

二化螟种群空间格局的经典分析与地统计学比较研究*

袁哲明** 付威 李方一

(湖南农业大学植物保护学院,长沙 410128)

【摘要】 为揭示二化螟幼虫空间格局特征并阐明经典格局分析的局限性与地统计学的优越性,从2个原始样本出发,另构建了一系列格栅样本、随机样本和顺序样本并进行了比较研究.结果表明,经典格局分析不能有效区分频次分布相同但分布型或聚集程度不同的样本,存在受样方大小、格栅初始点位置和样本容量大小影响等许多局限性,其中受格栅初始点位置影响是首次报道;而地统计学半变异函数能有效刻画二化螟种群空间分布格局,表征其聚集强度和空间异质性,且受样方大小、格栅初始点位置和样本容量大小的影响较小.二化螟种群在低密度下呈随机分布;在高密度下呈聚集分布,聚集强度为0.1056,空间依赖范围为193 cm.在高密度下二化螟种群空间分布存在几何异向性,行方向上的聚集强度(0.2716)明显高于列方向(0.0867),但行方向上的空间依赖范围(115 cm)小于列方向(264 cm).

关键词 二化螟 空间分布型 经典分析 地统计学

文章编号 1001-9332(2004)04-0610-05 **中图分类号** Q968.1 **文献标识码** A

Spatial distribution pattern of *Chilo suppressalis* analyzed by classical method and geostatistics. YUAN Zheming, FU Wei, LI Fangyi (College of Plant Protection, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China). -Chin. J. Appl. Ecol., 2004, 15(4): 610~614.

Two original samples of *Chilo suppressalis* and their grid, random and sequence samples were analyzed by classical method and geostatistics to characterize the spatial distribution pattern of *C. suppressalis*. The limitations of spatial distribution analysis with classical method, especially influenced by the original position of grid, were summarized rather completely. On the contrary, geostatistics characterized well the spatial distribution pattern, congregation intensity and spatial heterogeneity of *C. suppressalis*. According to geostatistics, the population was up to Poisson distribution in low density. As for higher density population, its distribution was up to aggregative, and the aggregation intensity and dependence range were 0.1056 and 193 cm, respectively. Spatial heterogeneity was also found in the higher density population. Its spatial correlativity in line direction was more closely than that in row direction, and the dependence ranges in line and row direction were 115 and 264 cm, respectively.

Key words *Chilo suppressalis*, Spatial distribution pattern, Geostatistics.

1 引言

种群空间分布格局与制定合理抽样计划、发展区域害虫管理策略等有关,在昆虫种群生态学文献中一直占有相当比重^[11].经典空间格局分析方法包括离散分布的理论拟合、分布型指数法和格局纹理分析法等.其中,格局纹理分析多见于植被生态研究而在昆虫生态研究中甚少应用^[13].经典格局分析方法的弊端如受样本容量大小和样方大小影响、可能同时符合数种理论分布型或不符合任何一种已知理论分布型等前人早有了解^[2],但对其局限性一直缺乏全面的认识与总结.

本质上,经典格局分析的局限性是因其以纯随机变量为研究对象,假定不同位置的样点相互独立所导致的.而许多生态数据(如昆虫分布)并不是纯随机变量,而是既有随机性,又有结构性,即在空间

分布上有某种程度的相关性或连续性.地统计学以区域化变量理论为基础,以半变异函数为主要工具,研究那些在空间分布上既有随机性又有结构性的自然现象^[5].近年,昆虫空间格局的地统计学分析已成为昆虫学研究的一个热点^[1,4,6~8,10,15].本文从2个二化螟原始样本出发,通过构建一系列格栅样本、随机样本和顺序样本并进行比较研究,进一步阐述了经典格局分析的局限性和地统计学的优越性.

2 研究方法

2.1 数据来源及整理

1997年3月在湖南农业大学选取一丘晚稻田(品种:威

* 国家自然科学基金项目(30100122)和湖南农业大学博士后基金资助项目(200001).

** 通讯联系人.

2002-11-04收稿,2003-03-03接受.

