生动物、轮虫、枝角类 和桡足类为主。底栖动物主要生活在红树林下碎屑和滩涂中,主要为甲壳动 物、软体动物和弹涂鱼类。

5.2 福田红树林湿地 Ecopath 生态系统模型的建立

生态通道 Ecopath With Ecosim(EWE)模型是一种利用营养动力学原理直接构造生态系统结构,描述生态系统能量流动的平衡模式^[1]。该模型最早由 Polvina 在 1984 年创建,经过多年发展,现在已经广泛地应用于海洋和淡水生态系统的模拟分析,取得了丰硕的成果。EWE 模型是特定生态系统在某一时期的快照,可以快速反应该生态系统的状态、特征和营养关系。通过分析,我们基于 EWE 模型建立福田红树林湿地生态系统的模型框架,并使用该模型框架 开发生态系统的动态监测与评估预警系统。

5. 2. 1 Ecopath 模型基本原理

Ecopath 模型定量描述了生物量在食物网中的流动,并分析了生态系统中的各个营养级之间的相互影响,其理论基础可以归纳为两个控制方程:一个是建立在物质守恒基础上的生产量方程,该方程描述了在一个特定的生物组中,生产量具体可以划分为捕食量、捕捞量、其他死亡、生物量积累和净迁移量等;另一个是建立在能量守恒上的消耗量方程,从该方程可以得出,输入一特定生物组的能量与输出该生物组的能量是平衡的^[2]:

生产量=捕食量+捕捞量+其他死亡+生物累计量+净迁移量消耗量=生产量+未同化食物量+呼吸量

Ecopath 模型定义生态系统为由一系列生态关联的功能成分(group 或box)所组成,通常,这些功能成分可以包括有机碎屑、浮游生物、一种鱼类、一种鱼的某一年龄组或某一生态特性(如摄食)相同、相近的鱼种,所有功能成分能够基本覆盖整个生态系统的能量流动全过程。根据上述分析,在 Ecopath中可以通过联立线性方程组的方式来定义一个生态系统,当中每一个线性方程组代表系统中的一个生物功能组,用数学公式可以表示为:

$$P_{i} = Y_{i} + B_{i} \cdot M \cdot 2_{i} + E_{i} + BA_{i} + P_{i} \cdot (1 - EE_{i})$$

上式中, P_i 表示功能组i的总生产率, Y_i 代表功能组i的总捕捞获得率, $M2_i$ 代表功能组i的总被捕食死亡率, E_i 表示功能组i的净迁移率(迁出率-迁入率), BA_i 表示功能组i的生物量累计率,令 $M0_i = P_i \cdot (1 - EE_i)$,代表功能组i的其他死亡率, EE_i 为功能组i的生态营养转化效率。

上述方程又可以表示为[3]:

$$B_{i} \cdot (P/B)_{i} - \sum_{j=1}^{n} B_{j} \cdot (Q/B)_{j} \cdot DC_{ji} - (P/B)_{i} \cdot B_{i} \cdot (1 - EE_{i}) - Y_{i} - E_{i} - BA_{i} = 0$$

或者:

$$B_i \cdot (P/B)_i \cdot EE_i - \sum_{i=1}^n B_j \cdot (Q/B)_j \cdot DC_{ji} - Y_i - E_i - BA_i = 0$$

其中, $(P/B)_i$ 是指功能组i的生产量与生物量的比值, $(Q/B)_i$ 指功能组i的

消耗量与生物量的比值, DC_{ii} 指被捕食生物i在捕食生物j的食物组成中所占的

比例,
$$M2_i = \sum_{j=1}^n Q_j \cdot DC_{ji}$$
 代表捕食死亡率。

根据上述讨论,一个包含n个生物功能组的生态系统中,在 Ecopath 模型中,可以使用下列n个联立线性方程组表示:

$$\begin{cases} B_{1} \cdot (P/B)_{1} \cdot EE_{1} - B_{1} \cdot (Q/B)_{1} \cdot DC_{11} - B_{2} \cdot (Q/B)_{2} \cdot DC_{21} \cdots - B_{n} \cdot (Q/B)_{n} \cdot DC_{n1} - Y_{1} - E_{1} - BA_{1} = 0 \\ B_{2} \cdot (P/B)_{2} \cdot EE_{2} - B_{1} \cdot (Q/B)_{1} \cdot DC_{12} - B_{2} \cdot (Q/B)_{2} \cdot DC_{22} \cdots - B_{n} \cdot (Q/B)_{n} \cdot DC_{n2} - Y_{2} - E_{2} - BA_{2} = 0 \\ \vdots \\ B_{n} \cdot (P/B)_{n} \cdot EE_{n} - B_{1} \cdot (Q/B)_{1} \cdot DC_{1n} - B_{2} \cdot (Q/B)_{2} \cdot DC_{2n} \cdots - B_{n} \cdot (Q/B)_{n} \cdot DC_{nn} - Y_{n} - E_{n} - BA_{n} = 0 \end{cases}$$

通过求解上述线性方程组,便可以定量衡量能量在生态系统的各个功能组之间的流动以及各个成分的生物学参数。建立 Ecopath 模型需要输入的基本参数有 B_i , $(P/B)_i$, $(Q/B)_i$, EE_i , DC_{ij} , E_i 和 BA_i ,一般来说,前四个参数至少有三个要被输入,而 DC_{ij} 则是必须要输入的量,其他的未知量可以由已输入的参数使用模型自行计算得出。

从上述分析可以看出,使用 Ecopath 模型可以较好地构建福田红树林湿地的生态场景模型,从而实现对湿地生态系统能量流动、物质循环等物种依存竞争关系的动态描述。因此我们使用 Ecopath 模型对福田红树林湿地生态系统进行动态分析。

5.2.2 福田红树林湿地 Ecopath 模型功能组划分

根据对深圳福田红树林湿地生态系统的分析,我们依据 EWE 系统的要求和相应的生态学理论(不是传统生物分类学理论),在 Ecopath 模型中,按照以下三项原则将保护区内的生物划分为若干功能组^[4]:

- (1)将生态位重叠度高的种群进行合并,通常会考虑将具有相同或者类似 食物组成、摄食方式、个体大小、年龄组成等特征的生物种群划分在同一个功 能组,以此来简化整个生态系统的食物网;
 - (2) 每个 Ecopath 模型至少包括一个有机碎屑功能组;
 - (3) 要保证功能组的完整性,不能因为缺乏数据而忽略某些组合,尤其是

优势种或关键种的组合。

考虑到以上原则,我们可以通过相关资料人为划分功能组,但这种方式存在较大的主观性,不利于模型的构建。基于生态学中"物以类聚"的思想,本文中采用层次聚类分析中的Q型聚类,将福田红树林自然保护区湿地生态系统中的生物进行聚类分析,进而进行 Ecopath 模型中功能组的划分。

聚类分析是将物理或抽象对象的集合分组成为有类似的对象组成的多个类的分析过程,从统计学的观点看,聚类分析是通过数据建模简化数据的一种方法。我们采用欧氏距离衡量不同生物物种之间的生态位关系,该指标的定义如下:

假设有n维样本 $x_1 = (x_{11}, x_{12}, \dots, x_{1n})$ 和 $x_2 = (x_{21}, x_{22}, \dots, x_{2n})$,则它们的欧氏距离为:

$$d(x_1, x_2) = \sqrt{\sum_{j=1}^{n} (x_{1j} - x_{2j})^2}$$

基于上述定义和附件 2 中的物种相关数据,我们采用 SPSS 22.0 软件对福田红树林自然保护区生态系统中的生物物种进行 Q 型聚类分析^[5],得到的聚类结果如下图所示。

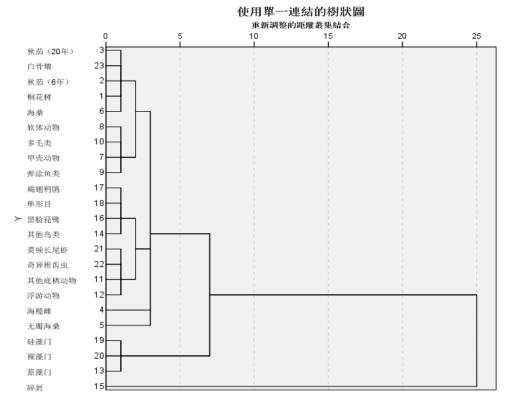


图 2 福田红树林湿地生态系统功能组聚类结果

根据 SPSS 22.0 软件得到的福田红树林湿地生态系统功能组聚类结果,并考虑数据的可获得性,将福田红树林湿地生态系统分为 15 个功能组:桐花树、秋茄 (6 年生)、秋茄 (20 年生)、海榄雌、无瓣海桑、海桑、甲壳动物、软体动物、弹涂鱼类、多毛类、其他底栖动物、浮游动物、浮游植物、鸟类和碎屑。

为了衡量模型中功能组聚类分析结果的科学性,我们使用 Ecopath 分析系统食物网得出各个功能组之间的饵料重叠系数和捕食者重叠系数,以表征功能组之间的生态位重叠。

	Group name	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	鸟类	1.000													
2	浮游植物		1.000												
3	浮游动物		0.131	1.000											
4	其他底栖动物	0.510	0.105	0.802	1.000										
5	多毛类		0.194		0.0354	1.000									
6	弹涂鱼类	0.937	0.0300	0.255	0.737		1.000								
7	软体动物	0.341	0.891	0.218	0.411	0.0589	0.418	1.000							
8	甲壳动物	0.718	0.106	0.346	0.760	0.334	0.864	0.412	1.000						
9	海桑	0.228	0.955	0.154	0.268	0.142	0.280	0.971	0.329	1.000					
10	无瓣海桑	0.239	0.733	0.200	0.345	0.558	0.319	0.747	0.578	0.806	1.000				
11	海榄雌	1.000			0.510		0.937	0.341	0.718	0.228	0.239	1.000			
12	秋茄(20年生)		0.107	0.882	0.752		0.256	0.217	0.383	0.147	0.209		1.000		
13	秋茄(6年生)		0.186	0.349	0.296	0.806	0.0928	0.0813	0.477	0.170	0.560		0.323	1.000	
14	桐花树		0.895					0.786		0.823	0.492				1.000

图 3 福田红树林湿地生态系统功能组捕食者重叠系数图

	Group name	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	鸟类	1.000													
2	浮游植物														
3	浮游动物	0.477		1.000											
4	其他底栖动物	0.737		0.479	1.000										
5	多毛类	0.411		0.952	0.488	1.000									
6	弹涂鱼类	0.481		0.890	0.544	0.899	1.000								
7	软体动物	0.546		0.639	0.641	0.713	0.818	1.000							
8	甲壳动物	0.707		0.673	0.770	0.642	0.699	0.707	1.000						
9	海桑														
10	无瓣海桑														
11	海榄雌														
12	秋茄(20年生)														
13	秋茄(6年生)														
14	桐花树														

图 4 福田红树林湿地生态系统功能组饵料重叠系数图

饵料重叠反映了生态系统功能组之间的食物源的相似程度和饵料的竞争程

度,范围在 0-1 之间,当指数为 0 时,代表两个功能组没有共同的摄食对象,不存在竞争,当指数接近 1 时,两功能组的饵料竞争程度就越激烈。从表可以看出,多毛类与浮游动物之间的饵料重叠程度最高,指数达到 0.952,弹涂鱼类与多毛类和浮游动物的饵料竞争也较为激烈,均接近 0.9。

捕食者重叠指数反映系统中功能组之间的捕食压力的相似程度,模型中的 捕食者重叠指数普遍低于饵料重叠指数。

因此,所划分的功能组之间的饵料重叠系数和捕食者重叠系数都应当尽量小。我们在使用 Q 型聚类之后功能组划分的生态位重叠示意图如下所示:

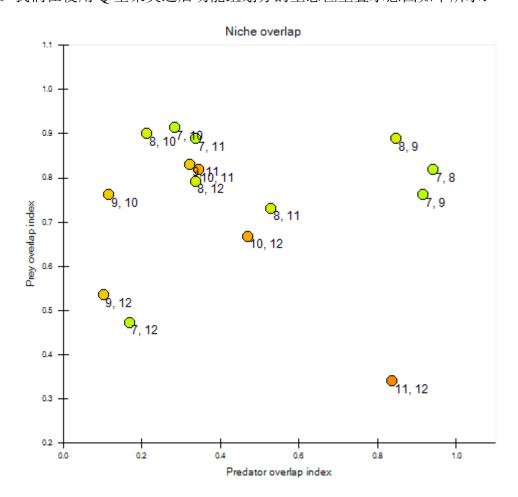


图 5 福田红树林湿地生态系统功能组生态位重叠图

由上图分析可知,在使用 Q 型聚类分组后,福田红树林湿地生态系统中各个功能组之间的饵料重叠系数和捕食者重叠系数均有大幅度减小,因此可知各个功能组之间的生态位重叠较小,从而证明上述功能组划分的科学性。生态位重叠度最高的三个生物物种功能组分别是:7(甲壳动物)、8(软体动物)、9(弹涂鱼类)。

5.2.3 福田红树林湿地 Ecopath 模型功能组参数确定

由 5.2.1 中分析可知,要建立福田红树林湿地的 Ecopath 模型,在科学划分生态系统功能组的基础上,还必须至少确定生物量B,生产量与生物量的比值 P/B以及消耗量与生物量的比值 Q/B 三个参数的量。这三个参数的确定需要通过相关文献调研结合数学分析得出,下面分别探讨这三个参数的计算过程:

(1) 生物量 B [2~4]

生物量B是指在 Ecopath 模型中,每个生物组的生物量在所研究区域内的平均值,单位是 t/km^2 ,其中有机碎屑组的生物量必须输入,其他功能组的生物量一般也需要输入。通过叶绿素、有机物质、干重和湿重等相互转化比例关系,可以将福田红树林湿地中叶绿素的平均值转化为该区域内各植物(如桐花树、秋茄、无瓣海桑、海榄雌、海桑、浮游植物等)中的叶绿素所占的生物量。甲壳动物、软体动物、弹涂鱼类、多毛类、其他底栖动物和浮游动物的生物量一般都可以由文献资料中获得。针对部分功能组的生物量(如底栖鱼类),可以采用捕捞方法确定其生物量,其公式可表示为:

$$M = G/[S(1-E)]$$

其中,M 代表生物量,S 代表每小时网口扫过的面积,E 代表逃逸率。 (2) P/B 系数的确定[2-4]

生产量(P)是指单位时间内、单位面积或者单位提及生物增长的总量,在 Ecopath 模型中以 $t/y\cdot km^2$ 表示。P/B指的是年生产量与年平均生物量之间的倍数关系,也成为生物量周转率,在模型中单位是1/y。对于福田红树林湿地生态系统模型来讲,其中的各功能组的P/B值与总死亡率之间近似存在P/B=Z的关系,因此可以通过求出总死亡率Z的值确定P/B的值,总死亡率Z的计算公式为:

$$\ln Z = 1.44 - 0.984 \ln t_{\text{max}}$$

其中, t_{max} 为该功能组中生物观察到的最大年龄。在最大年龄不容易确定

时,还可采用下列公式求出了值:

$$Z = \frac{K \cdot \left(L_{\infty} - \overline{L}\right)}{\overline{L} - L'}$$

上式中,K为 VBGF 生长曲线的参数, L_{∞} 为渐进体长, \overline{L} 为种群的平均体长,L'为捕获生物的平均长度,并且 $\overline{L} > L'$ 。

我们以其他底栖动物这一功能组为例,该功能组生物的生产量P可以由以下公式得出,并可以进一步求得生产量与生物量的比值P/B。

log(P) = 0.240 + 0.960 log(B) − 0.210 log(M) + 0.030T − 0.160 log(D + 1) 其中,M 为最大底栖动物个体的干重(g),T 为福田红树林湿地表层水温($^{\circ}$ C),B 为生物量(g/m^2),D 为水深(m)。

福田红树林湿地生态系统中的浮游植物的生产力P一般可以由相关文献中获得,对于其他生物的P/B值,可以使用 EWE 模型中的 Ecoempire 经验公式进行估算获得,也可参考类似生态系统的数据。

(3) Q/B 系数的确定

消耗量 Q 指的是在一定时间范围内被某一种生物吸收的食物量,Q/B是指单位时间内某种生物摄食量与生物量的比值,在我们建立的福田红树林的 Ecopath 模型中,其单位是 $^{1/y}$ 。由对该生态系统的分析可以得到福田红树林湿地各个生物功能组的Q/B满足以下关系:

 $\log(Q/B) = 5.847 + 0.280 \log Z - 0.152 \log W_{\odot} - 1.360T + 0.062A + 0.510h + 0.390d$

上式中,Z表示总死亡率, W_{∞} 表示极限体重(g),T'=0 h k (其中 Kelvin 表示热力学温度)为湿地水体的年平均温度,A 为生物的形状参数(一般代指鱼类,如弹涂鱼的尾鳍形状参数, $A=H^2/a$,H 为尾鳍高度,a 为尾鳍面积),h 与d 均为为布尔变量,当h 取 1 时代表草食动物,取 0 则代表腐食或肉食动物,d 取 1 代表腐食者,取 0 代表草食或肉食动物。基于上述分析,采用相关模型算法,并参考相关生态学文献,我们得到福田红树林湿地生态系统 EWE 模型的基本参数如下表所示(其中粗体字表示系统估计值):

