

抚宁吉松叶蜂幼虫种群空间格局及抽样技术研究*

温秀军

关键词 抚宁吉松叶蜂、空间格局、抽样

进行抚宁吉松叶蜂(*Gilpinia* sp.)种群空间格局和抽样技术的研究,对虫情监测,种群密度的准确估计,有关种群资料的统计分析以及对此虫的预测预报具有重要的应用价值。

1 研究方法

1.1 试验地概况及调查方法

试验地位于河北省抚宁县英武山村,林分为封山育林 10 a 的油松(*Pinus tabulaeformis* Carr.)天然次生林,混生有部分槲树(*Quercus aliena* Bl.),林龄 15 a,坡向东偏南,坡度 15~20°,面积 0.8 hm²,郁闭度 0.8~0.9,植被度 0.95,树高平均 2.5 m。调查时间 1987 年 6 月。

调查方法:将试验林地划分为 7 个小区,按区逐株调查记录松叶蜂幼虫数,虫龄为 3~4 龄。共调查油松 1 788 株。在邻接的 1、2、3 小区进行抽样效率的测定试验,在逐株查定幼虫数后,按下述不同抽样方式:单对角线、双对角线、棋盘式、“Z”字形、五点形,各抽取 30 株油松,查其幼虫数,估计总体密度,比较不同抽样方式的抽样估计效果。

1.2 空间格局的测定方法

采用了以下 8 种方法:(1)David & Moore 方法^[1];(2)Morisita, M. 方法^[2];(3)Cassie, R. M. 方法^[3];(4)Lloyd, M. 方法^[4];(5)Lloyd, M. 聚块性指标法^[4];(6)Taylor, L. R. 幂法则^[5,6];(7)Iwao 方法^[7-9];(8)马占山、张执中重新解释的 Taylor 幂法则^[10], $V/m = am^{b-1}$, $m_0 = \exp(a/1-b)$ 。式中: V 为方差, m 为均值, m_0 为种群聚集临界密度, a 、 b 为参数, V/m 为聚集度指标。

1.3 格局纹理分析方法

采用 ρ 指标法^[11]: $\rho_i = m_i^* - m_{i-1}^* / m_i - m_{i-1}$,式中: m_i^* 为 i 样方的平均拥挤度, m_i 为 i 样方的平均密度, i 为样方由小到大的序号, ρ 表示样方间的关系。

2 结果与分析

2.1 空间格局测定结果

2.1.1 抚宁吉松叶蜂幼虫种群的分布型指数 根据林间调查结果和空间格局测定方法,计算出 I 值、 I_s 值、 C 值、 m^* 值、 m^*/m 值,列入表 1 中。由表可见,在各密度下,种群的 I 值均大于 0, I_s 值均大于 1, C 值均大于 0, m^* 值均大于 m 值, m^*/m 值均大于 1,说明抚宁吉松叶蜂幼虫种群空间分布格局为聚集分布,且聚集度较强。

1992-06-04 收稿。

温秀军工程师(河北省林业科学研究所 石家庄 050061)。

* 本研究得到北京林业大学张执中、李镇宇教授的指导与帮助,特此致谢。

表 1 抚宁吉松叶蜂幼虫种群的几个扩散指标分布型指数 (河北抚宁,1987 年)

| 序 号 | 样本数 N | 平均值 m | 方差 V | 分 布 型 指 数 | | | | |
|-----|---------|---------|---------|-----------|---------|-------|---------|-----------|
| | | | | I 值 | I_s 值 | C 值 | m^* 值 | m^*/m 值 |
| 1 | 265 | 9.60 | 1 411.5 | 146.0 | 16.2 | 15.2 | 155.6 | 16.2 |
| 2 | 196 | 4.37 | 365.6 | 82.7 | 19.9 | 18.9 | 87.0 | 19.9 |
| 3 | 226 | 8.32 | 816.8 | 97.1 | 12.7 | 11.7 | 105.5 | 12.7 |
| 4 | 327 | 13.52 | 1 813.1 | 133.1 | 10.8 | 9.8 | 146.6 | 10.8 |
| 5 | 298 | 8.87 | 987.2 | 110.3 | 13.4 | 12.4 | 119.2 | 13.4 |
| 6 | 243 | 5.19 | 522.1 | 99.6 | 20.2 | 19.2 | 104.8 | 20.2 |
| 7 | 233 | 3.41 | 303.5 | 88.0 | 26.8 | 25.8 | 91.4 | 26.8 |