优 64, 株行距:13 cm×20 cm), 逐窠剥查稻桩, 顺序记录二化螟幼虫数, 去除田边 3 行(列)数据, 建立原始二维数据矩阵 $A_{(49 \times 49)}$. 2000 年 12 月在湖南省农业科学院选取一丘中稻田(品种:湘中糯 1 号, 株行距:16.7 cm×20 cm), 同上建立原始二维数据矩阵 $B_{(50 \times 30)}$. 采用 3 组下标变量表征格栅样本, 第一组为格栅初始点位置, 第 2 组为格栅尺度, 第 3 组为格栅后样本行列数; 如 $A_{(1,2)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 表示以原始数据矩阵 $A_{(49 \times 49)}$ 的 $A_{(1,2)}$ 为初始点, 将原始样本 1 行 4 列数据顺序合并, 获得的 49 行 12 列新格栅样本. 不改变原始样本每样方虫数而对其空间位置作随机化处理, 获得 2 个随机样本 $RA_{(49 \times 49)}$ 和 $RB_{(50 \times 30)}$. 不改变原始样本每样方虫数, 取最大值排在矩阵中心(对 $A_{(49 \times 49)}$ 是第 25 行第 25 列, 对 $B_{(50 \times 30)}$ 是第 25 行第 15 列), 其他样点按虫口数量由大至小从左上围绕中心螺旋排列, 获得 2 个顺序样本 $SA_{(49 \times 49)}$ 和 $SB_{(50 \times 30)}$.

2.2 经典分析

由自编 VB 程序给出原始样本、随机样本和顺序样本的散点图. 以负二项分布为例, 由 DPS 数据处理系统给出各格栅样本拟合结果^[9].

2.3 地统计学分析

地统计学的基本原理与方法在许多文献中已有较详细描述^[1,4-8,10,15]. 在实际应用中, 我们发现球状模型 1): $r(h) = c_0 + c_1h + c_2h^2 + c_3h^3$ 比球状模型 2): $r(h) = c_0$

$+ (c - c_0)(\frac{3h}{2a} - \frac{1}{2}(\frac{h}{a})^3)$ 通常对半变异函数曲线有更好的拟合. 本文由自编 VB 程序给出各样本 $r(h)$, 采用 DPS 数据处理系统由麦夸脱法拟合给出球状模型 1) 的各参数, 其中 c_0 即块金值. 在给定参数条件下由自编 VB 程序给出 $r(h)$ 的局部最大值 c (基台值) 及其对应的 h (即变程 a). 全部自编程序采用文献^[9,14]例子检验通过.

3 结果与分析

3.1 经典格局分析的限制性

3.1.1 不能有效区分频次分布相同但分布型或聚集程度不同的样本 图 1 是原始样本、随机样本和顺序样本的散点图. 显然, 其聚集程度顺序样本最高, 原始样本次之, 随机样本最低. 以样地 A 为例, 由于以窠为单位原始样本 $A_{(49 \times 49)}$ 、随机样本 $RA_{(49 \times 49)}$ 和顺序样本 $SA_{(49 \times 49)}$ 具有完全相同的样本平均数 (0.1474 头·窠⁻¹)、样本方差 (0.1816) 和频次分布, 因此其频次分布拟合结果一致, 在 $P = 0.05$ 时不符合负二项分布 (表 1); 各分布型指数值 (聚集强度) 也相同, 如 m^*/\bar{x} 为 2.57, 属聚集分布 (其他指数值从略). 因此, 经典格局分析方法不能有效区分频次分布一致但分布型不同或聚集程度不同的样本.