表 1 福田红树林生态系统 EWE 模型基本参数

编号	功能组	В	P/B	Q/B	EE
1	桐花树	287.1	0.450	0.720	0.329
2	秋茄(6年生)	435.5	0.500	0.770	0.219
3	秋茄 (20 年生)	341.2	0.250	0.350	0.345
4	海榄雌	13.55	0.350	0.750	0.231
5	无瓣海桑	660.4	0.700	0.810	0.362
6	海桑	322.4	0.750	0.760	0.400
7	甲壳动物	7.534	4.000	5.100	0.765
8	软体动物	7.525	4.350	5.200	0.814
9	弹涂鱼类	1.287	9.000	12.63	0.834
10	多毛类	0.689	7.200	19.65	0.675
11	其他底栖动物	0.0481	150.0	150.5	0.487
12	浮游动物	0.655	35.00	184.3	0.260
13	浮游植物	2.415	237.0	430.0	0.240
14	鸟类	0.423	1.000	99.0	1.000
15	碎屑	2204	-	-	0.023

5.2.4 福田红树林湿地一体化生态系统模型框架的构建

根据 5.2.2 中的模型参数分析,充分验证了我们建立的 Ecopath 模型中功能组划分的合理性,基于这一模型,我们进一步建立福田红树林湿地一体化生态系统模型框架,并使用该模型框架定量描述福田红树林生态系统中各生态场景及其相互关系。Ecopath 模型中各个功能组的食物网示意图如下图所示。

5

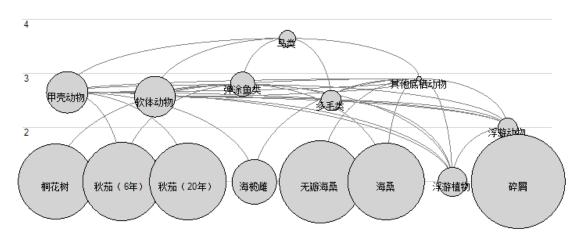


图 6 福田红树林湿地生态系统食物网 Ecopath 模型

从我们建立的 Ecopath 模型分析来看,模型中所定义的各个功能组的参数基本符合生态系统的实际情况。整个生态系统中,鸟类处于最高营养级(3~4),甲壳动物、弹涂鱼类、其他底栖动物等处于较高的营养级(2~3),而植物大多数处于整个生态系统的底层。整个福田红树林湿地生态系统大多数功能组的 *P/Q* 值大多在 0.3 左右。

为进一步确定模型的可信度,我们使用 Ecopath 模型中的 Pedigee 功能确定模型的置信度。首先根据数据来源的分析,使用德尔菲法确定每个数据的置信度,并转化为相应的数值,结果如下表所示:

表 2 福田红树林湿地生态系统模型数据置信度评价

功能组	В	P/B	Q/B	食物组成
桐花树	0.60	0.50	0.70	0.50
秋茄(6年生)	0.60	0.50	0.70	0.80
秋茄(20年生)	0.60	0.70	0.50	0.70
海榄雌	0.80	0.50	0.60	0.50
无瓣海桑	0.70	0.70	0.60	0.60
海桑	0.80	0.70	0.70	0.50
甲壳动物	0.80	0.60	0.60	0.80
软体动物	1.00	0.80	0.80	0.80

弾涂鱼类	1.00	0.60	0.70	0.80
多毛类	0.60	0.60	0.80	0.60
其他底栖动物	0.60	0.60	1.00	0.80
浮游动物	0.70	0.80	0.80	0.80
浮游植物	0.60	0.80	0.60	0.40
鸟类	0.60	1.00	0.60	0.80
碎屑	1.00	0.80	0.80	0.80

通过 Ecopath 模型中 Pedigree 的自动估算,福田红树林湿地生态系统模型的整体置信度为 0.6983,显著高于我国太湖生态系统 Ecopath 模型的 0.514 的置信度。因此,我们建立的福田红树林生态系统模型框架具有很高的可信度。

5. 2. 5 福田红树林湿地生态系统 Ecopath 模型特征分析

(1) 混合营养效应分析

在 5.2.2 的分析中我们已经分析了福田红树林生态系统的生态位重叠效应,并由此验证了我们构建的生态系统模型框架的科学性。在生态系统中的所有功能组之间,生态位重叠度最高的三个生物物种功能组分别是: 7 (甲壳动物)、8 (软体动物)、9 (弹涂鱼类)。基于这一结论,我们对该生态系统的混合营养效应进行进一步分析。

混合营养效应反映了生态系统中各个功能组之间的互利或者互害关系^[6], 其取值范围为[-1,1],类似于相关系数的定义,该系数取正值时表示功能组之间 是互利关系,反之,则是互害关系。混合营养效应系数的计算,需要综合考虑 福田红树林生态系统各个功能组之间的捕食关系和食物网传递作用而形成的间 接影响,通过对模型的深入分析,我们使用 Ecopath 软件得出福田红树林湿地 生态系统模型的各个功能组之间的混合营养效应如下图所示:

	Prey \ predator	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	鸟类	-0.413													
2	浮游植物			0.985	0.612	0.942	0.729	0.860	-0.183						
3	浮游动物					0.700			0.293						
4	其他底栖动物	0.954					0.831		0.962						
5	多毛类						0.583	0.825							
6	弹涂鱼类	0.452			0.827				-0.404						
7	软体动物	-0.487		0.144	0.0520		-0.347		-0.751						
8	甲壳动物	-0.367			0.646		-0.925	0.0850	-0.751						
9	海桑	-0.975		-0.866	-0.824	-0.906	-0.973	-0.936	-0.990						
10	无瓣海桑	-0.991		-0.973	-0.897	-0.970	-0.975	-0.918	-0.996						
11	海榄雌	-0.930				-0.925									
12	秋茄 (20年生)	-1.000			-0.795				-0.994						
13	秋茄(6年生)	-1.000						-0.934	-0.997						
14	桐花树	-1.000		-0.968											
15	碎石类														

图 7 福田红树林湿地生态系统模型混合营养效应图



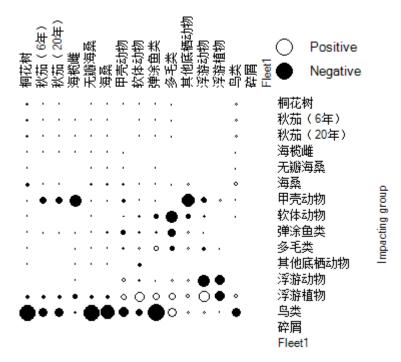


图 8 福田红树林生态系统混合营养效应分析

根据分析结果,我们可以看到,几乎所有的功能组之间都存在着混合营养效应,且大多数功能组之间的互相影响是负值,这就意味着福田红树林湿地生态系统中多数的生物存在着竞争关系,某一个生物组生物量的增加,一般会增大其他生物对食物和生存空间的竞争压力。值得注意的是,除了弹涂鱼类之外,其他功能组与自身的混合营养效应均为负值,这说明在某一个功能组生物增长的同时,其功能组内生物捕食和生存竞争会更大。若一个功能组对另一个功能组的混合营养效应为正值,则意味着前者的增长有利于后者生长,从上图

中可以看出,浮游植物对软体动物、弹涂鱼类、其他底栖动物等的混合营养效应为较高的正值,这说明浮游植物作为主要饵料,其生物量的增长有利于其他生物数量的增长。

(2) 生态系统的营养结构与能量流动

营养级聚合是指将整个生态系统中来自不同功能组的营养流合并为多个营养级,用以简化食物网关系。有效营养级指的是通过分析生态系统中的食物网关系,得出某一功能组相对初级生产者而言所处的营养级数,一般可以用分数表示。

我们通过对 Ecopath 模型的网络分析,将福田红树林湿地生态系统分为 5 个营养级,其中第 V 营养级的能留分布较低,因此该生态系统主要由 4 个营养级构成。

营养级的流量指的是单位时间内流经某一营养级的所有能流的总量。在我们所建立的福田红树林湿地生态系统 Ecopath 模型中,每个营养级的流量主要由被捕食、流向有机碎屑和呼吸三者共同组成。生态系统的生产量等于初级生产者和有机碎屑的流量,营养级 II 以上的营养级流量则等于其摄食量与被捕食量。根据 Ecopath 模型的计算结果,我们得到深圳市福田红树林湿地生态系统的总能流如下表所示。

atta Martina	I A MAIL				V V. 🖽
营养级	摄食消耗	输出	流入碎屑	呼吸	总流量
V	0.00312	0.00176	0.0193	0.0699	0.0941
IV	0.1203	0.0492	0.514	1.872	2.556
III	2.671	1.378	10.76	35.03	49.84
II	58.31	19.56	116.6	70.55	265.0
I	104.5	3895	0.000	0.000	3999
合计	165.6	3916	127.8	107.5	4316

表 3 深圳市福田红树林湿地生态系统总能流

由上表可以看出,初级生产者的总流量,即生产量为 $4316t/km^2/y$,其中被摄食的量仅仅为 $165.6t/km^2/y$,大多数流入了有机碎屑。从上表中可以看出,无论是初级生产者还是有机碎屑流向各个营养级的能流分布,都是随着营

养级的递增逐渐降低的,流量的分布呈现出金字塔形的结构。

能量来源	营养级II	营养级III	营养级IV	营养级V
生产者	-	-	-	-
有机碎屑	17.5	9.2	5.4	5.1
总能流	17.5	9.2	5.4	5.1

表 4 福田红树林湿地生态系统各营养级能流转化效率

营养级之间的能流转化效率是指该营养级输出与被摄食的流量和总流量之间的比值,体现了该营养级在系统中被利用的效率。由上表可以看出,福田红树林生态系统中,除了第一二营养级之外,大多数能流转换效率在10%以下,可以证明出该体系的能量利用率不高,其中第四和第五营养级之间的能流转化效率仅为5.1%。

5.3 基于卫星遥感技术的福田红树林生态系统动态检测

5.3.1 福田红树林遥感动态监测指标

遥感动态监测就是从不同时期的遥感数据中,分析和确定地表示变化的特征与过程,主要涉及到变化的分布状况与变化量,即需要确定变化前后的地物类型、界线及变化趋势,能提供地物的空间分布及其变化的定性和定量信息。

为了研究红树林面积的变化情况,采用土地利用类型中的动态度来对红树林进行分析。动态度表示一个地区在一定时段内某种土地利用类型的数量变化情况,其表达式为[7]:

$$K = \frac{U_a - U_b}{U_a} \cdot \frac{1}{T} \times 100\%$$

上式中,K表示T时段内某种土地利用类型的动态度; U_a 和 U_b 分别表示监测初始时刻a和结束时刻b的土地利用类型面积;T为监测时段长度,当T以年表示时段时,K为某种土地类型的年动态度。

该动态度指数的可反映土地利用类型的变化幅度和变化速度,也易于通过

类型间的比较反映变化的类型差异,从而探求其背后的驱动或限制因素。

5.3.2 基于相关系数与光谱角方法的红树林区光谱图像匹配与分类

红树林动态监测的基础是对红树林区域的识别与分类识别,基于相关系数法可以求出不同类型红树林之间的差异,在光谱图像上定量进行识别,相关系数的计算公式为[7]:

$$\rho_{x,y} = \frac{Cov(X,Y)}{\sigma_x \cdot \sigma_y}$$

式中, $-1 \le \rho_{xy} \le 1$, 且

$$Cov(X,Y) = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^{n} (x_j - \mu_x)(y_j - \mu_y)$$

由上述公式,得出各种类型之间的相关系数表如下:

	木榄	桐花树	海榄雌	秋茄	白骨壤
木榄	1	0.9985	0.9982	0.9980	0.9959
桐花树	0.9985	1	0.9995	0.9993	0.9982
海榄雌	0.9982	0.9995	1	0.9981	0.9969
秋茄	0.9980	0.9994	0.9981	1	0.9978
白骨壤	0.9959	0.9982	0.9969	0.9978	1

表 5 各类型红树林植物间的相关系数值

从上述讨论分析可知,木榄的光谱数据与桐花树和海榄雌的相关系数最大,和白骨壤的相关系数最小,秋茄与桐花树关系最大,而白骨壤与桐花树相关系数最大,但是基本所有的红树植物之间的相关系数均大于 0.99,所以相对难以区分,为了解决这一问题,我们采用光谱角的方法对福田红树林进行光谱匹配。

光谱角度制图法是通过计算一个测试光谱与参考光谱之间的"角度"来确定相互之间的相似性。通过野外实测光谱作为参考光谱,将假定的所有的暗辐射和路径辐射全部去除。并用之处理一个光谱维数等于波段数的光谱空间的一

个向量相比而言,照度低的像元比具有相同光谱特征但是照度高的像元较为集中在原点附近,该方法的实现公式为:

$$\hat{o} = \cos^{-1} \left[\frac{\sum_{i=1}^{n_b} t_i r_i}{(\sum_{i=1}^{n_b} t_i^2)^{\frac{1}{2}} (\sum_{i=1}^{n_b} r_i^2)^{\frac{1}{2}}} \right]$$

上式中 n_b 等于波段数, t_i 为测试光谱, r_i 为参考光谱。具体的步骤如下:

STEP1: 在光谱数据中选择标准的"最终成分光谱"。

STEP2:对"最终成分光谱"做重采样,使得图像光谱分辨率与地面光谱分辨率一致。

STEP3: 分别对光谱数据库的"最终成分光谱"和图像光谱提取光谱求n阶导数,如有必要,可以先对原始数据做低通平滑处理。

STEP4: 计算最终成分光谱和图像像元的两个光谱向量之间的角度(广义 余弦夹角),以此评价两个光谱间的相似性,其中 ∂ 表示两个光谱向量的广义夹角, ∂ 的值域为 $\partial \nabla \pi/\partial x$,当 ∂ 为 $\partial \nabla x$,两个光谱完全相似,反之则完全不同。

STEP5: 计算成像光谱图上每一个像元光谱和最终成分光谱的 ∂_i ,实现对光谱图像匹配和分类。

5. 3. 3 基于 Kohonen 自组织神经网络的红树林遥感图像分类

在 5.3.1~5.3.2 中我们讨论了红树林植物分类与监测的指标与相关理论基础,传统的分类方法主要通过目视解译,这种方式需要图像判读这具有丰富的地学知识和目视判读经验,而且花费的时间大,信息获取周期长。针对现有计算机遥感图像处理方式的分类精度不高的弊端,我们采用人工神经网络的方法,基于自组织神经网络理论对彩色遥感图像进行分类,并提出了相应的Matlab 实现方法。

自组织特征映射 **SOM** 模型可以用二维阵列表示(如下图),二维阵列神经 网络由输入层和竞争层组成,输入层是以为神经元,竞争层是二维神经元。输入层的神经元和二微阵列竞争层神经元每个都相互连接^[8]。

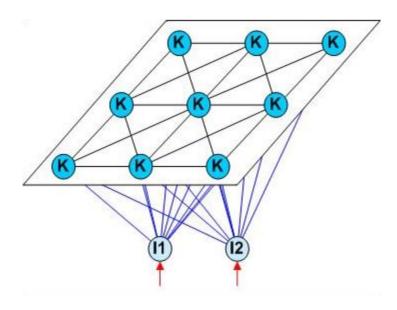


图 9 二维阵列的 SOM 模型

基于 SOM 模型,我们选取深圳市福田区红树林自然保护区的彩色遥感图像,并对其做辐射、光强增强及随机去噪声处理,使图像更加清晰,生成TM432 假彩色图像(如下图所示)。



图 10 福田红树林自然保护区遥感图像

通过预处理,我们可以较好地对福田红树林图像进行分类检测,通过将图像进行降维变换,使其更方便地输入到神经网络中进行分类处理(Matlab 程序见附录),利用 newsom 函数可以创建自组织神经网络。其格式为:

mysonet = newsom(min, max[m]),设 $X = [X_1, X_2, \cdots, X_n]$ 为输入样本,上式中min 表示X 的最小值,max 表示X 的最大值,m表示竞争过程中获胜的神经元数。采用该方法分别对图像的R 层、G 层和B 层进行处理。Kohonen 自组织神经网络的训练步骤为[8]:

STEP1: 初始化,随机设置较小的数 $w_i(0)$;

STEP2: 计算输入向量x(n) 与所有权向量 $w_i(n)$ 之间的欧氏距离,取距离最小的神经元作为获胜神经元c,例如 $\|x(n)-w_c(n)\|=\min\|x(n)-w_i(n)\|$;

STEP3: 修正权值, $w_i(n+1) = w_i(n) + \eta[x(n) - w_i(n)]$,i 为获胜神经元周围 邻域的一组神经元下标, η 为学习率,且 $0 < \eta < 1$, η 随着迭代的次数而下降;

STEP4: 返回 STEP1, 直到 $w_c = w_i$ 为止。

通过上述算法的 Matlab 实现,结合相关实际情况与目视解译的方法,我们得出遥感图像大致分为红树林地、沙地、水体等几部分,将图像输入到神经网络中,训练仿真的输出结果如下图所示。



图 11 福田红树林区遥感图像的神经网络输出结果

基于 Kohonen 神经网络, 我们可以编程得到分类后图像的 R、G、B 三层 的灰度图像,更好地反映真实情况,提高检测效率,程序输出结果如下图所 示。

训练后仿真输出结果



分类后降维图像(G)



