

$La-m$ 模型在检验昆虫种群空间分布型 与抽样调查中的应用*

兰星平

摘要 根据随机分布中方差(v)与均值(m)相等的性质,提出了一个新的种群聚集度指标,即 La 指标。 La 不仅可用来判断昆虫的空间分布型,而且在许多情况下, La 与 m 之间存在着显著的线性关系,据此建立了 $La-m$ 模型($La=\theta+\eta m$)。当 $La-m$ 线性相关显著时, θ 和 η 的不同组合型式就揭示了种群不同的空间分布型的信息,同时可将 θ 和 η 的估计值具体地应用于抽样调查之中。

关键词 $La-m$ 模型、昆虫种群、空间分布型、抽样技术

昆虫种群空间分布型是昆虫的个体或个体群在栖境中的分布形式,是种群的重要属性之一。在有害昆虫的综合治理中,研究昆虫的空间分布型是一项重要的基础工作。目前在研究种群空间分布型中,常用的方法有概率分布公式法、聚集度指标判断法和回归分析法。后两种方法在分析上具有计算简便、判断及时、易于掌握应用等优点,而且在运算过程中不受抽样单元虫体数量多少的限制,因此在国内外均受到很大的重视。笔者在系统研究聚集度指标判断法和回归模型法检验种群空间分布型的基础上,提出了一个新的种群聚集度指标和 $La-m$ 回归分析模型,现将结果报道如下。

1 $La-m$ 模型的提出

在描述种群随机分布的 Poisson 概率模型中,方差(v)与均值(m)相等,即 $v=m$;在聚集分布(如负二项分布、奈曼分布等)中, $v>m$;在均匀分布中, $v<m$ 。这些结论为聚集度指标法测定昆虫种群的空间分布型提供了理论依据。基于此,国内外许多学者,从不同的研究角度,提出了一系列聚集度指标^[1,2]。虽然不同的指标与 v 和 m 之间的数学表达式不同,但是在每一个指标中均含有 v/m 或 $v-m$ 的因素。指标的取值大小与分布型的判断准则,实际上是由表达式中 v/m 是否偏离 1 或 $v-m$ 是否偏离 0 来决定的。 v/m 或 $v-m$ 的不同取值范围就决定了指标的不同取值范围,以及种群空间分布的聚集与离散的情况。聚集度指标回归模型检验种群空间分布型的依据,也是依变量(聚集度指标)中的 v/m 或 $v-m$ 取值的大小。例如,在 Iwao 的 $\dot{m}=\alpha+\beta m$ 模型中,将 $\dot{m}=v/m+m-1$ 代入得: $v/m+m-1=\alpha+\beta m$,因此 $v/m=(\alpha+1)+(\beta-1)m$ 。显然当 $\alpha>0, \beta\geq 1; \alpha=0, \beta>1$ 时, $v/m>1$,判断种群为聚集分布。当 $\alpha=0, \beta=1$ 时, $v/m=1$,判断为随机分布。当 $\alpha<0, \beta\leq 1; \alpha=0, \beta<1$ 时, $v/m<1$,判断为均匀分布。

1994-08-02 收稿。

兰星平工程师(贵州省森林病虫害防治站 贵阳 550001)。

* 本文系贵州省 1992 年科学基金项目“森林昆虫空间分布型回归分析方法的研究”内容之一。

上述结果说明,凡是用 v 和 m 构成的表达式,只要含有 v/m 或 $v-m$ 的数学因素,都可用来判断种群的空间分布型。据此,笔者提出了 La 指标,其表达式如下:

$$La = (v - m)/v + m = m - m/v + \quad (1)$$

式中, m 为样本均值, v 为方差。利用 $v-m$ (或 v/m) 的取值范围与分布型的关系,可以导出指标 La 的不同取值与分布型的判断准则如下:

$$La/m \begin{cases} >1, \text{聚集分布} \\ =1, \text{随机分布} \\ <1, \text{均匀分布} \end{cases}$$

由式(1)可知, La 与 m 之间存在着线性关系,当 $m/v \rightarrow 0$ 时, $La \rightarrow m+1$, La 与 m 为直线关系。本文用下式来描述这种关系:

$$La = \theta + \eta m \quad (2)$$

式(2)即为 $La-m$ 模型,式中 θ 和 η 为待估参数。当 La 与 m 线性相关显著时, θ 和 η 的不同组合型式就揭示了种群不同的空间分布型的信息(表1)。