2.1.2 Taylor 幂法则测定结果 根据林间调查结果,以种群密度 m 的对数为自变量,以方差 V 的对数为因变量,作一元线性回归分析,应用最小二乘法估计参数, $\log a$ 和 b 的值分别为: 1.734 和 1.353,模型的相关系数 r 为 0.985 4, Taylor 幂模型为 $V=5.662 2m^{1.353}$ 。由于 $\log a > 0$, 且 $b > 1$, 说明抚宁吉松叶蜂幼虫种群在一切密度下均为聚集分布, 且其聚集强度随种群密度的升高而增加。

2.1.3 马占山、张执中重新解释的 Taylor 幂法则测定结果 根据空间格局调查资料,以 V/m 值的对数为因变量,以 m 的对数为自变量,作线性回归分析,求得 a 值为 5.662 2. b 值为 1.353, 种群聚集临界密度 m_0 为 0.007 4 头/株。由于 $b > 1$, 当种群密度 m 为 0.007 4 头/株时, 种群为随机分布格局; 当种群密度 m 大于 0.007 4 头/株时, 种群为聚集分布格局, 且为逆密度制约型, 当种群密度 m 小于 0.007 4 头/株时, 种群为均匀分布格局。

2.1.4 Iwao 方法的测定结果 由空间格局调查资料,求得各小区 m 值和 m^* 值后,以 m 为自变量,以 m^* 为因变量,作 m^*-m 一元线性回归分析,计算得: α 值为 66.939, β 值为 6.410, 相关系数 r 值为 0.856 8, m^*-m 回归方程为 $m^*=66.939+6.410m$, 由于 α 值大于 0, 说明分布的基本成分是个体群; β 值大于 1, 说明种群为聚集分布; 两者联合可以认为抚宁吉松叶蜂幼虫种群为没有确定数字模型的聚集分布, 但个体群遵循负二项分布。

2.2 空间分布格局纹理分析

根据调查资料,取样本大小 $u_i=1, 2, 5, 10, 20, 40, 80$ 株, 分别计算不同样本大小时 m 、 m^* 、 V 、 ρ 值, 结果见表 2。根据表 2 结果, 按不同大小样本作 m^*-m 关系图, 及 m^*/m 值、 ρ 值的坐标图(见图 1~3)。

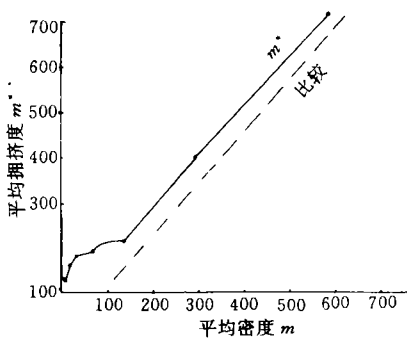


图 1 抚宁吉松叶蜂幼虫种群 平均拥挤度—平均密度关系

表 2 格局纹理分析

(河北抚宁,1987 年)

| 样方 序号 | 样方大小 u (株) | 样本数 | 平均密度 m | 方差 V | 平均拥挤度 m^* | P_i 值 |
|-------|--------------|-----|----------|----------|-------------|---------|
| 1 | 1 | 720 | 7.7 | 923.6 | 127.1 | |
| 2 | 2 | 360 | 15.3 | 1 989.5 | 144.0 | 2.22 |
| 3 | 5 | 144 | 38.3 | 5 111.9 | 170.7 | 1.16 |
| 4 | 10 | 72 | 76.7 | 9 106.0 | 194.4 | 0.62 |
| 5 | 20 | 36 | 153.4 | 10 212.6 | 219.0 | 0.32 |
| 6 | 40 | 18 | 306.8 | 35 767.2 | 422.4 | 1.33 |
| 7 | 80 | 9 | 613.5 | 54 766.1 | 701.8 | 0.91 |

注: ρ 平均值 = 1.09, $S_\rho = 0.66, \Delta(\bar{\rho})_{0.05} = 0.26$ 。

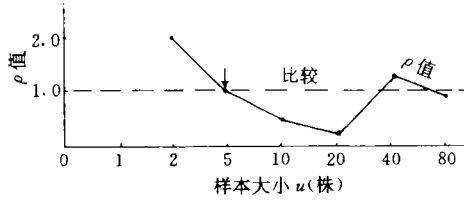
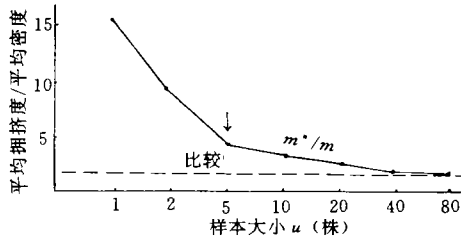