分类后降维图像(R)



分类后降维图像(B)



图 12 福田红树林分类后的 R、G、B 遥感图像

通过上述分析,我们得出不同分类方法的分类精度对照表如下。

表 6 不同分类方法的分类精度对照表

分类方法	Kappa 系数	总精度
最大似然法	72.35	74.38
BP 神经网络法	75.66	77.81
Kohonen 神经网络法	81.97	83.75

通过上表的分析,我们可以看出 Kohonen 神经网络法在 Kappa 系数与总精 度两个指标上均远远高于最大似然法和 BP 神经网络法, 因此我们可以采用此 方法对福田红树林中不同红树植物的生物量进行动态监测,并基于监测结果建 立相应的红树林生态区综合管理系统模型框架。

5.4 生态系统动态模拟的系统动力学模型

生态系统是各物种之间保持相对稳定的一个生态环境状态,各物种之间相互影响,相互制约,忽略人为因素和自然因素的影响,衡量一个生态系统是否健康,可以用各物种种群数量之间的相对稳定来表示,而为了能够描述各物种的种群数量的变化,我们采用系统动力学模拟生态系统的各物种之间的相互影响与种群繁殖,以种群繁殖模型为基础,考虑各物种之间的关系,利用 Vensim PLE 软件构建福田红树林自然保护区生态系统的系统动力学模型。

(1) 系统动力学简介

系统动力学(简称 SD—system dynamics)的出现于 1956 年,创始人为美国麻省理工学院(MIT)的福瑞斯特(J. W. Forrester)教授。系统动力学是福瑞斯特教授于 1958 年为分析生产管理及库存管理等企业问题而提出的系统仿真方法。是一门分析研究信息反馈系统的学科,也是一门认识系统问题和解决系统问题的交叉综合学科。从系统方法论来说:系统动力学是结构的方法、功能的方法和历史的方法的统一。它基于系统论,吸收了控制论、信息论的精髓,是一门综合自然科学和社会科学的横向学科。

系统动力学(system dynamics)运用"凡系统必有结构,系统结构决定系统功能"的系统科学思想,根据系统内部组成要素互为因果的反馈特点,从系统的内部结构来寻找问题发生的根源,而不是用外部的干扰或随机事件来说明系统的行为性质。

(2) Vensim PLE 软件

Vensim 是一个界面友好、操作简单、功能强大的系统仿真平台,可以帮助我们理解《系统动力学》的基本原理和方法,同时也是《系统动力学》学科体系的重要组成部分。

(3) 模型依据

为了反应各物种之间的相互影响,我们参照附件 9《福田红树林湿地生态系统的 EWE 模型构建》中的各物种之间的捕食与被捕食关系,确定各物种之间的关系,了解其生态系统中各因素的反馈作用,使用系统动力学方法,确定影响参数,反馈系数,建立起以物种数量为基础福田红树林湿地生态系统的系统动力学模型。

(4) 模型假设

- ①各被捕食物种的种群数量只影响捕食者种群的出生率,红树林的环境因素和人为因素影响各物种的平均寿命,以方便简化模型。
 - ②各物种之间的相互影响,只选取影响较大的物种。
- ③因为对生态系统内各物种进行了聚类分析,聚类后红树林生态系统内各物种的出生率与平均寿命难以查阅,选取各功能组中的优势种查阅资料进行出生率和平均寿命的估算。
- ④SD 模型以 10000 平方米为生态系统面积,忽略地理差异,包含生态系统所有属性。

(5) 模型建立

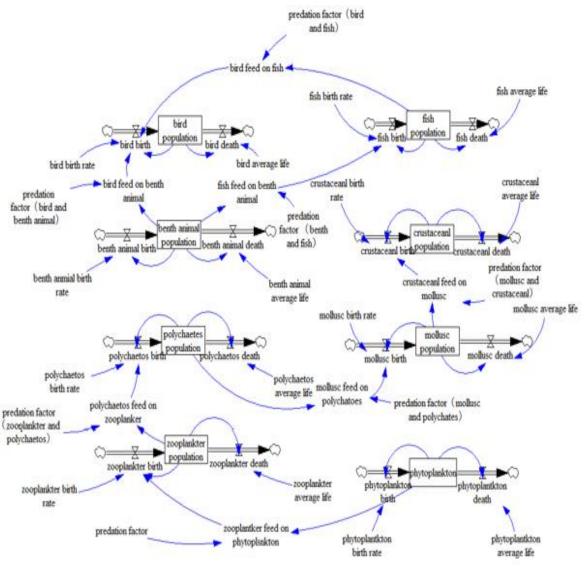


图 13 福田红树林系统动力学流程图

(6) 模型关系的确定

①鸟类种群数量相关公式

Bird population=INTEG (bird birth-bird death)

Bird birth=bird population*bird birth rate+bird feed on benth animal*0.000231+bird feed on fish*0.000102

Bird death=bird population/bird average life

②鱼类种群数量相关公式

Fish population= INTEG (fish birth-fish death)

Fish birth=fish population*fish birth rate+fish feed on benth animal*0.0001021+ fish feed on mollusc*0.0002314

Fish death=fish population/fish average life

③底栖动物种群数量相关公式

Benth animal population= INTEG (Benth animal birth- Benth animal death)

Benth animal birth= Benth animal population* Benth animal birth rate + Benth animal feed on polychatoes*0.0002321

Benth animal death= Benth animal population/benth animal average life

④甲壳动物种群数量相关公式

crustaceans population= INTEG (crustaceans birth- crustaceans death)

crustaceans birth= crustaceans population* crustaceans birth rate + crustaceans feed on mollusc*0.0002321

crustaceans death= crustaceans population/ crustaceans average life

⑤软体动物种群数量相关公式

mollusc population= INTEG (mollusc birth- mollusc death)

mollusc birth= mollusc population* mollusc birth rate + mollusc feed on polychatoes*0.0001734

mollusc death= mollusc population/ mollusc average life

⑥多毛类种群数量相关公式

polychatoes population= INTEG (polychatoes birth- polychatoes death)

polychatoes birth= polychatoes population* mollusc rate + polychatoes feed on

zooplankter*0.0006542

polychatoes death= polychatoes population/polychatoes average life

(7) 模型仿真结果

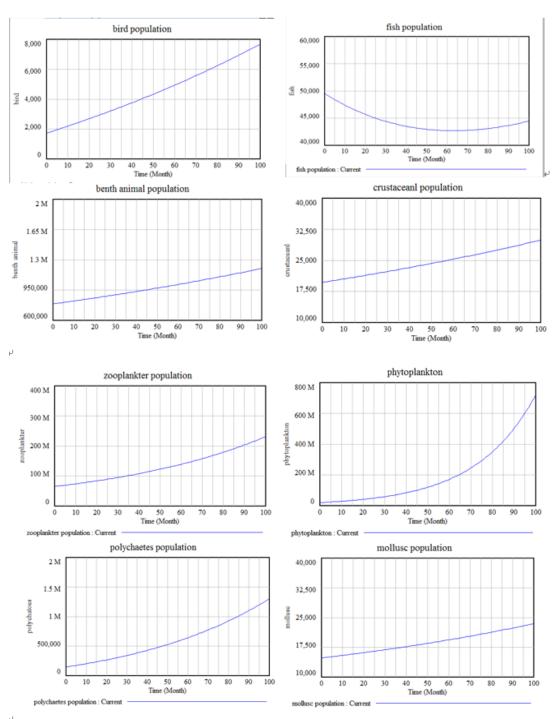


图 14 系统动力学各物种的种群数量预测曲线图

这是我们根据 vensim PLE 模拟仿真得到未来 100 个月各功能组物种种群的变化情况,发现各物种之间均是稳定增长,但是浮游植物在未来几年可能因为

增长过快,造成大量增殖,因为这里忽略了大量浮游植物对其他水生物种的影响的情况,所以各物种仍然较为平稳地增长。

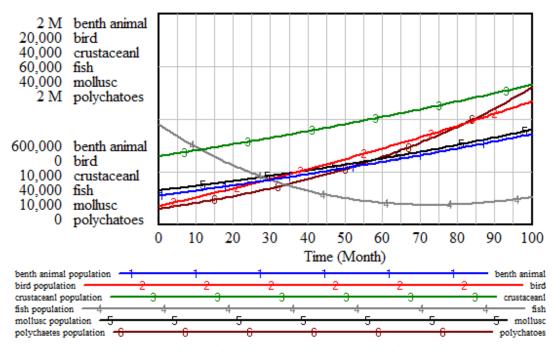


图 15 未来 100 个月各物种种群的变化趋势曲线图

从图上可以看出,在环境允许范围内,大部分物种仍然稳定地增长,只有 鱼类先有了一定的下降,然后趋于稳定,说明鱼类在未来的变化也是较为稳定 的,整体看来,福田红树林自然保护区在未来需要适当保护鱼类种群的数量。

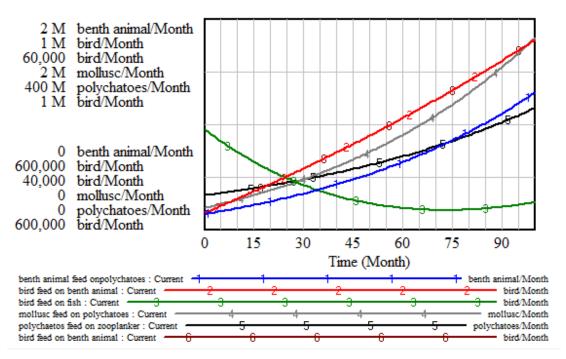


图 16 物种间影响因子的变化情况图

图 16 反映的是各物种对彼此的影响,一般规律是随着物种数量的增加,影响因子也慢慢增大,但是因子并不足以改变物种数量的变化趋势,只有底栖动物对鱼类的影响不满足规律,原因可能有捕食关系中,底栖动物有时也会反向捕食鱼类,所以影响成负相关,而且慢慢影响因子趋于稳定。

5.5 基于 PSR 模型的福田红树林生态系统评价模型

5.5.1 基于 PSR 理论概述与健康评价的指标选取

"压力一状态一响应"(Pressure-State-Response, PSR)模型是联合国经济合作与发展组织(OCED)于 1990年创立的,目前广泛应用于包括湿地在内的各种生态环境质量评价中,许多政府和组织都认为 PSR 模型仍然是用于环境指标组织和环境现状回报最有效的框架,是目前最广泛应用的指标体系之一^[9]。

由于受到人类干扰和管理,红树林湿地生态系统属于社会、经济、自然的复合生态系统。根据红树林湿地生态系统健康的内涵,在健康评价时除考虑自然指标外,必然得考虑社会经济指标,反映其服务功能变化的指标也必不可少。同时,对于红树林湿地生态系统健康评价的研究,极大程度上是为分析其受人类干扰的情况,找出主要干扰因子,实现更好地管理,故评价指标中压力

一响应指标不可缺少。

因此,红树林湿地生态系统健康评价指标体系的构建,可引入 PSR 模型,以"压力一状态一响应"为主线,以科学性、合理性、可操作性为原则,利用各种健康诊断方法,从社会、经济、生态系统等多方面考虑构建。压力指标反映产生环境问题的原因和潜在影响,状态指标反映生态系统自然环境状况的现状,响应指标反映生态系统对人类需求方面的功能响应以及人类为克服生态环境问题所做出的反应。

一般来讲,红树林湿地生态系统评价指标的选取应该遵循下列原则[10]:

(1) 科学合理性原则

红树林湿地生态系统健康评价的指标体系要能真实反映红树林湿地生态系统的健康状况,能准确反映评价目标与指标之间的关系,指标体系要大小适宜,要保证评价结果的真实性和客观性。

(2) 完整性与层次性原则

指标体系的构建要覆盖各个方面,力求最大限度地综合反映红树林湿地生态系统的健康状况,同时,又要层次清晰,有条理性。

(3) 可操作性原则

考虑指标获取的实际情况,在保证评价结果客观真实合理的前提下,选取 易于获取、易于计算的指标。指标的数据采集应尽量节省成本,用最小的投入获得最大的信息量。

(4) 避免重复的原则

应尽量避免指标之间的重复性,选取最有代表性的指标,保证结果的科学性。

基于上述分析,本文在熟悉红树林湿地生态系统自身特点的基础上,结合 红树林生态系统影响因子的分析及湿地生态系统健康评价指标研究,以 PSR 模型为线,构建福田红树林湿地生态系统健康评价指标体系。具体的评价指标如下表所示:

表 7 深圳福田红树林生态系统评价指标

		结构完整性与稳	林分起源、集约
		定性	度
	群落	物种组成	树种丰度等
		外来物种入侵	植物、动物、鸟
			类等
		病虫害危害	种类、数量、面
红树林湿地			积等
健康评价指标		湿地破碎化程度	危害植株数等
		多样性生境的完	林地总面积等
		整性	
	群落稳定性	经济生产对群落	有林地面积比例
	生境理化指标	的干扰	等
		潮滩土壤	红树林距工厂、
			道路距离
		水文水质	土壤盐度、PH等
	生物因子指标		每立方米穴居动
			物数量

根据上述分析,我们采用 R 型因子分析的方法^[11],在评价体系涉及的 37 个具体的评价指标中提取若干指标,以便于后面的建模分析。

R 型因子分析数学模型是:

设原有 p 个变量 x_1, x_2, \cdots, x_p ,且每个变量(或经标准化处理后)的均值为 0,标准差为 1。现将每个原有变量用 k (k < p)个因子 f_1, f_2, \cdots, f_p 的线性组合来表示,即有:

$$\begin{cases} x_1 = a_{11}f_1 + a_{12}f_2 + \dots + a_{1k}f_k + \varepsilon_1 \\ x_2 = a_{21}f_1 + a_{22}f_2 + \dots + a_{2k}f_k + \varepsilon_2 \\ \vdots \\ x_p = a_{p1}f_1 + a_{p2}f_2 + \dots + a_{pk}f_k + \varepsilon_p \end{cases}$$

上式就是因子分析的的数学模型,也可以用矩阵的形式表示为 $X = AF + \varepsilon$ 。

其中,X 是可实测的随机向量。F 称为因子,由于它们出现在每个原有变量的线性表达式中,因此又称为公共因子。A 称为因子载荷矩阵, a_{ij} 称为因子载荷。 ε 称为特殊因子,表示了原有变量不能被因子解释的部分,其均值为0。

因子分析的基本思想是通过对变量的相关系数矩阵内部结构的分析,从中找出少数几个能控制原始变量的随机变量 $f_i(i=1,2,\cdots,k)$,选取公共因子的原则是使其尽可能多的包含原始变量中的信息,建立模型 $X=AF+\varepsilon$,忽略 ε ,以 F 代替 X ,用它再现原始变量 X 的信息,达到简化变量降低维数的目的。

我们基于已有数据,采用因子分析的方法,选取福田红树林的原始数据,进行因子分析,所得到的因子碎石图如下:

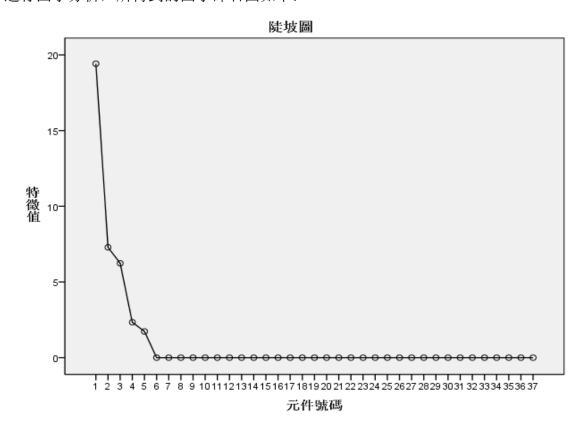


图 17 红树林生态系统指标选取的因子碎石图

本文采取主成分分析法,一共选择 37 个可能的因子数,由因子碎石图分析并计算因子得分可知,前 6 个指标便可以较好地代表整个生态系统红树林评价过程,因此我们可以选取至少六个指标进行最终的评价。运用 SPSS 6.0 软件,根据因子得分矩阵,我们选取十个指标进行最终评价。这十个指标分别是: 林地总面积、有林地面积比例、林地距居民区距离、物种丰度、植物生物量、鸟类数量、土壤重金属含量、优势种比例、土壤盐度和大型爬行动物生物量等。

5.5.2 基于层次分析法与熵值取权法的红树林评价模型构建与求解

5.5.2.1 评价模型构建

我们在上述分析中已经建立模型科学的选出了十项指标用于红树林生态统评价模型的构建,评价模型构建的核心是定权。较为常用的评价模型方法有德尔菲法、层次分析法、模糊综合评价法等,其中层次分析法是最为常用的定权方法,但由于其主观性太强,因此我们采用层次分析法与熵值取权法相结合的方式进行模型的求解。

(1) 层次分析模型

层次分析法(AHP)是由美国著名运筹学家、匹茨堡大学教授 T.L.Saaty 教授于 20世纪70年代中期提出的一种系统分析方法,是一种实用的多准则决策方法,该法能将定性与定量相结合,将人的主观判断用数量形式表达和处理。根据分析,我们采用此方法确定各影响因素的权值。