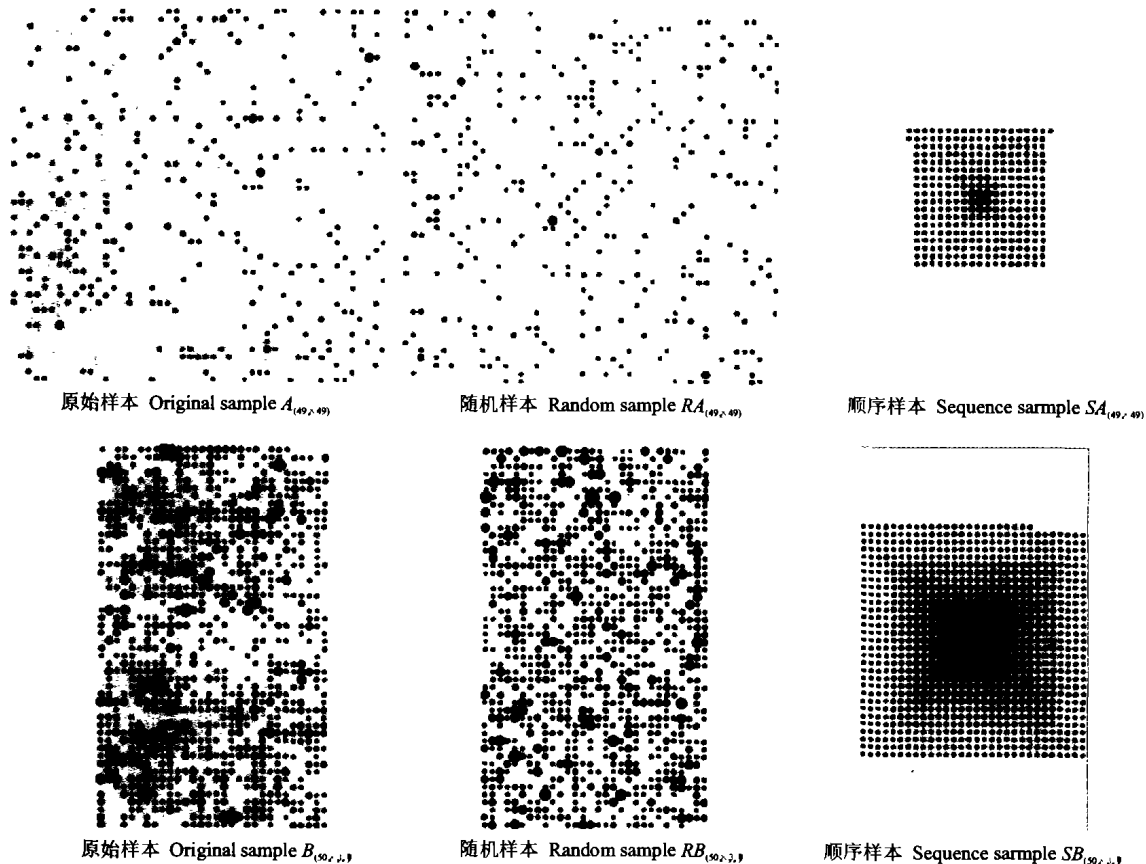


图 1 二化螟幼虫原始样本、随机样本和顺序样本的空间数量分布
Fig.1 Quantitative distributions of the larva of *Chilo suppressalis* in different samples.

3.1.2 受样方大小影响 格栅初始点相同且 $P = 0.05$ 时, $A_{(1,1)(1 \times 1)(49 \times 49)}$ 和 $A_{(1,1)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 不符合而 $A_{(1,1)(1 \times 3)(49 \times 16)}$ 符合负二项分布(表 1). 这意味着当不存在自然样方单位而采用长度或面积单位时(如条播和撒播作物), 不同研究者如采用的样方单位不一, 则结果不具可比性.

3.1.3 受格栅初始点位置影响 以 1×4 格栅为例, $P = 0.05$ 时 $A_{(1,1)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 和 $A_{(1,4)(1 \times 4)(49 \times 11)}$ 不符合而 $A_{(1,2)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 和 $A_{(1,3)(1 \times 4)(49 \times 11)}$ 符合负二项分布, 尽管 4 样本样方大小和样方形状(方向)

表 1 经典格局分析的局限性(拟合负二项分布)

Table 1 Limitations of spatial distribution analysis with classical method (Fit to negative binomial distribution)