表1 $La-m$ 回归模型参数的不同组合型式与分布型的关系

θ	η	分布型	θ	η	分布型
>0	>1	聚集分布	<0	<1	均匀分布
>0	=1	聚集分布	<0	=1	均匀分布
=0	>1	聚集分布	>0	<1	如果: $\theta/m+\eta>1$, 聚集分布; $\theta/m+\eta=1$, 随机分
=0	=1	随机分布	<0	>1	布; $\theta/m+\eta<1$, 均匀分布。
=0	<1	均匀分布			

2 $La-m$ 模型的序贯抽样方程

根据兰星平^[3]的方法,可以导出 $La-m$ 模型的序贯抽样方程如下:

$$d_0 = m_0 n - t \sqrt{m_0 n / [(1 - \eta)m_0 - \theta + 1]} \quad (3)$$

$$d_1 = m_0 n - t \sqrt{m_0 n / [(1 - \eta)m_0 - \theta + 1]} \quad (4)$$

式中, d_0 、 d_1 分别为累计虫数(d)的下限计算值和上限计算值, m_0 为防治指标或临界密度, n 为样本单元数, t 为置信水平, θ 、 η 为式(2)中的参数。

3 最大抽样单元数的确定

在实施序贯抽样的过程中,为了避免过量的抽样,可预先给定抽样的允许误差和置信水平,求出理论上的最大抽样数量(N_{\max})。当实际抽取的样本单元数 $\bar{n} = N_{\max}$ 时,则终止抽样。

当允许误差为 $d' = t \sqrt{v/n}$ 时,

$$N_{\max} = t^2 m_0 / \{d'^2 [(1 - \eta)m_0 - \theta + 1]\} \quad (5)$$

当允许误差为 $D = d'/m_0$ 时,

$$N_{\max} = t^2 / \{D^2 m_0 [(1 - \eta)m_0 - \theta + 1]\} \quad (6)$$

4 序贯抽样表和序贯分析图的制作

将一系列的 n 值(如 $n=5, 10, \dots$)代入方程(3)、(4),计算出相应的累计虫数的下界值和

上界值(d_0, d_1),列表即得序贯抽样表。其序贯分析模式图如图 1 所示^[4]。

5 最适抽样单元大小的确定

确定最适抽样单元的大小,可根据研究的目的选择相应的判断准则,如允许误差准则、时间准则、费用准则等。本文以相对误差 $D=t \sqrt{v/n}/m$ 作为判断选取抽样单元大小的准则。

设抽取的抽样单元的大小为 u 时(u 可表示叶片、枝条、果实等),应用 $La-m$ 模型: $La_u = \theta_u + \eta_u m_u$; 求出 θ_u 和 η_u 的值。当选取的抽样单元大小为 l 时(设 $l > u, l$ 可表示植株、地面样方等),同样应用 $La-m$ 模型: $La_l = \theta_l + \eta_l m_l$, 求出参数 θ_l 和 η_l 的值。将求出的参数分别代入相对误差的计算公式:

$$D = t \sqrt{1/\{mn[(1-\eta)m-\theta+1]\}}$$

得 $D_u = t \sqrt{1/\{m_u n_u [(1-\eta_u)m_u - \theta_u + 1]\}}$; $D_l = t \sqrt{1/\{m_l n_l [(1-\eta_l)m_l - \theta_l + 1]\}}$
 作比 $R = D_l/D_u$,

$$R = \sqrt{\frac{n_u m_u [(1-\eta_u)m_u - \theta_u + 1]}{n_l m_l [(1-\eta_l)m_l - \theta_l + 1]}} \tag{7}$$

如果:(1) $R \geq 1$,则表明抽样单元的大小以 u 为佳;(2) $R < 1$,则表明抽样单元的大小以 l 为佳。

6 种群聚集原因分析

对聚集分布的种群来说,聚集原因可分为本身的生物学特性和环境因素两个方面。Blackith (1961)提出了判断种群聚集原因的种群“聚集均数”的计算公式 $\lambda = m/2k \cdot \gamma$ 。式中, λ 为聚集均数, m 为均值, γ 为自由度为 $2k$ 的 $\chi^2_{0.5}$ 分布函数值, $2k$ 常为小数,可按比例计算, $k = m^2/(v-m)$ 。将 $v = m/[(1-\eta)m-\theta+1]$ 代入 k 的计算公式,则:

$$k = m/(\theta + \eta m - m) - m \tag{8}$$

当 $\lambda < 2$ 时,个体的聚集可能由某些环境因子引起,而不是本身聚集行为习性所造成;当 $\lambda \geq 2$ 时,个体的聚集原因可能由昆虫本身的聚集行为或由昆虫本身的聚集行为与环境的异质性两因素共同作用引起。