层次分析的核心是判断矩阵的构造,根据判断矩阵进行每项元素的两两比较,通过评分判断优劣,则判断矩阵可以表示为:

$$\mathbf{B}_{k} = \begin{bmatrix} b_{11} & b_{12} & \cdots & b_{1n} \\ b_{21} & b_{22} & \cdots & b_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ b_{n1} & b_{n2} & \cdots & b_{nn} \end{bmatrix}$$

矩阵所有元素取值均有比较矩阵获得,比较矩阵是用矩阵形式定量表示指标之间相对重要程度,相对重要程度通常使用 1~9 进行度量,其标度如下表所

标度 两目标相比 1 同样重要 3 稍微重要 5 明显重要 重要得多 7 9 极端重要 介于以上两种情况之间 2,4,6,8 以上各数的倒数 两目标反过来比较

表 8 判断矩阵中个元素的确定

基于上述标准建立相应的判断矩阵,并对判断矩阵的特征向量进行求解, 检验矩阵的一致性;通过一致性检验,对各层排序加权值进行确定。若检验没 有通过,需要对判断矩阵进行重新调整。最后,在同一层次上不同指标对福田 红树林生态系统总目标的优先度进行排序。依据准则层,正规化求和后对不同 准则下各指标排出优劣次序。根据相同方法,排出优劣次序,作出综合评价, 由此建立福田红树林湿地生态系统评价的层次分析模型。

(2) 熵值取权法

熵原本是热力学的概念,但自从数学家香农将其引进通讯工程并进而形成信息论后,熵在工程技术、管理科学乃至社会经济等领域得到了广泛的应用。信息熵是系统无序程度的量度。熵值取权法的优势在于,它是通过判断各个因素的变化剧烈程度来决定该因素在最终目标中所占的权重。某项指标的指标值变异程度越大,信息熵越小,该指标的信息量越大,该指标的权重越大;反之,某项指标的指标值变异程度越小,信息熵越大,该指标提供的信息量越小,该指标的权重越小。

熵权法的评价矩阵与层次分析法类似,由于红树林湿地生态系统评价指标 体系中各指标的量纲、数量级及指标正逆方向的确定差异化程度不同,首先需 要对原始指标体系的指标数据做标准化处理。红树林生态系统评价指标体系中第i地区第j个指标 r_{ii} 的信息熵是:

$$p_{ij} = \frac{r_{ij}}{\sum_{i=1}^{m} r_{ij}}$$

$$e_j = -k \sum_{i=1}^m p_{ij} \ln p_{ij}$$

上式 $k = \ln m$ 为常数,m是红树林研究区域的总地块数目;由上述分析可以看出红树林生态系统评价指标体系中第i地区第j个指标的信息熵值 e_j 比较小,表明这个指标的指标值表现差异性较大,提供的信息量相对较多其在指标体系中的其权重应较大;反之,表明这个指标的指标值表现差异性较小,提供的信息量相对较少其在指标体系中的其权重应较小。在具体应用时,根据红树林生态系统评价指标体系中各三级指标的信息熵的大小进行综合加权来分析指标的重要程度,具体公式为:

$$q_j = \frac{1 - e_j}{n - \sum_{i=1}^{n} e_j}$$

由此便建立了红树林生态系统评价体系的熵权法模型,将此种方法与层次分析法结合,可以显著降低定权的主观性。

5. 5. 2. 2 评价模型求解

由于红树林生态系统评价指标体系中各指标的量纲、数量级的不同,需要在综合评价前对数据进行预处理,由于体系指标基本可以分为两种:一种是指标数据越大代表红树林生态水平越好的为正向指标;一种是指标数据越小代表生态水平越差的为负向指标。我们采用相对比较简单、直观的原数据处理方法,具体形式如下:

$$x'_{ij} = \begin{cases} \frac{x''_{ij}}{\max x''_{.j}},$$
 当原始指标 x''_{ij} 为正向指标时
$$\frac{x''_{ij}}{\min x''_{.j}},$$
 当原始指标 x''_{ij} 为逆向指标时

$$x(i,j) = \frac{x'_{ij} - \overline{x}'_{j}}{s'_{i}}$$

其中 $\{x_{ij}''|i=1,2,\cdots,n;j=1,2,\cdots,k\}$ 为红树林生态系统评价指标体系的指标值构成的集合, x_{ij}'' 为第i个区域的第j个指标。通过数据预处理,可以有效降低不同类型数据对结果的影响。

通过相关资料查询与专家打分,我们得到林地总面积、有林地面积比例、 林地距居民区距离、物种丰度、植物生物量、鸟类数量、土壤重金属含量、优 势种比例、土壤盐度和大型爬行动物生物量等十项因素的比较矩阵:

$$m_{ij} = \begin{bmatrix} 1 & 1/3 & 1/3 & 1/5 & 1/4 & 1/3 & 1/2 & 3 & 1/4 & 1/2 \\ 3 & 1 & 1 & 1/2 & 1/2 & 1 & 1 & 8 & 1/2 & 1 \\ 3 & 1 & 1 & 1/2 & 1 & 1 & 2 & 7 & 1 & 1 \\ 5 & 2 & 2 & 1 & 1 & 2 & 3 & 9 & 1 & 2 \\ 4 & 2 & 1 & 1 & 1 & 1 & 2 & 9 & 1 & 2 \\ 3 & 1 & 1 & 1/2 & 1 & 1 & 2 & 7 & 1/2 & 2 \\ 2 & 1 & 1/2 & 1/3 & 1/2 & 1/2 & 1 & 6 & 1/2 & 1 \\ 1/3 & 1/8 & 1/7 & 1/9 & 1/9 & 1/7 & 1/6 & 1 & 1/9 & 1/5 \\ 4 & 2 & 1 & 1 & 1 & 2 & 2 & 9 & 1 & 2 \\ 2 & 1 & 1 & 1/2 & 1/2 & 1/2 & 1 & 5 & 1/2 & 1 \end{bmatrix}$$

计算权重和特征根的方法有"和积法"、"方根法"等,在此,我们使用"方根法"计算各指标的权值向量如下:

 $w_1 = \begin{bmatrix} 0.0368 & 0.0924 & 0.1129 & 0.1780 & 0.1450 & 0.1129 & 0.0718 & 0.0150 & 0.1561 & 0.0788 \end{bmatrix}$ 判断矩阵的最大特征值:

$$\lambda_{\text{max}} = 10.1560$$

一致性检验:

STEP1: 一致性指标 C.I.:

$$C.I. = \frac{\left|\lambda_{\text{max}} - n\right|}{n - 1} = \frac{\left|10.1560 - 10\right|}{10 - 1} = 0.0173$$

STEP2: 随机一致性指标 R.I.:

							7					
R.I.	0	0	0.58	0.90	1.12	1.24	1.32	1.41	1.45	1.49	1.51	1.54

由上表所示, 当 n=10 时, R.I.=1.49。

STEP3: 一致性比率:

$$C.R. = \frac{C.I.}{RI} = \frac{0.0173}{1.49} = 0.0116$$

因为C.R.=0.0116<0.1,所以该结果满足一致性要求。

为了使用熵值取权法,我们首先对任意红树林数据做归一化处理,并基于 归一化数据进行如下求解过程:

STEP1: 我们将上述第 j 项指标下第 i 方案指标值的比重 $p_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sum_{i=1}^{m} x_{ij}}$ 排成下列指

标矩阵 (归一化处理):

$$d_{m \times n} = \begin{bmatrix} 0.3246 & 0.3626 & 0.3552 & 0.3133 & 0.3226 & 0.3200 & 0.3388 & 0.3320 & 0.3257 & 0.3308 \\ 0.3134 & 0.2863 & 0.2973 & 0.3494 & 0.3226 & 0.3345 & 0.3102 & 0.3280 & 0.3142 & 0.3231 \\ 0.3619 & 0.3511 & 0.3475 & 0.3373 & 0.3548 & 0.3455 & 0.3510 & 0.3400 & 0.3601 & 0.3461 \end{bmatrix}$$

STEP2: 计算第 j 项指标的熵值 $e_j = -k \sum_{i=1}^m p_{ij} \ln p_{ij}$ (设 $k = 1/\ln m$),并得到熵值矩阵:

 $e_{1\times 10}$ =[0.9982 0.9953 0.9973 0.9991 0.9991 0.9996 0.9987 0.9999 0.9985 0.9996] STEP3:计算差异性系数 g_i = 1 – e_i ,得到差异性矩阵:

 $g_{1\times 10} = \begin{bmatrix} 0.0018 & 0.0047 & 0.0027 & 0.0009 & 0.0009 & 0.0004 & 0.0013 & 0.0001 & 0.0015 & 0.0004 \end{bmatrix}$

STEP4: 将差异性系数矩阵归一化($w_j = g_j / \sum_{i=1}^m g_j$)得到熵值法权重矩阵:

 $w_2 = \begin{bmatrix} 0.1224 & 0.3197 & 0.1837 & 0.0612 & 0.0612 & 0.0272 & 0.0884 & 0.0068 & 0.1020 & 0.0272 \end{bmatrix}$

为了弥补主观赋权与客观赋权的不足,我们采用主客观结合赋权法确定各项影响因素的权重向量,组合赋权法有下面两种方法(设主观权向量 $w_1 = (\alpha_1, \alpha_2, \cdots \alpha_m)$,客观权向量 $w_2 = (\beta_1, \beta_2, \cdots \beta_m)$):

$$(1) \quad w_i = \frac{\alpha_i \beta_i}{\sum_{i=1}^m \alpha_i \beta_i}$$

(2)
$$w_i = \lambda \alpha_i + (1 - \lambda) \beta_i$$
, 其中 $0 < \lambda < 1$

我们采用上述第二种赋权方式,并设 $\lambda = 0.7$,得出各项评价指标的组合权向量:

W=[0.0625 0.1606 0.1342 0.1430 0.1199 0.0872 0.0768 0.0125 0.1399 0.0633] 由此确定了各项红树林生态系统评价指标的权重,由于综合采用了主观定权方法——层次分析法和客观定权方法——熵值取权法,因此本文中得出的权重具有较高的可信度,既降低了定权的主观性,又不至于使所定权向量脱离实际情况。最终的模型结果如下表所示:

表 9 红树林生态系统评价模型各因素权值

红树林生态系统评价指标	权值
林地总面积	0.0625
有林地面积比例	0.1606
林地距居民区距离	0.1342
物种丰度	0.1430
植物生物量	0.1199
鸟类数量	0.0872
土壤重金属含量	0.0768
优势种比例	0.0125
土壤盐度	0.1399
大型爬行动物生物量	0.0633

5.6 福田红树林生态发展的预测

在上面的分析中,我们已经分别讨论了基于遥感技术的红树林动态监测系统模型框架与基于层次分析法和熵权法的红树林生态系统评价模型。通过分析,我们认为深圳市福田红树林中最具代表性的指标是红树林的面积,该指标可以较好地反映红树林的生态发展趋势,因此,我们对福田红树林的面积建立组合预测模型进行定量预测,并由此反映福田红树林的生态发展趋势。

5.6.1 灰色预测模型

灰色预测模型是我国邓聚龙教授于 1982 年提出,我们采用灰色 GM (1,1)模型进行预测,该模型的基本思路是把无明显规律的时间序列,经过一次累加生成时间序列,为建立 GM (1,1)灰色模型提供中间信息,并弱化原序列的随机性,然后采用一阶单变量动态模型 GM (1,1)进行拟合,用模型推算出来的书回代计算值,作累减还原计算,最后对还原值进行精度检验,即可用于预测。

其具体步骤如下:

STEP1: 设 $x^{(0)} = (x^{(0)}(1), x^{(0)}(2), \dots, x^{(0)}(n))$ 为原始数列,对原始数列进行依次累加生成,得到数列:

$$x^{(1)} = (x^{(1)}(1), x^{(1)}(2), \dots, x^{(1)}(n))$$

其中,
$$x^{(1)}(k) = \sum_{i=1}^{k} x^{(0)}(i), k = 1, 2, \dots, n$$

STEP2: 定义 $x^{(1)}$ 的灰导数为:

$$d(k) = x^{(0)}(k) = x^{(1)}(k) - x^{(1)}(k-1)$$

令 $z^{(1)} = (x^{(1)}(2), x^{(1)}(3), \dots, x^{(1)}(n))$ 为数列 $x^{(1)}$ 的邻值生成数列,即

$$z^{(1)}(k) = \alpha x^{(1)}(k) + (1 - \alpha)x^{(1)}(k - 1)$$

于是定义 GM(1,1)的灰微分方程模型为

$$d(k) + az^{(1)}(k) = b$$

即

$$x^{(0)}(k) + az^{(1)}(k) = b$$

STEP3: 在上式中, $x^{(0)}(k)$ 称为灰导数,a 称为发展系数, $z^{(1)}(k)$ 称为白化背景值,b 称为灰作用量。将时刻 $k = 2,3,\cdots,n$ 代入(1)式有:

$$\begin{cases} x^{(0)}(2) + az^{(1)}(2) = b \\ x^{(0)}(3) + az^{(1)}(3) = b \\ \dots \\ x^{(0)}(n) + az^{(1)}(n) = b \end{cases}$$

引入矩阵向量记号:

$$Y = \begin{bmatrix} x^{(0)}(2) \\ x^{(0)}(3) \\ \vdots \\ x^{(0)}(n) \end{bmatrix}, \qquad u = \begin{bmatrix} a \\ b \end{bmatrix}, \qquad B = \begin{bmatrix} -z^{(1)}(2) & 1 \\ -z^{(1)}(3) & 1 \\ \vdots & \vdots \\ -z^{(1)}(n) & 1 \end{bmatrix}$$

数据向量

参数向量

数据矩阵

因此 GM(1,1)模型可表示为 Y = Bu. 用一元线性回归,即最小二乘法求它们的估计值为:

$$\hat{u} = \begin{bmatrix} \hat{a} \\ \hat{a} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = (B^T B)^{-1} B^T Y$$

STEP4: 灰导数 $x^{(0)}(k)$ 的时刻 $k = 2,3,\cdots,n$ 可视为连续变量 t ,则 $x^{(1)}$ 视为时间 t 的函数 $x^{(1)}(t)$,于是 $x^{(0)}(k)$ 对应于导数 $\frac{dx^{(1)}(t)}{dt}$,让背景值 $z^{(1)}(k)$ 对应于导数 $x^{(1)}(t)$ 。于是 GM(1,1)的灰微分方程对于的白微分方程为:

$$\frac{dx^{(1)}(t)}{dt} + ax^{(1)}(t) = b$$

此即为 GM (1,1) 白化型。

STEP5: 上式以初值 $x^{(1)}(t=1) = x^{(0)}(1)$ 的解为

$$x^{(1)}(t) = (x^{(0)}(1) - \frac{b}{a})e^{-a(t-1)} + \frac{b}{a}$$

5.6.2 GRNN 神经网络模型

GRNN神经网络是由 Sprecht 在 1991年提出的,是一种通用的非参数回归模型,它作为径向基函数神经网络(RBF)的一个分支,是基于非线性回归理论的前馈型神经网络,它通过激活神经元来逼近函数。由于 GRNN神经网络克服了一般 BP神经网络收敛速度慢、易于陷入局部最小的缺点;具有收敛速度快能够进行全局逼近的优势,同时具有了明确的概率意义,网格结构与连接权值均确定,克服了 BP 网络设计与训练上的困难,具有更快的训练速度和很强的非线性映射能力,因此具有较高的预测精度。

设随机变量 x 和 y 的联合概率密度函数为 f(x,y), x 取值为 x_0 , y 对 x_0 的回归值为 $[12\sim 14]$:

$$\hat{y}(x_0) = \frac{\int_{-\infty}^{\infty} y f(x_0, y) dy}{\int_{-\infty}^{\infty} f(x_0, y) dy}$$

应用 Parzen 非参数估计方法,由样本数据集 $\{x_i, y_i\}p, i=1,2,\cdots,n$ 的概率密度为:

$$f(x_0, y) = \frac{\sum_{i=1}^{n} e^{-k(x_0, x_i)} e^{-k(y, y_i)}}{n(2\pi)^{(p+1)/2} \sigma_1 \sigma_2 \cdots \sigma_n \sigma_y}$$

式中: n 为样本容量; p 为x 的维数; σ 为高斯函数的宽度系数, 称为光

滑因子;

$$\begin{cases} k(x_0, x_i) = \sum_{j=1}^{p} \frac{(x_{0j} - x_{ij})^2}{2\sigma_j^2} \\ k(y, y_i) = \frac{(y - y_j)^2}{2\sigma_y^2} \end{cases}$$

交换积分与加和的顺序由于 $\int_{-\infty}^{\infty} ze^{-z^2} dz = 0$, 积分计算可得,

$$\hat{y}(x_0) = \frac{\sum_{i=1}^{n} y_i e^{-k(x_0, x_i)}}{\sum_{i=1}^{n} e^{-k(x_0, x_i)}}$$

GRNN 的结构如图所示:

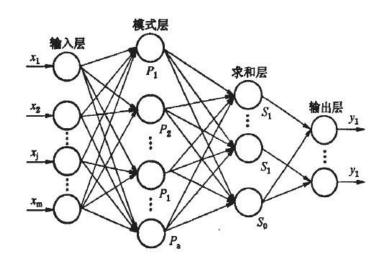


图 18 GRNN 神经网络结构图

它由输入层、模式层、加和层和输出层构成。模式层包含 \mathbf{n} 个单元,每个单元对应于 $\mathbf{1}$ 个训练样本,其核函数一般采用高斯函数 $e^{-k(x_0,x_i)}$,其中 x_i 为各单元核函数的中心矢量。加和层有 $\mathbf{2}$ 个单元,分子单元计算模式层各单元输出的加权和,其中权为各训练样品的 y_i 值;分母单元计算模式层各单元的输出之和。输出层单元将加和层分子、分母单元的输出相除进而算得 \mathbf{y} 的估算值。

5.6.3 组合预测模型的建立与求解

我们已经使用了灰色 GM (1,1) 模型、GRNN 神经网络模型预测了福田红树林面积,因此,我们必须找到一个最佳组合模型措施执行效果的变化趋势。

我们通过两种模型的误差分析,确定了以误差绝对值和最小的非负可变加权组合预测模型:

设F 表示非负可变加权系数的组合预测的误差绝对值之和, \hat{x}_{ii} 为第i 种预测模型在t 瞬时的估计值, l_{ii} 表示第i 种预测模型在t 瞬时预测误差,则有:

$$F = \sum_{t=1}^{N} |e| = \sum_{t=1}^{N} x - \sum_{i=1}^{m} \hat{l}_{t} | x_{i} = \sum_{t=1}^{N} \sum_{i=1}^{m} l$$

则线性组合预测模型为:

$$\min F = \sum_{t=1}^{N} \left| \sum_{i=1}^{m} l_{it} e_{it} \right|$$

$$s.t. \begin{cases} \sum_{i=1}^{m} l_{it} = 1, t = 1, 2, \dots, N \\ l_{it} \ge 0, i = 1, 2, \dots, m; t = 1, 2, \dots, N \end{cases}$$

基于上述建立的组合预测模型,得出了最优组合方案为灰色 GM (1,1) 模型的权重为 0.57,GRNN 神经网络模型权重为 0.43,通过预测,我们得到了未来 5 年福田红树林自然保护区面积变化。

年份	红树林湿地面积 (平方千米)
2015	3.68
2016	3.66
2017	3.61
2018	3.53
2019	3.45

表 10 未来 5 年福田红树林保护区面积预测

通过模型预测结果,可以看出在不进行人为保护的情况下,福田红树林面积将会大幅度下降,因此,需要加强对红树林湿地的动态监测,深圳本地相关

部门相关高度重视并制定相应法律法规,确保保护工作能够顺利进行。自改革 开放初期至今,红树林湿地的面积、结构以及各生态类型的组成变化较大,基 围鱼塘、红树林的面积和比例发生了变化,在城市化速度最快的福田区,基围 鱼塘遭受了严重的人为破坏,大量基围转换成建成区。政府应当采取措施使退 化的湿地恢复湿地功能。我们认为,以植物修复为主的生态措施和以结构修复 为主的工程措施相结合的修复方案是较为合理且有效的修复对策,具体包括: 改变边防巡逻道路线、建立生态通道;控制 水污染、加强水动力交换;改造基 围堤埂、完善鱼塘生态功能;改造凤塘河硬质 河道、合理规划河岸植物;增加 堤岸植物多样性、营造昆虫天敌适生的植物环境等对策。

由于红树林保护区所在的深圳湾是深圳市城市污水的主要集纳区, 大量生活 污水和部分工业废水经由深圳河、新洲河、凤塘河等直接排入深圳湾。城市污水 未经有效处理直接排入深圳湾,这对保护区水质造成了严重破坏,红树林滩涂水 质处于中度以上污染状态。当重金属、石油等有毒有害污染物超过红树林的净化 和耐污承载力时,将影响红树林的生长。 所以必须采取水污染控制对策。根据深圳市市政管网系统的规划,将深圳市 福田区皇岗路以西、 南山区及沿途一带的所有市政污水纳入深圳市城市污水西部 排海工程,经南山污水处理厂处理后,通过海底扩散器进行深海排放,按此规划, 红树林周边地区的新建项目,必须建设完整的排污管道,并确保接入污水西部排 海工程; 对于已建项目而未纳入排海工程的,则分两种情况,技术上经济可行的,

5.6.4 福田红树林水质污染预测评价模型的建立与求解

5.6.4.1 指标选取

根据海水水质标准,已知评价海水水质的指标有漂浮物质,色嗅味,悬浮物质,大肠菌落,粪大肠菌落,病原体,水温,pH,溶解氧,COD,BOD等指标,根据题目提供的 2013 年水质监测数据的各项指标中,有些指标并不能作为评价水质等级的指标,所以我们选取 pH,溶解氧,氨氮, 硝氮,可溶性 P,COD,BOD,大肠菌群总数等 8 项指标作为水质评价体系的评价指标。

5.6.4.2 数据处理

对于各个指标,我们以国内外相关文献中的提出的国际标准或国内公认的标准值对各指标的等级进行分类,共分为一类,二类,三类,四类四种水质等级, [3]具体的标准如下表所示。

标准	一类	二类	三类	四类
pH 值	7.8~8.5	6.8~8.8		
溶解氧	6	5	4	3
COD	2	3	4	5
氨氮	0.2	0.3	0.4	0.5
硝氮	0.2			
可溶性 P	0.015	0.030	0.045	
BOD	1	3	4	5
大肠菌群总数≤		10000		

(1)数据的标准化处理

因为以上 8 项指标所反映的水质污染程度不同,标准限值也有差别,其数据的绝对值也不具有可比性,所以需要在检测值与标准限值之间建立相对联系,建立统一的,具有相互可比性的标准指数,所以首先对 8 项指标进行标准化处理。

将所有指标统一化为极小型指标

极大型指标化为极小型:对于某个极大型指标x,则通过 $x_i' = \frac{1}{x}$ 变换,或变换 $x_i' = M - x_i$,其中 M 为指标 x_i 可能取值的最小值,即可将指标 x 极小化

中间型指标:对于某个中间型指标,则通过下列公式变换将数据极大化,再通过上式极小化:

$$x' = \begin{cases} \frac{2(x-m)}{M-m} m \le x \le \frac{1}{2} (m+M) \\ \frac{2(M-x)}{M-m} \frac{1}{2} (m+M) \le x \le M \end{cases}$$

(2) 确定权重

我们在上述分析中已经建立模型,科学地选出了8项指标用于海水水质污

染评价模型的构建,层次分析法是最为常用的定权方法,但由于其主观性太强,因此我们采用层次分析法与熵值取权法相结合的方式进行模型的求解,具体方法因为前面有具体介绍,不再重复。

①通过相关资料查询与专家打分,我们得到 pH,溶解氧,氨氮,硝氮,可溶性 P,COD,BOD,大肠菌群总数等 8 项因素的比较矩阵:

$$m_{8\times 8} = \begin{bmatrix} 1 & 1/2 & 1/3 & 1 & 1 & 1 & 1/6 & 1 \\ 2 & 1 & 1 & 1 & 2 & 1 & 1/3 & 1 \\ 3 & 1 & 1 & 2 & 4 & 2 & 1/2 & 1/3 \\ 1 & 1 & 1/2 & 1 & 2 & 1 & 1/4 & 1/2 \\ 1 & 1/2 & 1/4 & 1/2 & 1 & 1 & 1/8 & 1 \\ 1 & 1 & 1/2 & 1 & 1 & 1 & 1/5 & 1 \\ 6 & 3 & 2 & 4 & 8 & 5 & 1 & 7 \\ 1 & 1 & 3 & 2 & 1 & 1 & 1/7 & 1 \end{bmatrix}$$

我们使用"方根法"计算各指标的权值向量如下:

得到权向量:

 $w_{1\times8} = \begin{bmatrix} 0.063 & 0.1004 & 0.1359 & 0.0747 & 0.0555 & 0.0729 & 0.379 & 0.1185 \end{bmatrix}$ 判断矩阵的最大特征值:

$$\lambda_{max} = 8.6222$$

一致性检验:

STEP1: 一致性指标 C.I.:

C. I =
$$\frac{|\lambda_{max} - n|}{n-1} = \frac{|8.6222 - 8|}{1.41 - 1} = 0.088892$$

STEP2: 随机一致性指标 R.I.:

n										
R.I.	0	0	0. 58	0. 90	1. 12	1. 24	1. 32	1. 41	1. 45	1. 49

由上表所示, 当 n=8 时, R.I = 1.41。

STEP3: 一致性比率:

C. R =
$$\frac{C.I}{R.I} = \frac{0.093326}{1.54} = 0.063044$$

因为C. R=0. 063044 < 0.1, 所以该结果满足一致性要求。

为了使用熵值取权法,我们首先对任意生态文明建设指标数据做归一化处

理, 并基于归一化数据进行如下求解

STEP1: 我们将上述第 j 项指标下第 i 方案指标值的比重 $p_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sum_{i=1}^{m} x_{ij}}$ 排成下列指标矩阵 (归一化处理):

$$d_{ij} = \begin{bmatrix} a_{11} & \cdots & a_{j1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{i1} & \cdots & a_{ij} \end{bmatrix}$$

因为我们需要做 4 个地点的水质污染测评,所以 i 为 4,且经过分析得到了 8 个指标,所以 j 取 8,根据各地的数据进行列向量的归一化处理后得到矩阵。

STEP2: 计算第 j 项指标的熵值 $e_j=-k\sum_{i=1}^m p_{ij} lnp_{ij}$ (设k = $1/\ln m$),并得到熵值矩阵: $e_{1\times 8}=$

[0.9892 0.9751 0.9625 0.9994 0.9996 0.9898 0.9976 0.9995] STEP3: 计算差异性系数 $g_i = 1 - e_i$,得到差异性矩阵:

 $g_{1\times 8} =$

[0.0118 0.0249 0.0375 0.0006 0.0004 0.0102 0.0024 0.0005] STEP4: 将差异性系数矩阵归一化($w_i=g_j/\sum_{j=1}^m g_j$)得到熵值法权重矩阵:

 $w_2 = \begin{bmatrix} 0.057 & 0.12 & 0.1817 & 0.102 & 0.03 & 0.02 & 0.049 & 0.024 \end{bmatrix}$

为了弥补主观赋权与客观赋权的不足,我们采用主客观结合赋权法确定各项影响因素的权重向量,组合赋权法有下面两种方法(设主观权向量 $w_1 = (\alpha_1, \alpha_2, \dots \alpha_m, \$ 客观权向量 $w_2 = (\beta_1, \beta_2, \dots \beta_m)$

$$w_{i} = \frac{\alpha_{i}\beta_{i}}{\sum_{i=1}^{m} \alpha_{i}\beta_{i}}$$

$$(1)$$

$$w_{i} = \lambda \alpha_{i} + (1 - \lambda)\beta_{i}$$

$$(2) \quad \sharp + 0 < \lambda < 1$$

我们采用上述第二种赋权方式,并设 $\lambda = 0.7$,得出各项评价指标的组合权向量:

W = [0.0477 0.0778 0.1064 0.0525 0.0390 0.0541 0.266 0.0812] 由此确定了各项评价水质污染指标的权重,由于综合采用了主观定权方法 ——层次分析法和客观定权方法——熵值取权法,因此本文中得出的权重具有较高的可信度,既降低了定权的主观性,又不至于使所定权向量脱离实际情况。

最后利用公式 $Z = \sum_{i=1}^{8} w_i x_i$ 计算得出深圳湾各地点的综合评价指数。

5.6.5 福田红树林水质监测与模拟

5. 6. 5. 1 WASP 模型及 WASP 7. 0 软件简介

WASP 模型基本结构及工作原理 WASP (Water Quality Analysis Simulation Program) 是美国环境保护局研发的可用于对河流、湖泊、河口、水库、海岸等进行水质模拟的模型系统。 WASP 包括两个独立的部分: DYNHYD 水动力程序可模拟水体运动特征并获取水文参数,WASP 水质程序可模拟污染物的运动、演变及相互作用,二者可以组合使用,也可独立运行。

WASP7模型包括 DYNHYD5 和 WASP7 两个独立的计算子程序。DYNHYD5 是水力学计算程序,为 WASP7 传输所需的水力学参数; WASP7 提供 EUTRU 和 TOXI 两类水质模型子程序,分别用来解决两类水质问题。EUTRO 和 TOXI 是两个子模型,它们可以装入水质程序中。EUTRU 子模块可以模拟传统的水质问题,包括 BOD、DO、P、N等有毒污染物。由 TOXI 子模块来模拟有毒物资的污染,包括有机污染物、重金属、底泥等。WASP 模型可以灵活、准确的反映实体对 流、弥散、杂志负荷及边界交换等的动态变化。下图是 WASP7 计算模块结构图 19。

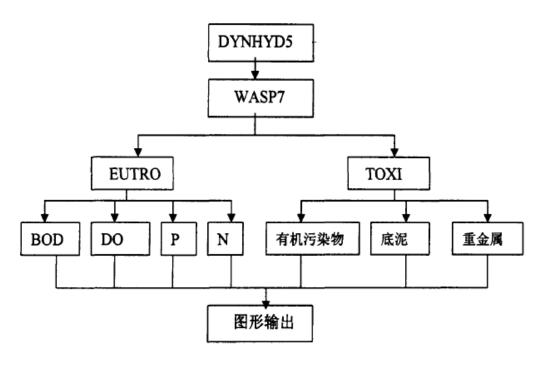


图 19 WASP 计算模块结构图

5. 6. 5. 2 WASP 模型的原理

(1) 基本方程

WASP 水质模块的方程是一个平移——扩散质量迁移方程,它能描述任一水质指标的时间与空间变化。在方程里除了平移和扩散项外,还包括由生物、化学和物理作用引起的源漏项。对于任一无限小的水体,水质指标 C 的质量平衡式为:

$$\frac{\partial C}{\partial t} = -\frac{\partial}{\partial x}(U_x C) - \frac{\partial}{\partial y}(U_y C) - \frac{\partial}{\partial z}(U_z C) + \frac{\partial}{\partial x}(E_x \frac{\partial C}{\partial x}) + \frac{\partial}{\partial y}(E_x \frac{\partial C}{\partial y}) + \frac{\partial}{\partial z}(E_x \frac{\partial C}{\partial z}) + S_L + S_R + S_K$$

其中: $U_x U_y U_z$:水体纵向、横向、垂向速度, (m/s);

 E_x 、 E_y 、 E_z : 水体纵向、横向、垂向的扩散系数, (m^2/s) ;

 S_L :点源和总点源的总负荷,正为源,负为漏($g/m^3.d$)

 S_B :边界负荷值,包括上游、下游、底部和大气环境($g/m^3.d$)

 S_k :总动力转换项,(g/ $m^3.d$)

(2) EUTRO 模块

EUTRO 模块 EUTRO 模拟了 8 个常规水质指标,即 NH3-N、NO3-N、无机磷、浮游植物、CBOD、DO、有机氮和有机磷。这 8 个指标分为 4 个相互作用子系统,即浮游植物动力学子系统、磷循环子系统、氮循环子系统和 DO 平衡子系统。在 EUTRO 模型中,充分考虑了各系统间的相互转化关系,即 S_k 项反映了这 4 个系统,8 个指标之间的相互转化和影响。而这些指标除了相互影响之外,还会受到光照、温度等的影响。

(3) TOXI 模块

TOXI 模块模拟有毒物质的污染,可考虑 1-3 种化学物质和 1-3 种颗粒物质,

包括有机化合物、金属和泥沙等。对于某一污染物质可分别计算出其在水体中溶解态和颗粒态的浓度,在底泥孔隙水和固态底泥中的浓度。但是,污染物质在河

流中的迁移转化机理却要比常规指标复杂得多,它受到水体流动因素,气象因素,

以及物质本身的一系列物理化学性质等的影响。本文受篇幅限制,不再详细介绍。

5. 6. 5. 3 WASP 模型的应用

自 20 世纪 80 年代 WASP 模型提出以来,已在国内外得到了广泛应用。在国外,Thoman 和 Fitzpatrick 对美国东部波托马可河的富营养化进行模拟;Ambrose 对美国东部特拉华港口的挥发性有机物污染进行模拟;JRB 对美国卡罗莱纳州的重金属污染进行模拟。在国内,逢勇等人曾进行了太湖藻类的动态模拟研究,探讨了太湖藻类的动态变化机制,对治理太湖藻类"水华"有一定的现实意义;廖振良等对 WASP 模型进行了二次开发,建立了苏州河水质模型,并运用该模型对苏州河环境综合整治一期工程中有关工程和方案进行了模拟计算;杨家宽等运 WASP6 预测南水北调后襄樊段的水质,最终的运行结果令人都较为满意,表明 WASP 的水质模拟能够较好地模拟各种水质过程。

5.6.5.4 福田红树林湿地目前水质状况

根据 2014-2015 年福田红树林湿地水环境监测报告[b]。福田红树林湿地水域中的氧含量严重不足,有机物污染较重。而重金属砷、铬、镉、铅、镍含量低于检出限,符合地表水 I 类水质标准,表明该地区重金属污染得到有效控制。但是,氮磷营养盐(主要是氨氮和可溶磷)水平较高,致病性微生物含量严重超标。