样本 Samples	χ^2	$\chi_{0.05}^2$ ¹⁾	Fit or not	样本 Samples	χ^2	$\chi_{0.05}^2$ ¹⁾	Fit or not
$A_{(1,1)(1 \times 1)(49 \times 49)}$	11.3	3.8	Not	$A_{(1,1)(3 \times 1)(16 \times 49)}$	12.9	6.0	Not
$A_{(1,1)(1 \times 3)(49 \times 16)}$	5.3	6.0	Yes	$A_{(1,1)(4 \times 1)(12 \times 49)}$	2.2	3.8	Yes
$A_{(1,1)(1 \times 4)(49 \times 12)}$	7.3	6.0	Not	$A_{(1,1)(1 \times 1)(49 \times 48)}$	11.1	3.8	Not
$A_{(1,2)(1 \times 4)(49 \times 12)}$	5.9	6.0	Yes	$A_{(1,2)(1 \times 1)(49 \times 48)}$	11.9	3.8	Not
$A_{(1,3)(1 \times 4)(49 \times 11)}$	1.5	6.0	Yes	$A_{(1,3)(1 \times 1)(49 \times 44)}$	8.2	3.8	Not
$A_{(1,4)(1 \times 4)(49 \times 11)}$	7.9	6.0	Not	$A_{(1,4)(1 \times 1)(49 \times 44)}$	11.7	3.8	Not
$A_{(25,1)(1 \times 1)(25 \times 49)}$	0.9	3.8	Yes				

1) $v = n - 3$, n : Series of theoretical frequency distribution determined by DPS.

3.1.4 不能有效刻划空间异质性 $P = 0.05$ 时, $A_{(1,1)(1 \times 3)(49 \times 16)}$ 符合而 $A_{(1,1)(3 \times 1)(16 \times 49)}$ 不符合负二项分布, $A_{(1,1)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 不符合而 $A_{(1,1)(4 \times 1)(12 \times 49)}$ 符合负二项分布, 尽管同一组格栅样本的样方大小和格栅初始点均相同(表 1). 它表明二化螟种群空间分布是方向依赖的, 即受样方形状(方向)的影响而存在空间异质性^[12]. 但是, 经典格局分析缺乏进一步表征空间异质性的性质(几何异向或带状异向)和强度的有效方法.

3.1.5 可能同时符合数种理论分布型或同时不符合任何一种已知理论分布型 如 $P = 0.05$ 时, $A_{(1,1)(1 \times 5)(49 \times 9)}$ 同时符合负二项分布和核心分布, 而 $A_{(1,1)(1 \times 1)(49 \times 49)}$ 同时不符合负二项分布、核心分布和 Poisson 分布^[12].

3.1.6 受样本容量大小影响 由表 1 可知 $P = 0.05$ 时, $A_{(1,1)(1 \times 1)(49 \times 49)}$ 的样本容量为 2401, 不符合负二项分布; $A_{(25,1)(1 \times 1)(25 \times 49)}$ 的样本容量为 1225, 符合负二项分布.

3.2 地统计学分析

3.2.1 能有效区分频次分布相同但分布型或聚集程度不同的样本 原始样本、随机样本和顺序样本的全方向半变异函数如图 2. 样地 A 中原始样本与随机样本的半变异函数曲线基本呈水平直线, 其结构性和随机性占总变异的比趋近于 0 和 100%, 说明原始样本 $A_{(49 \times 49)}$ 和随机样本 $RA_{(49 \times 49)}$ 均属随机分布, 二者的散点图也相当近似(图 1); 顺序样本

完全一致. 由于 $A_{(1,1)(1 \times 1)(49 \times 48)}$ 、 $A_{(1,2)(1 \times 1)(49 \times 48)}$ 、 $A_{(1,3)(1 \times 1)(49 \times 44)}$ 和 $A_{(1,4)(1 \times 1)(49 \times 44)}$ 在 $P = 0.05$ 时均不符合负二项分布且 χ^2 值相当接近, 因此格栅导致的极少量数据丢失不是造成分布型拟合结果迥异的主要原因, 这种差异是由格栅初始点位置不同所导致的(表 1). 这意味着即使对同一样地(特别对草坪、条播和撒播作物), 尽管不同研究者采用完全相同的样本容量、样方大小和样方形状, 仅仅因格栅初始点位置的不同(在实际应用中这一点恰恰无法保持一致), 其结论就可能相去甚远.