7 例证研究

松毒蛾(*Daschira axutha* Collentte)越冬蛹空间分布型检验结果:

(1)用 La 指标检验笔者等^[5]1990年3月至4月,在贵州省龙里林场调查的松毒蛾越冬蛹的数据,结果如表 2。

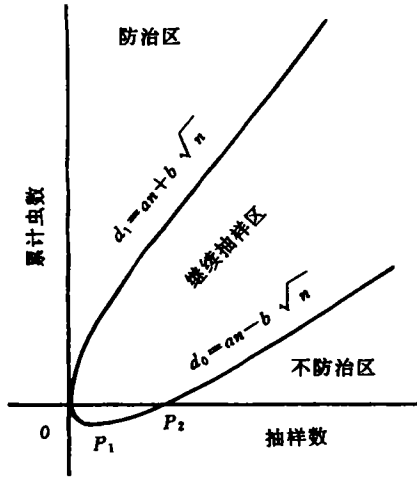


图 1 La-m 模型序贯分析模式

$$a = m_0, b = t \sqrt{m_0/[(1-\eta)m_0 - \theta + 1]}$$

$$P_1(b^2/4a^2, -b^2/4a), P_2(b^2/a^2, 0)$$

表2 松毒蛾越冬蛹空间分布型聚集度指标测定结果

林班编号	均值 m	方差 v	La/m	扩散系数 c	丛生指标 I	Cassie 指标 Ca	分布型
1	6.725	83.299	1.137	12.386	11.386	1.693	聚集分布
2	10.666	170.355	1.088	15.972	14.972	1.404	聚集分布
3	0.500	2.090	2.522	4.180	3.180	6.360	聚集分布
4	5.444	63.406	1.168	11.656	10.656	1.959	聚集分布
5	11.880	90.865	1.073	7.649	6.649	0.560	聚集分布
6	9.600	78.373	1.091	8.164	7.164	0.746	聚集分布
7	7.500	127.953	1.124	16.925	15.925	2.106	聚集分布
8	5.200	19.493	1.141	3.749	2.749	0.529	聚集分布
9	2.666	8.355	1.255	3.134	2.134	0.800	聚集分布
10	0.466	0.782	1.867	1.678	0.678	1.455	聚集分布
11	5.742	43.391	1.151	7.557	6.557	1.142	聚集分布
12	0.400	0.640	1.938	1.600	0.600	1.500	聚集分布
13	0.150	0.372	4.978	2.840	1.840	9.867	聚集分布
14	10.173	137.343	1.091	13.501	12.501	1.229	聚集分布
15	2.640	10.390	1.283	3.936	2.396	1.112	聚集分布
16	2.950	10.547	1.244	3.575	2.575	0.873	聚集分布
17	11.216	125.536	1.081	11.193	10.193	0.909	聚集分布
18	6.733	22.328	1.104	3.316	2.316	0.344	聚集分布
19	7.032	26.648	1.143	4.816	3.816	0.690	聚集分布
总体结果	5.667	14.494	1.107	2.557	1.557	1.897	聚集分布

由表2可知,19个林班计算的 La/m 均大于1,因此判断松毒蛾越冬蛹在整个林场的空间分布型为聚集分布。这一结论与表2中其它聚集度指标的测定结果是一致的。

(2)将表2的资料分别用 $La-m$ 模型、Iwao $\dot{m}-m$ 模型和 Taylor 幂测法拟合运算,结果如下:

$$La-m \text{ 模型} \quad La=0.5806+1.0333m, \quad r=0.9996^{**}$$

$$\text{Iwao 模型} \quad \dot{m}=0.411+2.126m, \quad r=0.9345^{**}$$

$$\text{Taylor 模型} \quad v=3.325m^{1.436}, \quad r=0.9413^{**}$$

结果表明3种模型计算的相关程度均极为显著,其中 $La-m$ 模型的相关程度最大。由于参数组合型式为: $\theta > 1, \eta > 1$, 所以判断松毒蛾越冬蛹的空间分布型为聚集分布。其它两个模型的检验结果也是聚集分布。

