

古生物物种分异度计算和绘图的计算机化^{*}

朱弟成 林 丽 朱利东
(成都理工学院 成都 610059)

提要 从 Basic 程序出发, 方便、快捷、准确地绘制出了物种分异度图, 并与其它应用软件资源共享, 绘制出的图件显得整洁、美观, 充分显示了计算机技术的优越性。

关键词 分异度 计算机化 Basic 程序

0 前言

随着计算机技术日新月异的发展和一些应用软件的开发、流行, 计算机技术已深入到各行各业, 成为广大用户的得力臂助, 在生产和科研中发挥着举足轻重的作用。地质科学也同样如此, 矿产储量计算的计算机化、油藏储层的数值模拟、地理信息系统的开发等, 已使广大地质科研人员感受到了计算机技术在地质科学中的强大魅力。相对而言, 古生物学科中的计算机技术, 开发、应用方面都显得比较薄弱, 一方面, 是因为该学科本身所涉及的内容难于计算机化; 另一方面, 即使开发了部分应用软件, 也由于种种原因得不到推广和普及。一个典型的例子, 就是有关物种分异度的问题, 许多古生物工作者还停留在依靠计算器和手工绘图的基础上才能完成。不但费时费力, 而且准确度不够, 图件不美观, 远远跟不上时代发展的要求。因此, 本文力求从一个 Basic 程序出发, 与当前其它流行软件相结合, 完成物种分异度计算和图形绘制的自动化过程, 以求抛砖引玉, 促进古生物学与计算机技术的交叉结合, 推动古生物学向前发展。

1 方法介绍

1.1 分异度计算方法

在古生物学和古生态学中, 要研究古生物物种在某一地区纵、横向上的分布和变化情况, 进而探讨沉积岩相古地理的演变趋势时, 常常考虑物种分异度在纵、横向上的变化趋势, 绘制分异度图。物种分异度的计算方法很多, 现代生态学家和古生态学家所用方法不完全一致, 综合起来, 主要有以下几种:

1) 香农-威纳指数法 (Shannon-Wiener index (H))

$$H = - \sum_{i=1}^s P_i \ln P_i$$

其中: H ——物种分异度指数

s ——物种数

P_i ——群落生物种 i 个体所占比例, 即 N_i/N , 其中 N_i 为物种 i 的个体数, N 为群落中的所有物种的个体总数。

2) 辛普森指数法 (Simpson index (D))

$$D = 1 - \sum_{i=1}^s P_i \times P_i$$

其中: D ——物种分异度指数, 其它符号含义同上。

3) 简单算法 (A·M·Zigler (Z))

$$Z = \frac{N-1}{\log n}$$

收稿日期: 1998-07-10

^{*} 地矿部青年地质学家基金项目 (No. Qn979820) 资助课题。

其中: Z ——物种指数
 N ——物种总数
 n ——群落的个体总数

1.2 程序框图

在实际研究中,常常系统磨制某一地区地层剖面的生物薄片,将每一薄片看成一生物群落,通过鉴定薄片中的物种类型及个体数量来讨论该群落物种分异度的大小和变化情况。在此基础上,本文编制了 Basic 程序,框图见插图 1。

2 应用举例

2.1 准备工作

假定在某剖面采集了 3 个生物薄片(表 I),在运行程序之前,应做好如下准备:

- 1) 建立每个薄片的数据文件名(P1.dat、P2.dat、P3.dat),属种名称连写,不空格
- 2) 建立采样位置数据文件名(location.dat)
- 3) 建立空目录 D:\QBASIC\ P0
- 4) 用编辑软件如(EDIT)建立空文件 APPEND、RESULT、PERCENTAGE