$SA_{(49 \times 49)}$ 的结构性占总变异的比大于 94.95% 而随机性小于 5.05%, 属聚集分布, 其空间相关距离(变程)超过研究尺度范围(大于 314 cm)(表 2). 样地 B 中随机样本 $RB_{(50 \times 30)}$ 的全方向半变异函数曲线为稍向下斜直线, 表明其属随机分布; 顺序样本 $SB_{(50 \times 30)}$ 的结构性占总变异的比大于 99.34% 而随机性小于 0.66%, 属聚集分布, 聚集强度大于 0.9934, 变程超过研究尺度范围(大于 239 cm); 原始样本 $B_{(50 \times 30)}$ 的结构性占总变异的比为 10.56% 而随机性为 89.44%, 属聚集分布, 聚集强度为 0.1056, 变程为 193 cm, 聚集程度明显介于顺序样本和随机样本之间且靠近随机样本(图 1 和表 1). 这表明地统计学能有效识别频次分布相同但分布型不同或聚集程度不同的样本.

3.2.2 样方大小对分布型和变程的影响较小 对样地 B 以(1,1)为初始点, 以 1×2 和 1×3 尺度进行格栅并按行方向求半变异函数值后拟合球状模型 1). 结果格栅样本 $B_{(1,1)(1 \times 2)(50 \times 15)}$ 、 $B_{(1,1)(1 \times 3)(50 \times 10)}$ 和原始样本即 $B_{(1,1)(1 \times 1)(50 \times 30)}$ 均属聚集分布, 可见样方大小未对分布型判定产生明显影响. $B_{(1,1)(1 \times 1)(50 \times 30)}$ 、 $B_{(1,1)(1 \times 2)(50 \times 15)}$ 和 $B_{(1,1)(1 \times 3)(50 \times 10)}$ 的变程分别为 6.9、3.7 和 2.6 个步长, 随尺度增加按比例减小; 乘以株距(16.7cm)和格栅尺度进行转换后, 变程分别为 115、123 和 130 cm, 相当接近(表 2). 这表明在一定范围内, 变程不随样方的大小而变化或变化甚小.

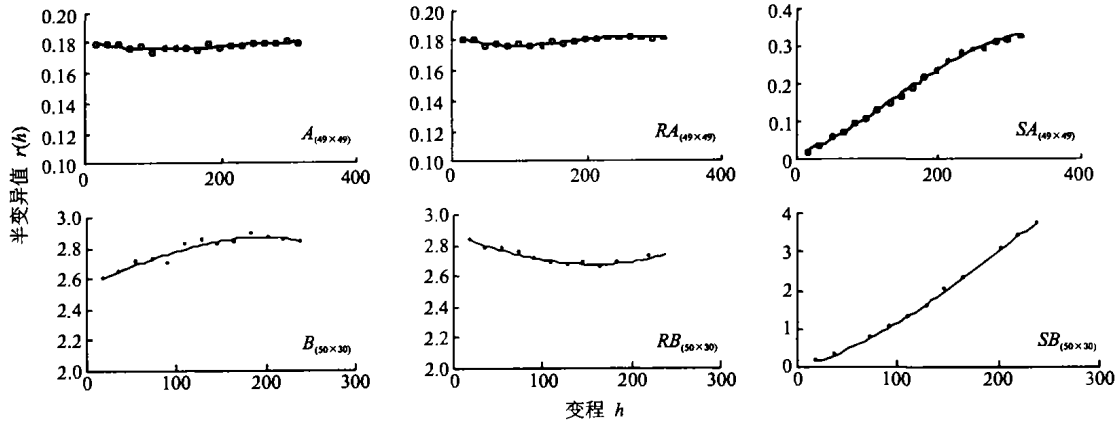


图 2 二化螟半变异函数图
Fig. 2 Semivariograms of *Chilo suppressalis*.