(3)松毒蛾越冬蛹序贯抽样方程与最适抽样单元数的计算公式:将 θ, η 的计算值代入式(3)、式(4),取 $t=1.96, m_0=2$ 头活蛹/样方,则得松毒蛾越冬蛹的序贯抽样方程为:

$$d_0 = 2n - 4.6667 \sqrt{n} \quad (9)$$

$$d_1 = 2n + 4.6667 \sqrt{n} \quad (10)$$

由方程(9)、(10)绘制的序贯分析图如图2所示。

将 $\theta=0.5806, \eta=1.0333, m_0=2$ 分别代入方程(5)、(6)两式,则得出与允许误差 D, d' 和置信水平 t 有关的最大抽样数量公式:

$$N_{\max} = 5.6689t^2/d'^2 \quad (11)$$

$$N_{\max} = 1.417 2t^2/D^2 \quad (12)$$

此外,笔者用 $La-m$ 模型验算了有关刊物上发表的昆虫种群空间分布型的资料,结果表明在许多情况下, $La-m$ 模型的拟合效果优于 Iwao $\dot{m}-m$ 模型和 Taylor 幂法则。

(4) 聚集原因分析: 将 $\theta=0.580 6, \eta=1.033 3$, 以及松毒蛾的总体均值 $m=5.667$ 代入式(8), 得 $k=1.699 3$ 。因此, $2k=3.398 6 \approx 3.4, \chi^2_{0.5}(3.4)=2.766$, 即 $\gamma=2.766$ 。种群聚集均数为: $\lambda=4.610 3 > 2$ 。

结果表明松毒蛾越冬蛹的聚集原因系由本身的生物学特性与环境的异质性共同作用所致。前者反应了老熟幼虫下树群集结茧化蛹的习性, 后者反应了越冬场所结构的差异, 如地面枯枝落叶层的厚度, 杂草灌木的生长情况, 以及地面土穴、石块数量和分布等。

8 小 结

(1) 本文在系统研究种群聚集度指标和回归模型检验昆虫种群空间分布型的基础上, 提出了一个新的种群聚集度指标, $La=m-m/v+1$ 。 La 不仅可用于判断种群的空间分布型, 而且 La 与 m 之间存在线性关系, 据此提出了 $La-m$ 模型。当 La 与 m 为线性关系时, 参数 θ 和 η 的不同组合型式就揭示了不同的空间分布型的信息。

(2) 基于 $La-m$ 模型, 推导了一系列的抽样调查公式和样本单元大小的确定公式, 应用中可根据需要进行选择。

(3) $La-m$ 模型计算简便, 易于掌握应用, 而且模型拟合的效果好, 可满足生产防治和科学研究的需要。 La 指标和 $La-m$ 模型的提出, 为研究昆虫种群的空间分布型提供了一个有效的手段, 在有害昆虫的综合治理中具有实际的应用价值。

参 考 文 献

- 1 丁岩钦. 昆虫种群数学生态学原理与应用. 北京: 科学出版社, 1980. 113~124.
- 2 兰星平. \dot{m}/v 指标在检验昆虫空间分布型中的应用. 林业科学, 1992, 28(4): 386~388.
- 3 兰星平. $\dot{m}-v$ 模型在检验昆虫空间分布型与抽样调查中的作用. 林业科学, 1991, 27(5): 511~516.
- 4 兰星平. 关于绘制 Iwao 序贯分析图的讨论. 林业科学, 1988, 24(2): 249~251.
- 5 兰星平, 魏义贤, 朱秀娥, 等. 回归估计方法在检验松毒蛾越冬蛹空间分布型与抽样调查中的应用. 贵州林业科技, 1992, 20(1): 38~43.

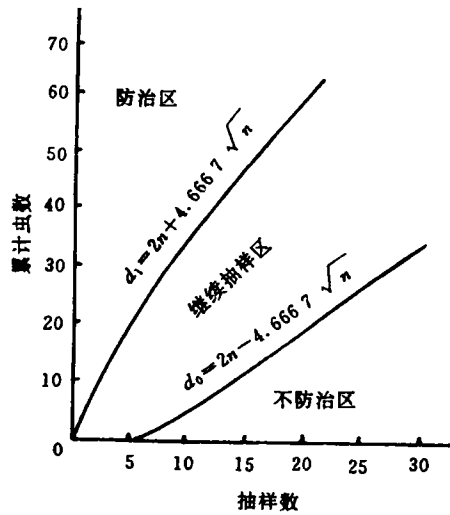


图2 松毒蛾越冬蛹序贯分析