图2 不同样方大小时平均拥挤度/平均密度坐标图

图3 不同样方大小时ρ值坐标图

由图1~3可见,由于 m^*-m 回归线为曲线,证实分布的基本成分不是单个的个体。分布的基本成分是疏松的个体群^[12,13]。又当 m^*/m 曲线下降最陡, ρ 值近似等于1时,样方大小相当于个体群的面积,当 ρ 值大于1时,样方大小小于个体群所占面积。图示此时幼虫个体群所占面积为5株左右。样方大小不同时,若小样方的 ρ 值等于零,则个体群内的分布是均匀的,反之则是随机分布。可见抚宁吉松叶蜂的幼虫个体群内的分布是随机的。

2.3 不同抽样方式抽样估计效果的比较

表3 不同抽样方式抽样调查结果

(河北抚宁,1987年)

不同抽样方式抽样调查结果见表3。表中总体值均落入单对角线和五点式抽样法的估值区间内,不同抽样法的估计精度也以五点式和单对角线式抽样估计法为最高,说明在进行抚宁吉松叶蜂幼虫种群数量调查时,以五点式抽样法效果最佳,其次为单对角线法。

| 抽样方式 | 抽样株数 | 总体株数 | 抽样强度(%) | 总体均值 | 估计值及95%置信区间 | 是否在估计置信区间内 | 估计精度(%) |
|------|------|------|---------|-------|-------------|------------|---------|
| 单对角线 | 30 | 687 | 4.4 | 7.688 | 9.07±1.65 | 是 | 84.8 |
| 双对角线 | 30 | 687 | 4.4 | 7.688 | 9.53±1.43 | 否 | 80.7 |
| 棋盘式 | 30 | 687 | 4.4 | 7.688 | 10.30±1.32 | 否 | 74.6 |
| 乙字形 | 30 | 687 | 4.4 | 7.688 | 9.13±1.36 | 否 | 84.2 |
| 五点形 | 30 | 687 | 4.4 | 7.688 | 8.9±1.55 | 是 | 86.4 |

2.4 最适抽样数

根据 Iwao(1977)的统计方法,知道了 m^*-m 回归的 α, β 值及平均密度 m ,再给定允许误差 D ,即可获知最适抽样数量。在进行调查时,一般可取 $t=1, D=0.25$,则按下式可得出最适抽样数 $N: N=16(67.939/m+5.41)$ 。

2.5 幼虫种群数量简易估计模型

应用有虫株率估计虫口密度可节省大量人力和时间。根据 Gerrad 等^[11]提出的方法,应用本研究调查资料,即可求得抚宁吉松叶蜂幼虫种群数量的简易估计模型: $m=89.084[-\ln(1-p)]^{1.2018}$ 。相关系数 $r=0.9867$ 。用此式根据田间有虫株率 p ,即可求得相应的种群密度 m 。1987年用3组90株树的调查资料对此式的估计值进行检验表明,平均估计精度为81.8%,误差为18.2%,最高精度为89.8%,最低误差为10.2%。

2.6 序贯抽样决策技术

根据 Iwao^[9]的序贯抽样方法,当临界密度为 m_0 时,若置信概率取90%, t 取1.64,则抚宁吉松叶蜂的序贯抽样上、下界方程为:

$$\text{上界: } d_1 = n \cdot m_0 + 1.64 \sqrt{n(67.939 + 5.41m_0^2)}$$

$$\text{下界: } d_0 = n \cdot m_0 - 1.64 \sqrt{n(67.939 + 5.41m_0^2)}$$

若抽样数为 n 时,累计虫数 d 大于 d_1 ,则停止抽样,认定此种群密度大于 m_0 ;若 d 小于 d_0 ,则亦停止抽样,判定此种群密度小于 m_0 ;若 d 在 d_1 与 d_0 之间,则不能作出决策,应继续抽样调查。

直到理论抽样数 N (最大抽样数)。此抽样方法可用于防治决策,并在防治效果检查中,具有减少抽样数量和控制犯 I、II 型错误的概率的优点。

2.7 数据代换方法

根据 Taylor 方法,即可获得抚宁吉松叶蜂幼虫种群资料代换的公式, $x' = x^{-2.205}$ 。为验证用这公式进行资料代换的适宜程度,首先按 Taylor 方法,应用调查的 7 组资料,以 $\log V$ 与 $\log m$ 值作图(见图 4),基本呈线性关系,说明 V 与 m 是不独立的。将 7 组资料根据上式代换后,以代换后的 $\log V'$ 与 $\log m'$ 值作图(见图 5),各数据点散开了。证明按 Taylor 方法进行代换是有效的。