表 2 半变异函数值拟合球状模型 1) 的参数值和块金值 c_0 、基台值 c 与变程 a
Table 2 Parameters, nuggets, sills and ranges for different samples of *Chilo suppressalis*

样本及方向 Sample and direction	c_0	c_1	c_2	c_3	c	a (cm)	c_0/c	R^2	P
$SA_{(49 \times 49)} - O^{1)}$	0.0164	0.0005	$< 10^{-5}$	$< -10^{-7}$	> 0.3250	> 314	< 0.0505	0.9983	$< 10^{-7}$
$B_{(50 \times 30)} - O$	2.5618	0.0024	$< -10^{-6}$	$< -10^{-7}$	2.8644	193	0.8944	0.9305	$< 10^{-4}$
$SB_{(50 \times 30)} - O$	0.0243	0.0054	0.0001	$< -10^{-6}$	> 3.6894	> 239	< 0.0066	0.9997	$< 10^{-7}$
$B_{(50 \times 30)} - L^{2)}$	2.0388	0.2731	-0.0312	0.0011	2.7991	115	0.7284	0.7412	0.0015
$B_{(50 \times 30)} - R^{3)}$	2.5630	0.0018	0.0039	-0.0002	2.8063	264	0.9133	0.5175	0.0283
$B_{(1,1)(1 \times 2)(50 \times 15)} - L$	3.2420	2.2391	-0.4781	0.0316	6.5849	123	0.4923	0.8612	0.0840
$B_{(1,1)(1 \times 3)(50 \times 10)} - L$	3.2150	8.3821	-2.6384	0.2630	11.7962	130	0.2725	0.9984	0.0504
$A_{(1,1)(1 \times 4)(49 \times 12)} - L$	0.7154	-0.1001	0.0559	-0.0065	0.8051	239	0.8886	0.9066	0.1368
$A_{(1,2)(1 \times 4)(49 \times 12)} - L$	0.6135	-0.0084	0.0309	-0.0044	0.8005	234	0.7664	0.9890	0.0165

1)全方向 Omni-direction, 2)行方向 Line direction, 3)列方向 Row direction.

3.2.3 格栅初始点位置对半变异函数的影响较小
尽管原始样本 $A_{(49 \times 49)}$ 在全方向上各样点是空间独立的, 但以 1×4 尺度格栅时其行方向上存在一定的空间相关性。 $A_{(1,1)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 行方向上结构性占总变异的比例为 11.14%, 而随机性占 88.86%, 基台值为 0.8051 而变程为 239 cm; $A_{(1,2)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 行方向上结构性占总变异的比例为 23.36%, 而随机性占 76.64%, 基台值为 0.8005 而变程为 234 cm; 两者同属聚集分布且聚集强度、基台值和变程相当接近(表 2)。注意到在经典格局分析中 $P = 0.05$ 时 $A_{(1,1)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 不符合而 $A_{(1,2)(1 \times 4)(49 \times 12)}$ 符合负二项分布, 可以认为格栅初始点位置对半变异函数影响较小。

3.2.4 能有效刻划空间异质性 对全方向呈聚集分布的原始样本 $B_{(50 \times 30)}$, 进一步按行方向和列方向求半变异函数值并拟合球状模型 1)。结果行方向上结构性占总变异的的比例为 0.2716, 而随机性为 0.7284, 变程为 115 cm; 列方向上的结构性占总变异的的比例为 0.0867, 而随机性为 0.9133, 变程为 264 cm(表 2)。这表明二化螟空间分布是异质的, 行方向的空间连续性明显高于列方向, 两者基台值 c 相当接近(≈ 2.8)而聚集范围不同, 呈几何异向性。

可见, 通过对不同方向半变异函数的拟合, 基于聚集强度和变程两个参数, 地统计方法能判定空间异质性的有无、性质和强度大小。进一步还可用各向异性比 $k(h)$ 描述各向异性随尺度变化的情况^[3]: $k(h) = r(h, \theta_1)/r(h, \theta_2)$ 式中, $r(h, \theta_1)$ 和 $r(h, \theta_2)$ 分别为两个方向 θ_1 和 θ_2 上的半变异函数。