从 2010-2013 年,重金属砷、铬、镉、铅、镍含量大多低于检出限,符合 地表水 I 类水质标准,表明该地区重金属污染得到有效控制。但是,水域的氧含量、氮磷营养盐(主要是氨氮和可溶磷)水平、BOD,呈现逐年上升的态势,表明富营养化程度和有机污染加重。总之,福田红树林湿地的水质为劣 V 类水质,水质状况与国家自然保护区要求为 I 类水质标准相差甚远,需进一步加强监测与管理。

5. 6. 5. 5 基于 WASP 的水质模型的构建

(1) 水质模型因子的选定和分段

福田红树林目前水质状况:重金属污染得到控制,但是水体富营养化程度和有机污染加重。因此,本文不考虑重金属污染,重点对水体富营养化和有机污染建立模型进行动态定量描述。基于这点,本文选取 DO (溶解氧)、COD (化学需氧量)、氨氮和可溶磷四个指标衡量红树林水质状况。其中,DO 是水质分析中最重要的几个变量之一,受许多水质参数影响,所以它是指示一个水环境系统是否健康的直接参数;COD 是衡量水中有机物质含量多少的指标;氨氮和可溶性磷直接指示了水体氮、磷的含量。

在分段方面,鉴于没有其它明显指标,并且四个地点比较靠近,直接以四 监测点作为断面进行分段,见下图 19。断面信息见表 11:

断面名称	最高海拔(m)	最低海拔(m)	长度(km)	经度(E)	纬度 (W)
观鸟屋	12	0	3.05	113.998556	22.528402
(G)					

表 11 4个断面的基本信息

鱼塘(Y)	4	0	2.68	114.011614	22.526666
凤塘河口	1	0	2.47	114.014653	22.522836
沙嘴码头	2	0	1.97	114.030208	22.509077



图 20 四个监测点的位置

(2) 模型的假设

鉴于研究水域的复杂性,为简化模拟计算,假设:

- ①所有测试数据均真实可信。
- ②不考虑地下水和蒸发作用的影响;
- ③只考虑点源污染和非点源污染,不考虑雨水径流、大气沉降作用等方面造成的污染。

(3) WASP 模型计算参数设定

水质模型的参数,如耗氧速率 K、水动力学参数等,是用来表征河流水体

所发生的物理、化学和生物过程的动力学常数。对这些参数的确定,称参数的估算(估值)或参数识别。在建立水质模型的过程中,参数的估值是一个关键环节,它们直接关系到模型的准确性和可靠性。

水动力学参数主要用来确定河道的水力特性,它的计算在 WASP 模型中占有重要的地位,计算准确与否直接关系到模型的精度。水力学参数包括水力学因子参数 a、b、c、d 等。在 WASP 模型中,水力学因子参数 a、b、c、d 用于确定水力因子——流量、流速和水深之间的关系,流量、流速和水深之间的

lgU = blgQ + lga

lgH = dlgQ + lgc

关系如下:
$$U = aQ^b$$
 $A = \frac{Q}{U}$ $H = cQ^4$ 式中: Q ——水流流量 m^3/s ; U ——水流的平均流速 m/s A ——水流的过水断面面积, m^2 H ——水流的平均水深, m .

对上面的两个公式两边取对数得:

令y = lgU、
$$y' = lgH$$
、 $x = lgQ$,由最小二乘法得:
$$lga = \frac{\sum x_i^2 \sum y_i - \sum x_i \sum x_i y_i}{n \sum x_i^2 - (\sum x_i)^2}$$

$$b = \frac{n \sum x_i y_i - \sum x_i \sum y_i}{n \sum x_i^2 - (\sum x_i)^2}$$

$$c = \frac{\sum x_i^2 \sum y_i' - \sum x_i \sum x_i y_i'}{n \sum x_i^2 - (\sum x_i)^2}$$

$$d = \frac{n \sum x_i y_i' - \sum x_i \sum y_i'}{n \sum x_i^2 - (\sum x_i)^2}$$

上式 n 为实测数据个数。根据已有资料可以计算出观鸟屋、鱼塘、凤塘河口以及沙嘴码头断面的水力学因子参数值分别为(表 12)

表 12 四个断面的水力学因子

监测断面	а	b	С	D
观鸟屋	0.16	0.32	0.09	0.48
鱼塘	0.19	0.35	0.07	0.45
凤塘河口	0.17	0.29	0.08	0.50
沙嘴码头	0.15	0.36	0.09	0.46

(4) 应用 WASP 模型的基本步骤(过程截图见附录1)

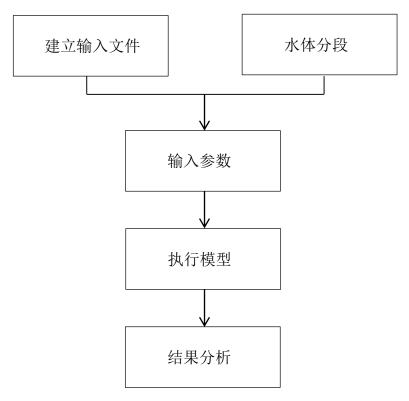


图 21 WASP 水质模拟流程图

表 13 BOD 和 DO 的反应变量

描述	符号	河口模型中的值	单位
氧-碳比率	a_{oc}	32/12	$mgO_2/{ m mgC}$
浮游植物氮-碳比率	a_{NC}	0.25	mgN/mgC
20 ℃还原速率	k_d	0.21-0.16	day^{-1}
20 °C的温度系数	Θ_d	1.047	

氧气限制的半饱和系数	K_{BOD}	0.5	mgO_2/L
20 ℃硝化速率	k ₁₂	0.09-0.13	day^{-1}
20 ℃的温度系数	Θ_{12}	1.08	
氧气限制的半饱和系数	K_{NIT}	0.5	mgN/L
20 ℃反硝化速率	K_{2D}		day^{-1}
20 ℃的温度系数	Θ_{2D}	1.08	
氧气限制的半饱和系数	K_{NO3}	0.1	mgN/L
浮游植物生长速率	G_{p1}	0.1-0.5	day^{-1}
20 ℃浮游植物呼吸速	k_{1R}	0.125	day^{-1}
率			
20 ℃浮游植物呼吸速	Θ_{1R}	1.045	
率的温度系数			
底泥需氧量	SOD	0.2-4.0	$g/m^2 - day$
温度系数	Θ_{s}	1.08	
20 ℃复氧速率	k_2	1.028	day^{-1}
温度系数	Θ_2	1.028	
饱和溶解氧	C_s	=4.8	$mgO_2/{ m L}$
CBOD 的溶解比例	f_{D5}	0.5	
有机物沉降速率	v_{s3}		m/day

(5) 结果验证

运行软件,多次调试后得到结果。本文选取十月份 DO 和 COD 的模拟数值与实际数值作比较,验证模型的合理性。比较结果如图 3、图 4.

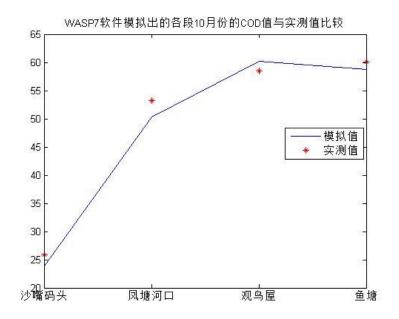


图 22 WASP 软件模拟的隔断 10 月份 COD 值与实测值比较

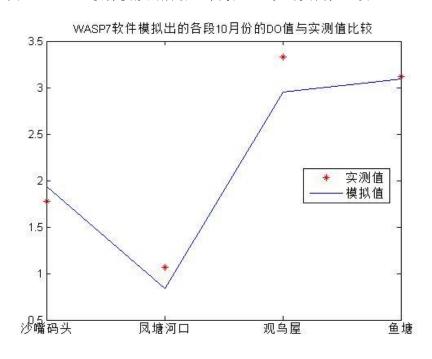


图 23 WASP 软件模拟的隔断 10 月份 COD 值与实测值比较

从收集到的福田红树林 10 月份 COD 值和 DO 值与 WASP 模拟的出的 COD 值和 DO 值对比得出,模拟的值与实测值的变化趋势基本一致,而且每个段的 COD、DO 值与实测的相差均在允许范围之内,这对于表现福田红树林水质的污染程度是足够的。

以上分析说明,利用 WASP7 软件对福田红树林水质进行动态监测室可靠的,并且还可以按照目前的发展趋势对未来一定时间内进行预测。

(6)模拟结果输出

为检验模型的正确性,选取 2006 年 9 月 27 日至 10 月 27 日的深圳湾 平水期监测 数据进行检验模拟。误差分析如下表所示: (平均误差为 5.48%)

表 14 监测数据模拟结果表

监测点	BOD ₅ 模拟值	BOD ₅ 实际值	误差
	(mg/L)	(mg/L)	
观鸟屋	1.48	1.37	8%
鱼塘	3.26	3. 45	5. 5%
凤塘河口	37.45	7. 26	3%
沙嘴码头	34. 12	5. 02	1. 2%

监测点	COD 模拟值	COD 实际值	误差	
	(mg/L)	(mg/L)		
观鸟屋	36. 15	32. 56	11%	
鱼塘	39.05	40. 21	2. 9%	
凤塘河口	37.45	39. 27	4.6%	
沙嘴码头	34. 12	33. 06	3.4%	

(平均误差为 4.425%)

5.6.6 水质污染的系统动力学模型

5. 6. 6. 1 水污染问题分析

水质污染问题包括很多方面, 当污水被排放到海洋里时, 随海水迁移, 呈现出传输, 扩散, 稀释, 降解和吸附等现象, 这些现象被诸多因素影响, 采用

系统动力学模型进行水质模拟计算具有灵活、快速、可操作性强等优点,有助于决策部门了解污染带的迁移状况和污染物在时间、空间上的变化,掌握污染物造成的污染影响,从而对事故的发展做出及时、准确的响应,所以我们希望通过建立一种动态模型帮助政府完成水质污染的监测与预测。

5. 6. 6. 2 解决问题的思路

根据深圳新闻网上提供的一些信息,我们了解到各个排污水口的位置,把深圳湾的海岸线看作一条近似直线,影响水质各污染物质浓度的有水体的流动,物质在水中的扩散作用,海水和海中藻类的降解作用,在这里水体的流动,我们只考虑沿海岸线纵向的水体扩散,且纵向扩散与水体流动的速度有关,忽略海水深度与流速的关系,物质在水中的扩散作用以纵向弥散系数表示,降解作用用降解系数表达,同时还要考虑各排水口的排污量和潮水的潮起潮落,水体的流速具有周期变化,基于信息反馈控制理论为基础的系统动力学引入水质模拟计算,查阅了深圳新闻网的相关资料,了解到总 N 是水污染的重要指标之一,建立起总 N 的一维水质模拟的系统动力学模型。

(1) 模型建立

首先将沿海岸线的纵向面进行海面分段,每段拥有各自的降解系数,纵向流速和采用显式有限差分法,在时刻用前差分表达 f 的偏导数和 x 的一阶偏导数,用中心差分表达 x 的二阶偏导数,可将方程(1)近似表达为如下的差分方程式:

$$\frac{C_i^{j+1} - C_i^j}{\Lambda t} = -u_i \frac{C_{i+1}^j - C_i^j}{\Lambda r} + E_i \frac{C_i^{j+1} - 2C_i^j + C_i^{j-1}}{\Lambda r^2} - k_i C_i^j$$

 C_i^j 为沿纵向面第 i 段海面在 j 时刻的总 N 的浓度, Δx 为纵向的步长, Δt 为时间间隔, E_i 为各段海面的纵向弥散系数, k_i 为各段河流的辅助变量。

$$C_{i}^{j+1} = C_{i}^{j} + \left(E_{i} \frac{C_{i+1}^{j} + C_{i-1}^{j}}{\Delta x^{2}} + u_{i} \frac{C_{i}^{j}}{\Delta x}\right) \Delta t - \left(E_{i} \frac{2C_{i}^{j}}{\Delta x^{2}} + u_{i} \frac{C_{i+1}^{j}}{\Delta x} k_{i} C_{i}^{j}\right) \Delta t$$

由公式知,当我们已知初始时刻为 0 时各段海面的浓度初始值和海岸线的 起始断面各时刻的浓度值,且令 $C_{-1}^{j}=C_{0}^{j}$, $C_{n+1}^{j}=2C_{n}^{j}-C_{n-1}^{j}$,即可迭代求出 各段海面、各时刻的浓度。

(2) 系统动力学模型构建

基于此原理并参考《基于系统动力学模型的松花江水污染事故水质模拟》, 我们使用 Vensim PLE 软件画出了深圳湾水质污染的系统动力学流程图。

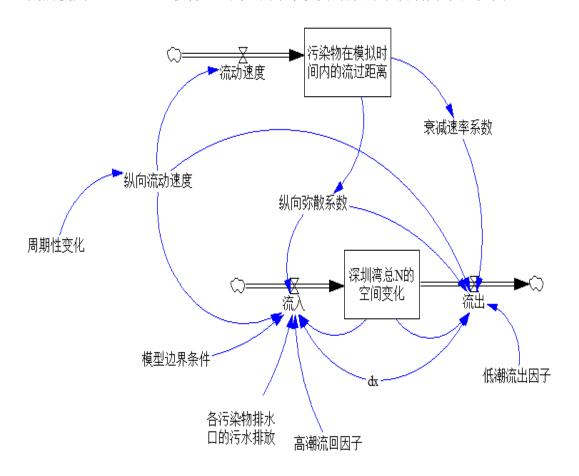


图 24 深圳湾水质污染的系统动力学流程图

松花江水质污染与海湾的水质污染扩散有相似之处,即它们扩散的原理和方式,但是海湾与江水最大的不同在于海湾的排污口全部设置在海岸线附近,且海湾存在周期性变化的潮起潮落,这是江水完全不具有的特点,所以我们在系统动力学模型中加入海水流速的周期性变化,即海水的流速和方向会发生周期性的变化,另外高潮与低潮也会对污染物总 N 的流入与流出产生一定的影响。

在流程图中,深圳湾总 N 的空间变化输入为各段海面的总 N 浓度的一维矩阵,各污染物排水口的污水排放也为一个一维矩阵,这样能反映从海岸线至湾内其他海面的污染物浓度变化,实现动态预测。

但由于数据量较少,很多参数无法衡量,所以系统内的函数无法填充,无法实现仿真,但我们为水污染的扩散与预测提供了方案。

5.6.7 针对外来物种海桑入侵的预测与分析

根据生态系统动态监测数据,通过我们的模型可以看出目前深圳福田红树林的最主要的问题是外来物种入侵问题,具体表现为海桑和无瓣海桑。海桑和原产于孟加拉国的无瓣海桑做为外来物种,是 1993 年 10 月下旬从海南引进到福田红树林保护区试验性种植,目的是为开展外来物种研究,增加生物多样性和红树植物品种,改善区内生态环境,在沿海推广红树林优良品种的种植。

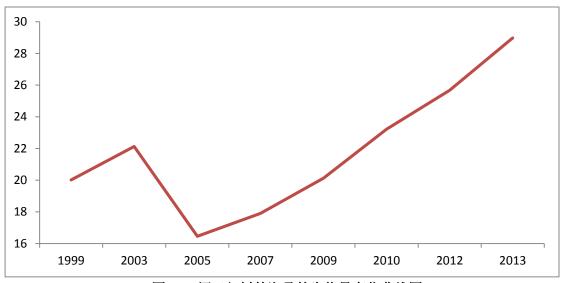


图 25 福田红树林海桑林生物量变化曲线图

1999	2001	2003	2005	2007	2009	2011	2013
20.012	22.122	16.452	17.899	20.122	23.221	25.672	28.972

2003 年冬季深圳遭遇持续多日的冻害性天气,超出了海桑和无瓣海桑的生理承受限度,随之发生枯枝、落叶的现象。直到 2005 年以后,海桑和无瓣海桑才逐渐恢复生机,最终极少量海桑和无瓣海桑树枯死。此时针对保护区引种外来红树植物引发了争论,一种观点认为,海桑与无瓣海桑自 1993 年引种到保护区后,其幼苗扩散很严重,会造成生物入侵,要对海桑和无瓣海桑进行全

面清理。而另一种观点则认为,海桑和无瓣海桑引种后,对改善深圳湾生态环境,增加红树林植物群落的多样性,推广沿海红树林人工造林工程建设发挥了积极作用。

为了进一步分析海桑是否会造成生态入侵,引种后能否提高生物的丰富度,能否达到当初引种时对无瓣海桑树种的期待等问题,本文用 GM (1,1) 灰色预测模型对海桑林今后 4 年的生物量做出预测如下:

Step1:级别检验

建立宁夏自治区 GDP 总值序列如下:

$$x^{(0)} = (x^{(0)}(1), x^{(0)}(2), \cdots, x^{(0)}(n))$$

= (20.012 22.122 16.452 17.899 20.122 23.221 25.672 28.972)

(1) 求级别比

$$\lambda(k) = (x^0 (k-1))/(x^0 (k))$$

 $\lambda = (\lambda(2), \lambda(3), ..., \lambda(40))$

 $= (1.1054 \quad 0.7437 \quad 1.0880 \quad 1.1242 \quad 1.1540 \quad 1.1056 \quad 1.1285)$