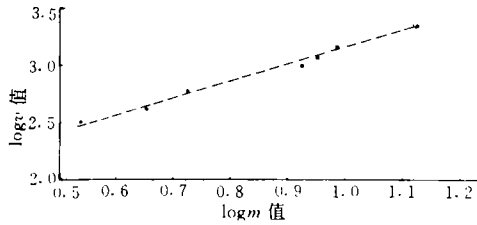


图 4 未代换前的 $\log m$ 与 $\log V$ 的关系

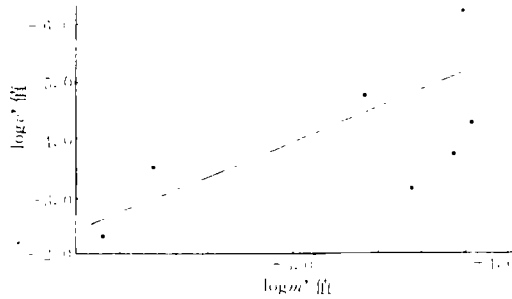


图 5 代换后的 $\log m'$ 与 $\log V'$ 的关系

以上研究结果表明,抚宁吉松叶蜂幼虫在林间呈聚集分布型,且为逆密度制约型,分布的基本成分为个体群,幼虫在个体群内为随机分布。抽样调查以五点式或单对角线式抽样法较好,当估计精度要求不高时,可用零频率简易种群密度估计模型 $m = 89.084 [-\ln(1-p)]^{-1.2018}$,通过调查有虫株率 p 对抚宁吉松叶蜂幼虫种群密度进行估计,可减少调查的时间和人力。在该蜂幼虫资料进行统计分析时,可用 $x' = x^{-2.205}$ 式进行数据代换,即可使其数据符合统计要求,保证分析结果的正确。对该幼虫的最适抽样数和序贯抽样决策进行探讨的结果,可用于指导此虫种群密度抽样估计和防治决策。

参 考 文 献

- 1 Dvaid F N, Moore P G. Notes on contagious distributions in plant populations. *Ann. Bot. Lond. N. S.*, 1954, 18 (1):47~53.
- 2 Morisita M. Measuring of the dispersion of individuals and analysis of the distributioned patterns. *Mem. Fac. Sci. Kyushu Univ. E(Biol.)*, 1959, 2(2):215~235.
- 3 Cassie R. M. Frequency distribution models in the ecology of plankton and other organisms. *J. Anim. Ecol.*, 1962, 31(1):65~92.
- 4 Lloyd M. Mean crowding. *J. Anim. Ecol.*, 1967, 36(1):1~30.
- 5 Taylor L R. A natural law for the spatial disposition of insects. *Proc. XII int. Congr. Ent.*, 1965, 396~397.
- 6 Taylor L R, Woiwod I P, Perry J N. The density-dependence of spatial behaviour and the variety of randomness. *J. Anim. Ecol.*, 1978, 47(3):383~406.
- 7 Iwao S. A new regression method for analyzing the aggregation pattern of animal populations. *Res. Pop. Ecol.*, 1968, 10(1):1~20.
- 8 Iwao S. Application of the $m^* - m$ method to the analysis of spatial patterns by changing the quadrat size. *Res. Popul. Ecol.*, 1972, 14(1):97~128.

- 9 Iwao S. A new method of sequential sampling to classify populations relative to a critical density. Res. Popul. Ecol., 1975, 16(2):281~288.
- 10 马占山,张执中. 油松毛虫幼虫和蛹在油松各轮枝层分布的空间格局及变化规律的研究. 林业科学, 1990, 26(6):519~526.
- 11 Gerrard D J, Chiang H C. Density estimation of corn rootworm egg population based upon frequency of occurrence. Ecology, 1970, 51(2):237~245.
- 12 赵志模,周新远. 生态学引论. 重庆:科学技术文献出版社重庆分社,1984.
- 13 索思伍德 T R E(罗柯清,周昌清,刘复生译). 生态学研究方法. 北京:科学出版社,1984.

Studies on the Spatial Distribution and Sampling Technique for the Larval Population of *Gilpinia* sp.

Wen Xiujun

Abstract In this paper, the spatial distribution and sampling technique for larval population of *Gilpinia* sp. was studied. The larval population of *Gilpinia* sp. belongs to aggregated distribution in stand, and the aggregated level goes against the density of the larval population. The basic component of the distribution is the individual colony. The distribution of individuals in the colony are in random. "Five" point sampling and single diagonal line sampling are suitable ones for population density investigation. If a rough estimate for population density is needed, the following model can be used: $m = 89.084[-\ln(1-p)]^{-1.2018}$.

Key words *Gilpinia* sp., spatial distribution, sampling