3.2.5 严格意义上不会出现同时符合数种理论分布型或同时不符合任何一种已知理论分布型的情形
一般情况下, 半变异函数呈球型或指数型说明所研究的种群属聚集分布; 非水平状线型的半变异函数表明种群是中等程度的聚集分布, 其空间依赖范围超过研究尺度; 水平线型且基台值接近于 0 的半变异函数表明种群属均匀分布; 如 $r(h)$ 随距离无一定规律性变化或呈水平线型, 且基台值明显大于 0, 则表明种群属随机分布^[1, 14]。

3.2.6 样本容量大小对半变异函数的影响较小 由图 2 可知, $A_{(49 \times 49)}$ 也就是 $A_{(1,1)(1 \times 1)(49 \times 49)}$ 的半变异函数基本呈一水平直线, 属随机分布, $r(h)$ 接近 0.18; $A_{(25,1)(1 \times 1)(25 \times 49)}$ 的半变异函数为 $r(h) = 0.1832 - 0.00006h$ ($R^2 = 0.7211$), 其斜率很小, 同样基本呈一水平直线且 $r(h)$ 接近 0.18, 也属随机分布。可见, 在地统计分析中样本容量大小对分布型

判定和半变异函数值影响较小。

4 讨论

地统计学半变异函数能有效刻划二化螟种群空间分布格局,表征其聚集强度.在低密度下(原始样本 $A_{(49 \times 49)}$),二化螟种群呈随机分布;在高密度下(原始样本 $B_{(50 \times 30)}$),二化螟种群呈聚集分布,聚集强度为 0.1056,聚集范围为 193 cm.注意到 $A_{(49 \times 49)}$ 是在越冬后而 $B_{(50 \times 30)}$ 是在越冬前调查的;一个较低密度样本,即使越冬前为聚集分布,经过越冬期间种群个体的随机死亡,在越冬后发展为随机分布也是完全可能的.在高密度下原始样本 $B_{(50 \times 30)}$ 的空间分布存在几何异向性,行方向上的聚集强度(0.2716)明显高于列方向(0.0867),但行方向上的聚集范围(115 cm)小于列方向(264 cm).因此,变程愈大并不表明空间连续性(聚集程度)愈强.这种变程和聚集程度不一致的现象可能与原始样本所处的环境有关: $B_{(50 \times 30)}$ 行方向为南北方向,田块两头为菜地或马路;列方向为东西方向,田块两头为双季晚稻田;行方向较强的连续性可能主要由幼虫扩散引起,因而变程较小,列方向较弱的连续性可能主要由成虫产卵选择导致,因而变程较大.

就低密度原始样本 $A_{(49 \times 49)}$ 而言,地统计学分析方法判定呈随机分布而经典格局分析方法判定属聚集分布,这是由观察尺度不同所导致的^[1]:经典方法考察的是抽样尺度(菟)以下二化螟幼虫的分布,即菟内分布是聚集分布;地统计学考察的是抽样尺度(菟)以上一个较宽的连续尺度范围内二化螟幼虫的分布,结果各样点之间(菟与菟之间)是空间独立的,呈随机分布.

关于半变异函数理论模型的选用,无基台时宜用幂函数模型;有基台且在原点附近是二次特征时宜用高斯模型;有基台且 $h > a$ 时方差图完全水平宜用球状模型;其他情形宜用指数模型.同时,经验表明拟合结果相近时简单模型比复杂模型要优,因此选用套合结构模型应慎重^[14].许多研究对半变异函数理论模型的拟合仅给出了决定系数 R^2 .本文的结果表明,有时由于 $h-r(h)$ 的数据对数较少,即使 R^2 很大,拟合结果也并不显著(表 2).因此,对模型的拟合给出 P 值是必要的.经验还表明,模型的选用和拟合并不是绝对的,如水平线型半变异函数应属随机分布,但拟合直线时因斜率极小, R^2 往往很小;改用球状模型拟合, R^2 往往显著提高,此时 c_0 非常接近 c ,随机性超过 95% 接近 100%,故仍可判

定属随机分布或属聚集强度极弱的聚集分布;今后,指一个种群属聚集分布时须附聚集强度值才有实际意义.