(2)级比判断

由于所有的 $\lambda(k)\epsilon$ [0.5483, 1.3264] $k=2,3,\ldots$ 40 故可以用 x_0 作满意的 GM(1,1)建模。

Step2:GM(1,1)建模

对原始数据 \mathbf{x}^{0} 作一次累加,即 $\mathbf{x}^{(1)}(k) = \sum_{i=1}^{k} \mathbf{x}^{(0)}(i), k = 1,2, \cdots, n$ $\mathbf{x}^{(1)} = (1.1054 \ 1.8491 \ 2.9371 \ 4.1791 \ 5.3331 \ 6.4387 \ 7.5672)$ Step2:构造数据矩阵 B 及数据向量 Y

$$Y = \begin{bmatrix} x^{(0)}(2) \\ x^{(0)}(3) \\ \vdots \\ x^{(0)}(40) \end{bmatrix}, \qquad B = \begin{bmatrix} -\frac{1}{2} x^{(1)}(1) + x^{(1)}(2) & 1 \\ -\frac{1}{2} x^{(1)}(2) + x^{(1)}(3) & 1 \\ \vdots & \vdots \\ -\frac{1}{2} x^{(1)}(39) + x^{(1)}(40) & 1 \end{bmatrix}$$

Step3:计算 û

GM(1,1)模型可表示为Y = Bu.用一元线性回归,即最小二乘法求它们的估计值为:

$$\hat{u} = \begin{bmatrix} \hat{a} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = (B^T B)^{-1} B^T Y$$
$$= \begin{pmatrix} -0.0776 \\ 15.0134 \end{pmatrix}$$

于是得到 a =-0.0776

b = 15.0134

STEP4: 灰导数

 $x^{(0)}(k)$ 的时刻 $k = 2,3,\dots,n$ 可视为连续变量 t ,则 $x^{(1)}$ 视为时间 t 的函数

 $x^{(1)}(t)$,于是 $x^{(0)}(k)$ 对应于导数 $\frac{dx^{(1)}(t)}{dt}$,让背景值 $z^{(1)}(k)$ 对应于导数 $x^{(1)}(t)$ 。于

是 GM(1, 1)的灰微分方程对于的白微分方程为: $\frac{dx^{(1)}(t)}{dt} + ax^{(1)}(t) = b$

此即为 GM(1,1) 白化型。带人 a, b 的值得到下式:

$$\frac{dx^{(1)}}{dt} - 0.0776x^{(1)}(t) = 15.0134$$

求解得

$$x^{(1)}(k+1) = \left(x^{(0)}(1) - \frac{b}{a}\right)e^{-ak} + \frac{b}{a} = 213.552e^{-0.0776} - 193.54$$

(5) 求生成数列值 $\hat{x}^{(1)}(k+1)$ 及模型还原值 $\hat{x}^{(0)}(k+1)$:

K=1, 2, 3, 4, 5, 6, 7···. 39, 由上面的响应函数可以算得 $\hat{x}^{(1)}$, 其中取

$$\hat{x}^{(1)}(1) = \hat{x}^{(0)}(1) = \hat{x}^{(0)}(1)$$

由 $\hat{x}^{(0)}(k)=\hat{x}^{(1)}(k)-\hat{x}^{(1)}(k-1)$,取 k=2,3,4,...,40,得

$$\hat{x}^{(0)} = (\hat{x}^{(0)}(1), \hat{x}^{(0)}(2), \dots, \hat{x}^{(0)}(40))$$

=(19.782 21.245 15.987 16.832 20.221 22.912 23.973 28.032)

Step5: 模型检验

(1)计算绝对残差和相对残

$$\varepsilon(k) = \frac{x^{(0)}(k) - \hat{x}^{0}(k)}{x^{(0)}(k)}, \quad k=1,2,...,4$$
$$\rho(k) = 1 - \left(\frac{1 - 0.5a}{1 + 0.5a}\right)\lambda(k)$$

通过 matlab 运行得到结果,模型的各种检验指标值的计算结果见表:

表 15 福田红树林海桑林生物量 GM(1, 1)模型检验表(单位: $t.hm^{-2}$)

年份	原始值	模型值	残差	相对误差	级比偏差
Q_{1999}	20.012	19782	0.1638	0.0167	
Q_{2001}	22.122	21.245	-0.0037	0.0072	0.0023
Q_{2003}	16.452	15.987	0.2699	0.0077	0.0187
Q_{2005}	17.899	16.832	-0.1622	0.0176	0.0321
Q_{2007}	20.122	20.221	0.0108	0.0288	0.0032
Q_{2009}	23.221	22.912	-0.0211	0.0073	-0.0071
Q_{2011}	25.672	23.973	0.2183	0.0220	-0.0032
Q_{2013}	28.972	28.032	-0.0165	0.0052	-0.0065

Step6:预测预报

如果 $\rho(k)$ <0.2,则可认为达到一般要求;若 $\rho(k)$ <0.1,则可认为达到较高要求。如果 $\epsilon(k)$ <0.2,则可认为达到一般要求;如果 $\epsilon(k)$ <0.1,则可认为达到较高要求。经过检验,相对误差、残差和级比偏差都在一定允许范围内,该模型的精度较高,可以进行预测和预报。最终得到的预测模型为:

$$\frac{D_x^{(1)}}{dt} - 0.0776x^{(1)} = 213.552$$

$$x^{(1)}(k+1) = \left(x^{(0)}(1) - \frac{b}{a}\right)e^{-ak} + \frac{b}{a} = 213.552e^{-0.0776k} - 193.54$$

最终预测得到 2015 年—2018 年福田红树林海桑林的生物量(单位: $t.hm^{-2}$)

为:

$$\hat{x}^{(0)}(41) = \hat{x}^{(1)}(9) - \hat{x}^{(1)}(9) = 32.232 \qquad k=9$$

$$\hat{x}^{(0)}(42) = \hat{x}^{(1)}(10) - \hat{x}^{(1)}(10) = 35.230 \qquad k=10$$

$$\hat{x}^{(0)}(41) = \hat{x}^{(1)}(11) - \hat{x}^{(1)}(11) = 37.340 \qquad k=11$$

$$\hat{x}^{(0)}(41) = \hat{x}^{(1)}(12) - \hat{x}^{(1)}(12) = 39.580 \qquad k=12$$

表 16 福田红树林海桑林生物量

生物量 t.hm ⁻² 时间	2015	2016	2017	2018
	32.232	35.230	37.340	39.580

相关学者从鸟类群落学的角度,对无瓣海桑+海桑人工林的生态功能进行了初步分析和评价。认为从目前的情况看,海桑作为深圳沿海人工造林的主要引进树种,对原有红树林生态系统的结构和功能暂时没有不利影响,从本文预测结果来看,对提高原有红树林生态系统的生物多样性具有积极作用。从种群生物生态学特征、生态位理论、群落更新理论等方面认为,海桑在深圳湾造成生态入侵的可能性不大。反而对后来在深圳西部沿海推广种植红树林防护林工程建设发挥了很好的作用。

我们认为自然保护区引进外来物种一直倍受争议,担心生物入侵是争议的焦点。自然保护区引进外来物种应该非常谨慎,一旦引进之后,对它的处置同样也应该十分小心。就福田红树林保护区引种无瓣海桑后,引发的"保护"还是"清除"的争论,我们有如下认识和建议:

- (1) 开展跟踪监测:对引种的无瓣海桑自然扩散情况开展长期持续的监测很有必要。根据无瓣海桑喜光照、低盐度、深泥滩等生物学特性,其幼苗的自然扩散区主要是深厚、松软的裸露泥滩和盐度较低(海水盐度小于 15)、水流较缓、避风向阳、光照充足的滩涂上。因此,建议重点加强人工填海处的近岸裸露滩涂和深圳河、凤塘河口处的淡咸水交汇的泥滩等区域的幼苗扩散情况监测;要特别重视核心区域的跟踪监测;
- (2)及时清除扩散幼苗:研究证明,无瓣海桑有一定的扩散能力,但其扩散能力不算很强,主要是在比较适宜的空旷裸滩中扩散定居,且在定居过程中受到诸多因子的干扰,最终能够成林木的不多。因此有必要开展持续观察,发现无瓣海桑幼苗定居时,应该及时予以人工清除,要特别重视核心区周边区域无瓣海桑幼苗的扩散动态;
- (3) 全面清除因冻害死亡的无瓣海桑。

六、模型应用与保护建议

- (1) 从压力方面考虑,我们可以减少自然压力和人类压力,但是要减少当地人口密度或者使当地旅游逆向发展是不现实的,更多的需要把精力用在对当地灾害的抵御上,具体包括对抗入侵物种和生物多样性保护。对抗入侵物种,可以适当引进入侵物种的天敌,或者对当地原生物种加以保护;
- (2) 在状态系统方面,要减小外来物种的干扰,及时清除扩散幼苗。研究证明,无瓣海桑有一定的扩散能力,但其扩散能力不算很强,主要是在比较适宜的空旷裸滩中扩散定居,且在定居过程中受到诸多因子的干扰,最终能够成林木的不多。 那么,无瓣海桑在福田红树林保护区会否违背上述规律,大量强势扩散,有必要 开展持续观察,发现无瓣海桑幼苗定居时,扩散动应该及时予以人工清除,要特别重视 核心区周边区域无瓣海桑幼苗的态:
- (3)响应系统方面,政府应该加大对环保的投入,采取更加积极的措施,在评价环境治理的工作的时候需要有一定监管机制,充分调动当地居民参与生态保护工作。另外,当地政府还需要积极联系相关研究人员参与对当地生态环境的监测, 并且开展更加深入的研究,以促进福田红树林生态环境的良性发展。
- (4) 污水治理方面,由于红树林保护区所在的深圳湾是深圳市城市污水的主要集纳区, 大量生活 污水和部分工业废水经由深圳河、新洲河、凤塘河等直接排入深圳湾。城市污水 未经有效处理直接排入深圳湾,这对保护区水质造成了严重破坏,红树林滩涂水 质处于中度以上污染状态。当重金属、石油等有毒有害污染物超过红树林的净化 和耐污承载力时,将影响红树林的生长。 所以必须采取水污染控制对策。根据深圳市市政管网系统的规划,将深圳市 福田区皇岗路以西、南山区及沿途一带的所有市政污水纳入深圳市城市污水西部 排海工程,经南山污水处理厂处理后,通过海底扩散器进行深海排放,按此规划, 红树林周边地区的新建项目,必须建设完整的排污管道,并确保接入污水西部排海工程;对于已建项目而未纳入排海工程的,则分两种情况,技术上经济可行的,应该完善排污管道并纳入排海工程;目前的经济技术条件下不可行的,必须进行深度处理,达到广东省地方标准《水污染物排放限值》(DB44/26—2001)中的二 级标准后才可排放,并引入总量控制的管理办法。

七、模型优缺点分析

7.1 模型优点

- (1)模型从动态与静态综合考虑,构建完整的健康评估预警系统。论文中使用生态学预测专用的 EwE 软件,建立了福田红树林湿地的 Ecopath 模型,该模型可以较好地模拟红树林湿地的生态场景,并进行定量预测:
- (2) 在红树林动态监测模型框架的构建中,我们采用了基于 Kohonen 自组织神经网络的红树林遥感图像分类方法,具有可信度高,监测能力强的优点;
- (3) 论文中基于 PSR 理论,结合熵权法和层次分析法建立了福田红树林湿地评价模型,降低了主观性,适用范围广:
- (4) 论文中结合了灰色预测模型和 GRNN 神经网络模型,并优化权重,建立组合预测模型,为红树林湿地的预测与监测预警提供了可行的模型框架:
- (5)本文建立起系统动力学模型,该模型具有反映生态系统内部因数的相互影响的优点,可以实现动态模拟并预测得到未来生物种群数量的动态变化;
- (6)本文利用 WASP7.0 软件构建的水质污染扩散模型,可以较好地模拟水质情况,较好的反映未来水质污染的扩散情况。

7. 2模型缺点

- (1) 论文中数据搜集量较少,由于很多数据空缺,因此所建立的模型与实际情况相比有一定偏差;
- (2) 论文中仅仅建立了福田红树林湿地生态系统动态检测的模型框架,没有开发出一套动态监测的软件系统,距离实用仍有很长的路要走。
- (3)系统动力学模型中部分变量之间的关系不精确,由于没有大量数据进行检验,因为无法保证动力学系统内部机制的准确性。
- (4) 所有模型都是"错误"的,但大多数模型是有用的。系统动力学模型也不例外,它是基于很多简化与假设,但由于它对问题内部动力学机制的深入讨论,它将是研究福田红树林生态系统最具潜力的方法。
- (5)基于 AHP 的生态系统静态评价模型中,存在主观性强、无法进行动态预测、对内部机制没有探讨等缺点。

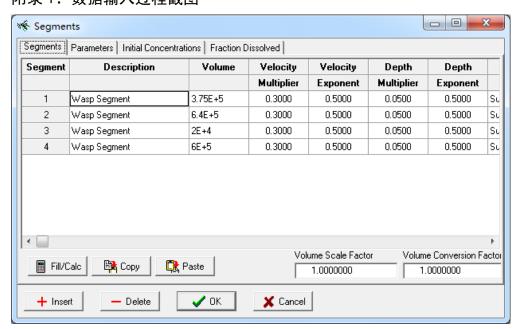
参考文献

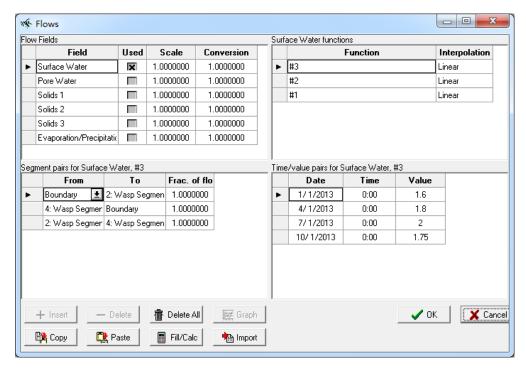
- [1] 李岚. 大亚湾海域 Ecopath 生态系统模型的建立和动态模拟[D]. 中山大学, 2008.
- [2] 江红. 东海渔业生态系统及其保护区情景模拟分析[D]. 华东师范大学, 2008.
- [3] 郑文军. 基于能量通道模型的淀山湖生态系统研究[D]. 上海海洋大学, 2010.
- [4] 林群, 金显仕, 郭学武等. 基于 Ecopath 模型的长江口及毗邻水域生态系统结构和能量流动研究[J]. 水生态学杂志, 2009, 2(2):28-36.
- [5] 曾洁, 孙俊良, 李光磊等. 基于主成分分析和 Q 型聚类分析的玉米品种特性研究[J]. 沈阳农业大学学报, 2009, 40(1):53-57.
- [6] 冯德祥. 淀山湖生态系统结构与能量流动特征的 ECOPATH 模型研究[D]. 华东师范大学, 2011.
- [7] 翁强. 红树植物光谱特征和红树植物的遥感图像分类研究[D]. 厦门大学, 2006.
- [8] 郭志强, 蔡嵩, 武汉 430070. 彩色遥感图像分类算法及 Matlab 实现[J]. 武汉理工大学学报, 2006, 28(1):108-111.
- [9] 王玉图, 王友绍, 李楠等. 基于 PSR 模型的红树林生态系统健康评价体系——以广东省为例[J]. 生态科学, 2010, 29(3):234-241.
- [10] 卢昌义, 吝涛, 叶勇等. 红树林生态退化机制评估指标体系构建与漳江河口案例研究[J]. 应用海洋学学报, 2011, 30(1):97-102.
- [11] 熊婷燕. 主成分分析与 R 型因子分析的异同比较[J]. 统计与决策, 2006, (2):129-132.
- [12] 郭斌等, 基于 GRNN 神经网络的中厚板轧机厚度预测[J]. 中南大学学报 (自然科学版), 2011, 42 (4); 960-965
- [13] 杨小辉等, 广义回归神经网络(GRNN) 在 AMT 档位判别中的应用[J]. 机械设计与制造, 2009, 5: 72-74
- [14] 王文才等, 基于广义回归神经网络 GRNN 的矿井瓦斯含量预测[J]. 中国煤层气, 2010, 7(1); 37-41.

- [15] 李云,郑德璋,陈焕雄,等.红树植物无瓣海桑引种的初步研究[J].林业科学研究,1998,11(1):39—44.
- [16] 李云,郑德璋,廖宝文,等.无瓣海桑引种育苗试验[J]. 林业科技通讯,199,(5):21-22.
- [17] 郭丽君. 水质分析模拟程序 6 (WASP6) 专题[D]. 水科学研究杂志 [J]. 2009, 3 (4): 21—26.
- [18] 王其藩. 系统工程理论方法应用[J]. 1995, 2(2): 6-12.
- [19] 李世东. 干旱区地理[J]. 20042(3):377-383.
- [20]张行南 , 耿庆斋, 郭亨波, 等 . 水质模型与地理信息系统的集成研究
- [J]. 水利学报, 2004, (1): 90 —94.
- [21] 逢 勇. 太湖地 区大气一水环境的综合数值研究[M]. 北京: 气象出版社,1998.50—55.
- [22] 国家环境保护总局信息中心,北京 100029.

