

5. 生物多样性与稳定性模型和信息技术在生物多样性编目的应用研究

生物多样性与稳定性模型对整个项目的研究进行了理论抽象；信息技术在生物多样性编目的应用研究，开发了生物多样性编目数据采集系统和集成系统，为多样性编目的顺利实施提供了技术保证。(1) 提出了新的物种竞争共存机制，对多样性与生态系统功能的关系给出了一个新的解释。(2) 制订了《生物多样性编目数据采集规范标准》。(3) 在《生物多样性编目数据采集规范标准》的基础上开发了重点地区生物多样性编目数据采集系统，用于采集文字的数据。(4) 提出了数据格式转换模式和数据互操作模式相结合的集成方式并开发了东灵山地区生物多样性集成系统。(5) 开发了一个生物多样性评价软件工具 BiodiversityMapping，并利用这个工具对北京东灵山地区大步甲属的物种多样性进行了示范性的分析。

1). 物种相互作用与生物多样性共存稳定机制：建立生境破坏条件下集合种群的持续生存和竞争共存模型，分析了生境破坏对生物多样性维持的影响，指出了现有集合种群竞争模型中的不足，纠正了自 Lamont Cole (1960 年) 以来生态学一直存在的对斑块环境条件下竞争排除法则适用性的错误认识，强调了所有现代物种竞争共存理论都是建立在竞争排除法则基础上的。超生长 (over-yielding) 现象目前成为生物多样性与生态系统功能领域内的一个争论的焦点。根据 Lotka-Volterra 模型，我们给出了产生超生长所需要的条件，即某种形式的“干扰性竞争”，在植物身上如光竞争、他感作用等都可能使超生长不会出现。

提出了新的物种竞争共存机制，“局域配偶竞争”、“性别冲突”和“性传播疾病”等，这些机制的共同特点是并不需要物种之间在生态位上产生分化，因而对生态学经典理论“竞争排除法则”发出了挑战。在此基础上提出了一个新的群落结构组建假说，特别强调了区域生物地理过程、历史因素在决定群落物种多样性水平上的作用。对多样性与生态系统功能的关系给出了一个新的解释。

2). 数据采集规范标准：在有关专题的配合下，制订了《生物多样性编目数据采集规范标准》。该标准共有十个用户数据表、十三个公共库和八个图件。数据表有项目、调查点、分层、生物观测、记录、植物群落盖度、物种、标本、气象监测和气象纪录等，每个表由若干个数据项组成。公共库有省区、地点类型、定位方法、海拔高度测量方法、调查样地形状、地形、坡位、获得密度的手段、获得丰度的方法、生镜类型、土壤类型、风向、单位和人员等，每个库由内部代码和数据值二部分组成。图件包括行政区划图、地形图、植被图、土壤分布图、土地利用图、遥感照片、动物和植物物种的分布图，共 30 至 40 幅。

3). 数据采集录入程序：本专题在《生物多样性编目数据采集规范标准》的基础上开发了重点地区生物多样性编目数据采集系统，用于采集文字的数据。该系统通过网络分发到了承担编目的专题组。该数据采集软件以项目、调查点、物种和标本等四个数据表为数据录入的入口，串接起其他相关的数据表，使各表格关联的数据直接带入下一张表格，减少重复录入。公共库的数据可以根据需要动态添加。各数据表的数据可以用 FoxPro 的格式输出。

4). 网络化生物多样性数据集成模式和元搜索引擎的研究：本研究提出了数据格式转换模式和数据互操作模式相结合的集成方式，初步建立了东灵山地区生物多样性信息集成系

统。在这种结合的模式下,可将现存多种数据格式经专门的数据转换程序,按照规定好的格式,在各个数据源点进行格式转换,并分别存放在源点的数据库中,每个源点的数据库格式是相同的。发布系统在一个单独的节点,它不隶属于任何一个数据源点,但含有所有数据源点的配置信息,可以通过统一的接口最大限度的访问各个数据源点的所有数据资源。这样,发布系统对每一个数据源点的访问方式是相同的,访问简单,也可以很方便的从其它数据源点通过统一的接口获得所需要的信息,集成度高;每一个源点自己管理自己的数据,更新之后的数据在发布系统处可以同时得到体现,继承了数据互操作模式的数据实时更新的优点。通过这种分布式组织结构,可以最大限度的做到统一格式的高集成性和分布存储的高度灵活性,集中控制,分散管理。原搜索引擎是建立在搜索引擎之上的搜索引擎,可以将不同的搜索引擎检索出来的结果进行整合,去粗取精,使返回的搜索结果更加适合科学研究者使用。生物多样性相关的原搜索引擎建立的关键是如何通过一个关键字,将现存的生物多样性数据库所有的相关搜索信息提取出来,进行整理后给用户一个更加完备的数据。本专题利用最新由微软公司(Microsoft)推出的 DotNET 框架(DotNET Frameworks),初步开发了一个生物多样性信息原搜索引擎。在输入同一个关键字以后,获取多个搜索引擎信息,将返回结果进行字符串分析,将有用的结果存放在统一格式的 XML 文件中,再将 XML 文件中的结果格式化,实现多搜索引擎信息的总汇。

5). 多样性评价软件工具的开发: 开发了一个生物多样性评价软件 BiodiversityMapping。它是利用面向对象开发环境 Delphi 7.0 和地理信息系统控件 Shape Viewer Object 2.1 开发的 32 位 Windows 平台下的应用软件,适合生物多样性研究和生态学工作者使用。目前, BiodiversityMapping 的主要功能包括 α 、 β 多样性测度的计算以及制图。它实现的 α 、 β 多样性的测度包括以下几个种类: α 多样性指数计算方法包括 Shannon-Wiener 指数, Simpson 指数, 物种数, Margalef's D, Equitability J, Berger-Parker, McIntosh, Brillouin, Fishersalpha, Q statistic; 多样性排序方法包括 Reyni Diversity Ordering, Right-tailed sum; 物种丰度估计方法包括 Heterogeneity test, Chao Quant, Chao Pr-Ab, ACE, ICE, 1st order Jackknife, 2nd order Jackknife, Bootstrap, Michaelis-Menten; 多度格局描述方法包括 Species Number, Rank Abundance, Species Accumulation; β 多样性指数计算方法包括 βW , βC , βR , βI , βE , βT ; 特别打分方法以及鸟兽纲的 G-F 指数的计算。BiodiversityMapping 以 ESRI 的 .shp 文件和逗号分隔文件 .csv 为物种样本文件的输入格式,前者是目前的主流地理信息系统的一种文件格式,后者是一种简单易编辑的文本文件。BiodiversityMapping 具有良好的图形交互界面,能够以数据表格、统计图形和地图三种形式输出结果,同时文件可以保存为 .csv、.dbf、.shp 等多种格式的文件。利用 BiodiversityMapping 和于晓东等 1998-2000 年的野外调查结果,对东灵山地区大步甲属昆虫的物种多样性进行了示范性分析,对其进行了多种方法的测度并得到了较为理想的结果。

(以上内容均由“中国关键地区生物多样性保育的研究”项目组提供)