参考文献

- 1 Bi S-D(毕守东), Zhou Y-D(邹运鼎), Geng J-G(耿继光). 2000. Geostatistical analysis on spatial patterns of *Aphis gossypii* and *Propylaca japonica*. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 11(3): 421~424(in Chinese)
- 2 Ding Y-Q(丁岩钦). 1994. Entomological Mathematics Ecology. Beijing: Science Press. 22~100(in Chinese)
- 3 Li H-B(李哈尔滨), Wang Z-Q(王政权), Wang Q-C(王庆成). 1998. Theory and methodology of spatial heterogeneity quantification. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 9(6): 651~657(in Chinese)
- 4 Li Y-C(李友常), Xia N-B(夏乃斌) and Tu Q-H(屠泉洪). 1997. A geostatistical analysis on spatial patterns of *Anoplophora glabripennis* in poplars. *Acta Ecol Sin* (生态学报), 17(4): 393~401(in Chinese)
- 5 Liebhold AM, Simons EE, Sior A, et al. 1993. Geostatistics and geographic information systems in applied insect ecology. *Ann Rev Ent*, 38: 303~327
- 6 Lu Y-Y(陆永跃), Liang G-W(梁广文). 2002. The spatial pattern of the cotton bollworm eggs with geostatistics. *Huazhong Agric Univ* (华中农业大学学报), 21(1): 13~17(in Chinese)
- 7 Shi G-S(石根生), Li D-M(李典漠). 1997. Geostatistics analysis of spatial pattern of *Dendrolimus punctatus*. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 8(6): 612~616(in Chinese)
- 8 Shi G-S(石根生), Li D-M(李典漠). 1997. Spatial distribution of mason-pine caterpillar pupae and its parasitic natural enemy guilds for the overwintering generation in the different pine forests. *Acta Ecol Sin* (生态学报), 17(4): 386~392(in Chinese)
- 9 Tang Q-Y(唐启义), Feng M-G(冯明光). 1997. Practical Statistics and DPS Data Processing System. Beijing: China Agricultural Press. 39~254(in Chinese)
- 10 Wang Z-J(王正军), Chen J-A(程家安), Shi Z(史舟). 2000. Spatial distribution pattern and dynamics of egg masses of the 1st generation of *Chilo suppressalis* in the 1st rice cropseason in Zhejiang Province. *Zhejiang Univ(Agric Life Sci)* (浙江大学学报·农业与生命科学版), 26(5): 465~473(in Chinese)
- 11 Yuan Z-M(袁哲明), Zhao H-Y(赵红艳), Yang J(杨军). 2002. Key words analysis of entomological literature in China from 1990 to 2000. *Ent Knowl* (昆虫知识), 39(2): 157~160(in Chinese)
- 12 Yuan Z-M(袁哲明), He Z-Y(贺智勇). 2002. Population spatial distribution pattern of *Chilo suppressalis* and its simulated sampling in different scales and directions. *Hunan Agric Univ(Natural Sciences)* (湖南农业大学学报·自然科学版), 27(2): 102~106(in Chinese)
- 13 Zhang J-D(张金屯). 1995. Method of Quantitative Vegetation Ecology. Beijing: Science and Technology Press. 256~294(in Chinese)
- 14 Zhou G-F(周国法), Xu R-M(徐汝梅). 1998. Biogeostatistics. Beijing: Science Press. 1~110(in Chinese)
- 15 Zhou Q(周强), Zhang Y-J(张润杰), Gu D-X(古德祥). 1998. Review of geostatistics applied in insect population spatial structure. *Zool Res* (动物学研究), 19(6): 482~488(in Chinese)

作者简介 袁哲明,男,1971年生,博士,副教授,现从事昆虫生态学和昆虫病毒分子生物学研究,发表论文多篇. E-mail: zhmyuan@sina.com