附录

附录 1: 数据输入过程截图





附录 2: 福田红树林湿地水环境监测

水质监测项目:(1)理化指标:盐度、浊度、氧化还原电势、电导率、pH值、溶解氧;(2)营养盐和有机物污染指标:总氮、氨氮、硝酸盐氮、总磷、可溶磷、COD、BOD;(3)微生物污染指标:大肠菌群总数、致病性肠道菌数;(4)重金属污染物:Cd、Pb、Ni、Cr和As。

(1) 福田红树林湿地水质的季节变化

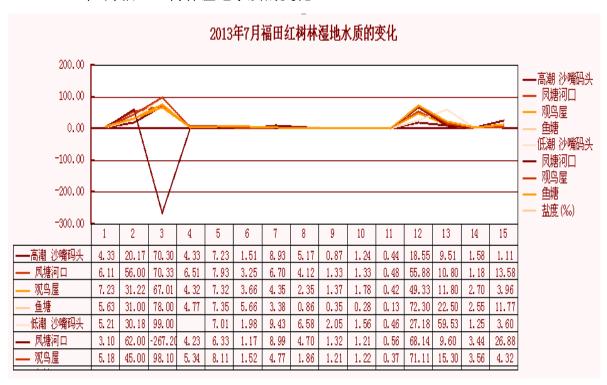
①2013年1月福田红树林湿地水质的变化



(2) 2013年4月福田红树林湿地水质的变化



(3) 2013年7月福田红树林湿地水质的变化



(4) 2013年10月福田红树林湿地水质的变化



(2) 福田红树林湿地水质理化性质季节监测结果分析

- ①福田红树林湿地水质理化性质的季节变化
- 福田红树林湿地水质理化性质季节变化特征如图 1 所示。结果表明:
- (1) 盐度变化:各区域季节变化趋势相似,均为冬季(1月,枯水期)盐度最高,而夏季(7月,雨季)偏低;一般情况下,观鸟屋盐度较高,可能与监测位点无生活污水排入有关;高潮时,由于受潮水影响,盐度较高。(2) 浊度变化:红树林湿地水域的能见度较低,浊度较高。(3) 电导率:电导率的变化规律与盐度变化趋势一致。(4) pH 值:多为中性稍偏碱,在7~8之间,各区域和季节的 pH 值相差不大。(5) 溶解氧:一般来说,高潮时的溶解氧含量高于低潮时的含量;观鸟屋溶解氧水平普遍高于其它监测位点。
- (2)福田红树林湿地水域营养盐及有机污染状况的季节变化
- ①氮含量较高,在氮元素的各种形态中,氨氮所占的比例最大;沙嘴码头、凤塘河氮含量较高,但观鸟屋与鱼塘的氮含量相对较低;冬季(1月,枯水期)氮水平最高。
- ②红树林湿地水域磷含量普遍较高; 其中鱼塘相对较低。

红树林湿地水域 COD 和 BOD 季节变化如图 3 所示。监测结果显示:沙嘴的 COD 和 BOD 值较低。低潮时,COD 和 BOD 值比高潮时高。

(3)福田红树林湿地水域细菌数量

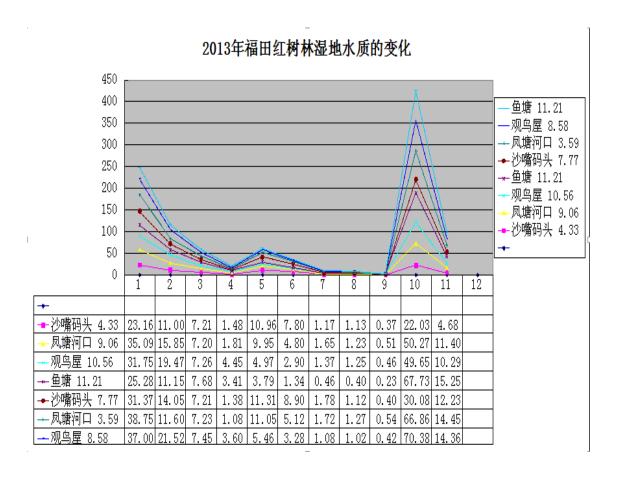
福田红树林湿地细菌数量变化如图 4 所示。无论是涨潮还是退潮,水域中的大肠菌群数量均很高;其中,观鸟屋和鱼塘相对较少,说明生活污水中肠道菌对深圳湾红树林水域污染严重。

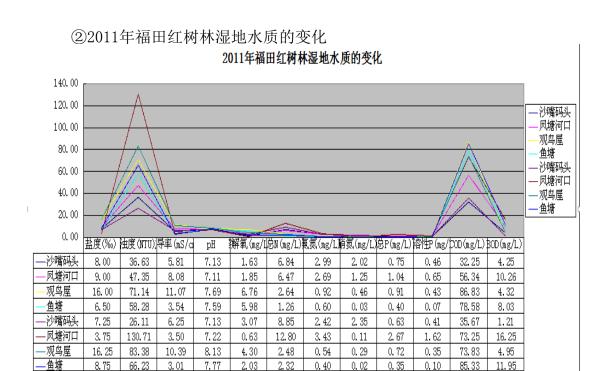
(4)福田红树林湿地水域的重金属含量

福田红树林湿地重金属含量变化如表 1 所示。监测结果显示: 五种重金属水平几乎都低于检出限,属于 I 类水质。说明红树林水域的重金属污染已得到有效的控制。

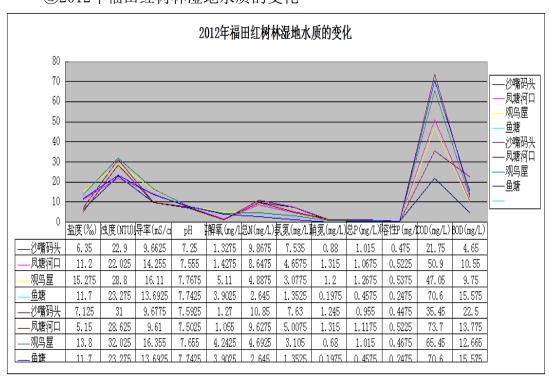
(3) 福田红树林湿地水质年度变化

①2013年福田红树林湿地水质的变化





③2012年福田红树林湿地水质的变化



(4) 福田红树林湿地水质理化性质年监测结果分析

①福田红树林湿地水质理化性质的年度变化

结果表明:高潮和低潮时期,观鸟屋盐度均较高,可能与监测位点无生活污水排入有关。2010 浊度最高,2012 和2013 年差异不大。pH 值多为中性稍偏碱,在7~8 之间,各区域和年度的 pH 值相差不大。高潮时的溶解氧含量高于低潮时的含量;观鸟屋溶解氧年平均水平普遍高于其它监测位点;大多数情况下,2011 年水域溶解氧水平最高,2013 年最低,凤塘河口溶解氧水平较其它监测位点均较低。

②福田红树林湿地水域营养盐及有机污染状况的年度变化

监测结果显示: ①氮含量较高,在氮元素的各种形态中,氨氮含量远高于硝态氮;沙嘴码头、凤塘河氮含量较高,观鸟屋和鱼塘氮含量相对较低;无论高潮和低潮,氮水平从2011-2013呈现逐年上升的态势。②红树林湿地水域磷含量普遍较高;其中鱼塘相对较低;无论高潮和低潮,磷水平从2011-2014也呈现逐年上升的态势。

监测结果显示:多数 COD 未达到地面 V 类水质标准 (≤ 40 mg/L),但是从 2011 到 2014 年,无论高潮还是低潮,COD 呈现逐年下降态势。沙嘴的 COD 和 BOD 值均较低,低潮时 COD 和 BOD 值普遍比高潮时高。然而,BOD 从 2011 到 2014 呈现逐年上升的趋势。

③福田红树林湿地水域的重金属含量年度变化

2010-2013 年福田红树林湿地重金属含量年度变化如表 2 所示。监测结果显示: 五种重金属水平多数低于检出限,属于 I 类水质。说明红树林湿地水域的重金属污染已得到有效控制。

附录 2 层次分析法 MATLAB 源程序

```
function w=ahp(num,g)
% w:最后权重 num:层数 g:行向量(各层准则数量)
% 调运方式: w=l_ahp(num,g)
% EXAMPLE:
disp('-----层次分析系统(AHP)------')
for i=2:num %控制各层
    disp(['第',num2cell(i),'层分析'])
    trace w{i-1}(1:g(i),1:g(i-1))=zeros(g(i),g(i-1));
```

```
trace 1\{i-1\}(1,1:g(i-1)) = zeros(1,g(i-1));
    CI\{i-1\}(1:g(i-1))=zeros(1,g(i-1));
   CR\{i-1\}(1:g(i-1))=zeros(1,g(i-1));
  for j=1:g(i-1)
        disp(['第', num2cel1(i), '层', '第', num2cel1(j), '个判断矩阵分析
'<sub>])</sub>
        A=input('输入判断矩阵(按你的顺序)');
        [w, 1] = eig(A);
        11 = (\max(1));
        [11, index] = max(11);
        w=w(:, index);
        w=abs(w);
        w=w./sum(w)
        trace w\{i-1\}(:, j)=w
        trace 1\{i-1\}(1, j)=11
    end
    CI\{i-1\}(:)=(trace_1\{i-1\}(:)-g(i))./(g(i)-1);
    RI=RI process(g(i))
    CR\{i-1\} (:)=CI\{i-1\} (:)./RI
    c=find(CR\{i-1\}(:))=0.1
    zhi=isempty(c);
    if zhi==1
        disp('一致性检验结果(层内单派层)')
        disp(CR\{i-1\});
        disp('各个判断矩阵权向量')
        disp(trace w{i-1});
        disp('各个判断矩阵最大特征值')
        disp(trace_1\{i-1\});
    else
        ['请修改第', num2cel1(c), '次的比较矩阵']
        ['以下结果无效']
        break:
    end
end
 disp('层次总排序及其一致性检验')
 w=trace_{w}\{num-1\}\ (1:end, 1:end)*trace_{w}\{1\}\ (1:end, 1:end);
 w=abs(w):
 w=w./sum(w);
```

```
CI=sum(trace w{1}(:).*CI{2}(:));
CR=CI/RI_process(g(num));
 if CR<0.1
    disp('综合一致性检验结果');
    disp(num2cell(CR));
    disp('最后权重')
    disp([num2cell(w)]);
    W
else
    disp('一致性检验不合格请重新建立判断矩阵');
end
function RI=RI_process(gs)
    switch gs
       case 1
           RI=0;
       case 2
           RI=0;
       case 3
           RI=0.58;
       case 4
           RI=0.90;
       case 5
           RI=1.12;
       case 6
           RI=1.24:
        case 7
           RI=1.32;
       case 8
           RI=1.41;
       case 9
           RI=1.45;
       case 10
           RI=1.49;
       case 11
           RI=1.51;
       otherwise
```

disp('超出判断范围')

end

```
(2) 熵权法源程序
function fun(x)
y=[];
[m, n] = size(x);
for i=1:n
y(:, i) = x(:, i) / sum([x(:, i)])
                                      % 原始矩阵归一化
end
for
1=1:n
s(1,1)=0;
for
 j=1:m
            p(1, 1) = y(j, 1) * log(y(j, 1))
      s(1, 1) = s(1, 1) + p(1, 1)
 end
end
k = (\log(m))^{(-1)}
e=-k*sh=ones(1, n)-e
                               % 指标权重值
w=h/sum(h)
sum(w)% 计算综合评价值
g=y*w'
```

附录 3 灰色预测模型, GM(1,1)模型

 ${\tt clear}$

syms a b;

c=[a b]';

```
A=[619.70 686.37 788.15 949.10 1092.56 1181.05];
B=cumsum(A);
n=1ength(A);
for i=1:(n-1)
   C(i) = (B(i) + B(i+1))/2;
end
D=A;D(1)=[];
D=D';
E=[-C; ones(1, n-1)];
c=inv(E*E')*E*D;
c=c';
a=c(1); b=c(2);
F=[];F(1)=A(1);
for i=2:(n+8)
   F(i) = (A(1)-b/a)/\exp(a*(i-1))+b/a;
end
G=[];G(1)=A(1);
for i=2:(n+8)
   G(i) = F(i) - F(i-1);
end
t1=2000:2010;
t2=2000:2018:
G
plot(t1, A, 'o', t2, G)
clear
syms a b;
c=[a b]';
A=[619.70 686.37 788.15 949.10 1092.56 1181.05 1273.67];
```

```
B=cumsum(A);
n=length(A);
for i=1:(n-1)
   C(i) = (B(i) + B(i+1))/2;
end
D=A;D(1)=[];
D=D';
E=[-C; ones(1, n-1)];
c=inv(E*E')*E*D;
c=c';
a=c(1); b=c(2);
F=[];F(1)=A(1);
for i=2:(n+8)
   F(i) = (A(1)-b/a)/\exp(a*(i-1))+b/a;
end
G=[];G(1)=A(1);
for i=2:(n+8)
   G(i) = F(i) - F(i-1);
end
t1=2000:2010;
t2=2000:2018;
G
а
b
```

附录 4 GRNN 神经网络模型代码

```
function fun(p, t, m, n)
nntwarn off;
%%
```

```
p train=p(1:m,:);
    t_train=t(1:m,:);
    p_test=p(1:n,:);
    %%
    desired_spread=[];
    mse max=10e1000;
    desired input=[];
    desired_output=[];
    result_perfp=[];
    indices = crossvalind('Kfold', length(p_train), 4);
    h=waitbar(0,'正在寻找')
        k=1;
    for i = 1:4
        perfp=[];
    disp(['当前第', num2str(i), '次交叉实验'])
    test = (indices == i); train = ~test;
    p_cv_train=p_train(train,:);
    t_cv_train=t_train(train,:);
    p_cv_test=p_train(test,:);
    t_cv_test=t_train(test,:);
    p_cv_train=p_cv_train';
    t_cv_train=t_cv_train';
    p_cv_test= p_cv_test';
    t_cv_test= t_cv_test';
    [p_cv_train, minp, maxp, t_cv_train, mint, maxt]=premnmx(p_cv_train, t_
cv_train);
    p_cv_test=tramnmx(p_cv_test, minp, maxp);
    for spread=0.1:0.1:10;
    net=newgrnn(p cv train, t cv train, spread);
```

```
waitbar (k/80, h);
disp(['当前 spread 值为: ', num2str(spread)]);
test_Out=sim(net, p_cv_test);
test_Out=postmnmx(test_Out, mint, maxt);
error=t_cv_test-test_Out;
disp(['当前网络mse:', num2str(mse(error))])
perfp=[perfp mse(error)];
if mse(error) <mse_max
mse_max=mse(error);
desired spread=spread;
desired_input=p_cv_train;
desired_output=t_cv_train;
end
k=k+1;
end
result perfp(i,:)=perfp;
end:
close(h)
disp(['最佳 spread 值为: ', num2str(desired_spread)])
disp(['此时最佳输入为:'])
desired input
disp(['此时最佳输出值为:'])
desired_output
%%
net=newgrnn(desired_input, desired_output, desired_spread);
p_test=p_test';
p_test=tramnmx(p_test, minp, maxp);
grnn_prediction_result=sim(net, p_test);
grnn prediction result=postmnmx(grnn prediction result, mint, maxt)
```

```
y1=grnn_prediction_result;
  t1=1:n;
  t2=1:m;
  x1=2000:2000+n-1;
  x2=2000:2000+m-1;
  y2=t(1:m,:);
  plot (x1, y1, 'r:o', x2, y2, 'b--+')
附录 5 RGB 遥感图像处理代码
  >> A=imread('G:\hongshulin1.jpg');
  fR=A(:,:,1);
  fG=A(:,:,2);
  fB=A(:,:,3);
  fR=histeq(fR,256);
  fG=histeq(fG,256);
  fB=histeq(fB,256);
  RGB_image=cat(3,fR,fG,fB);
  figure,imshow(RGB_image)
  >> imshow(A)
  >> imshow(A);imshow(RGB_image);
  >> imshow(A) imshow(RGB_image);
   imshow(A) imshow(RGB_image);
  Error: Unexpected MATLAB expression.
  >> subplot(1,2,1),imshow(A); subplot(1,2,2),imshow(RGB_image);
  >> subplot(2,1,1),imshow(A); subplot(2,1,2),imshow(RGB_image);
  >> imshow(fG);
  >> imshow(fB);
```

```
>> imshow(fR);
>> imshow(fB);
>> imshow(fG);
>> imshow(fG);
>> subplot(2,2,1),imshow(RGB_image); subplot(2,2,2),imshow(fR);
subplot(2,2,3),imshow(fG); subplot(2,2,4),imshow(fB);
>> subplot(2,2,1),imshow(RGB_image);title('训练后仿真输出结果');
subplot(2,2,2),imshow(fR);title('分类后降维图像(R)');
subplot(2,2,3),imshow(fG);title('分类后降维图像(B)');
>> subplot(2,2,4),imshow(fB);title('分类后降维图像(B)');
>> subplot(2,2,2),imshow(fR);title('分类后降维图像(R)');
subplot(2,2,2),imshow(fR);title('分类后降维图像(R)');
subplot(2,2,3),imshow(fG);title('分类后降维图像(G)');
subplot(2,2,4),imshow(fG);title('分类后降维图像(B)');
```