2.2 程序运行

在上述工作之后,进入 Basic 运行环境,直接调入源程序,运行并选择 Shannon-Wiener 指数,依次回答屏幕提问,就可以绘制出待测剖面的物种分异图。

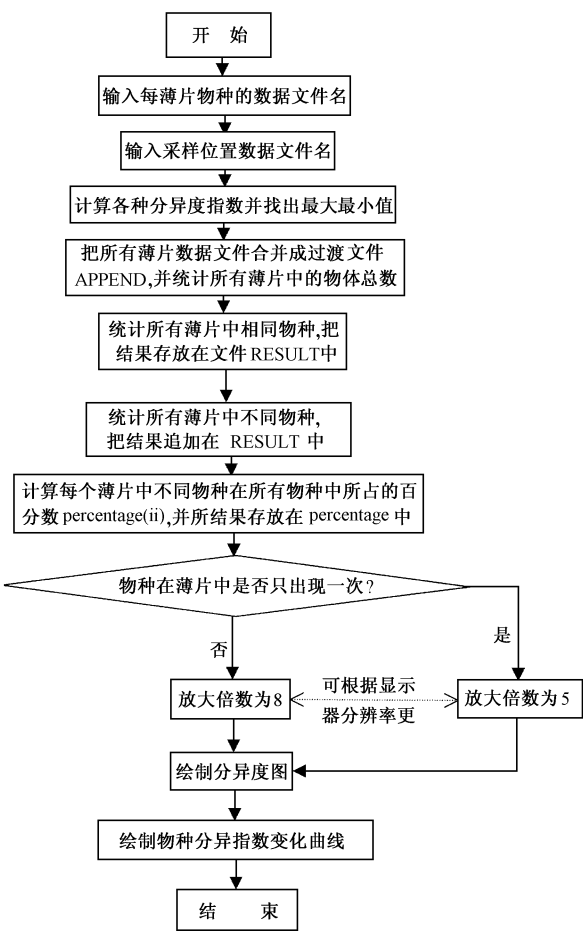


插图 1 Basic 程序框图
Frame picture of Basic program

表 I 某剖面物种鉴定表
Determinative table of species in section

薄片编号	P01	P02	P03
薄片数据文件	P1.dat	P2.dat	P3.dat
薄片位置	5 m	17.4 m	28.5 m
物种名称及个体数量	Globivalvulina, 6	Palaeotextularia, 23	Padangia, 10
	Neoendothyra, 5	Cribrogenerina, 15	Genitizina, 6
	Deckerella, 2	Pachybloia, 6	Palaeotextularia, 24
	Nodosaria, 9	Climacammina, 7	Cribrogenerina, 10
	Deckerellina, 1	Deckerella, 7	Nodosaria, 1
	Climacammina, 4	Padangia, 2	Eolasiodiscus, 1
	Frondicularia, 1	Globivalvulina, 3	Pachybloia, 5
	Geinitzina, 6	Frondicularia, 1	Deckerella, 6
	Nodosaria, 6	Geinitzina, 1	
	Eolasiodiscus, 4	Neoendothyra, 1	
	Padangia, 8		

表Ⅱ 不同物种名称(文件 RESULT 中)

编号	物种名称及个体数量	编号	物种名称及个体数量
1	<i>Globivalvulina</i> , 9	9	<i>Padangia</i> , 20
2	<i>Neoendothyra</i> , 6	10	<i>Palaeotextularia</i> , 47
3	<i>Deckerella</i> , 15	11	<i>Cribrogenerina</i> , 25
4	<i>Nodosaria</i> , 16	12	<i>Deckerellina</i> , 1
5	<i>Climacammina</i> , 11	13	<i>Pachybloia</i> , 6
6	<i>Fronicularia</i> , 2	14	<i>Genitizina</i> , 6
7	<i>Geinitzina</i> , 7	15	<i>Pachypbloia</i> , 5
8	<i>Eolasiodiscus</i> , 5		

2.3 与其它应用软件资源共享

用键盘抓图按钮 PrintScreen 或专业抓图软件 PCS 将程序运行结果存放在粘贴板上或一文件名中。然后打开 Win 系统中的画图工具或启动 Photoshop 或启动 CorelDraw 等应用软件,从粘贴板上粘贴或打开图形文件,就可以像编辑照片一样,为所欲为地编辑、修饰分异度图,达到美化图件的目的,最后结果可制成幻灯片或通过打印机打印出来。

插图 2 为某剖面经 CorelDraw 应用软件处理后的物种分异度图。由图可以直观、清晰地看出:某剖面由下到上,物种分异度指数(Shannon-Wiener 指

数)由大变小,显示该区早期沉积环境中的生物种数及各物种的相对丰富度要高于后期沉积环境中的生物种数及各物种的相对丰富度,说明早期环境中基本上分不出优势种和稀有种,各物种和谐共存并具有多样性;随着环境条件的改变,适应环境的物种突显出来成为优势种,不适应环境的物种减少或者被淘汰,成为稀有种,从而导致物种分异度降低。

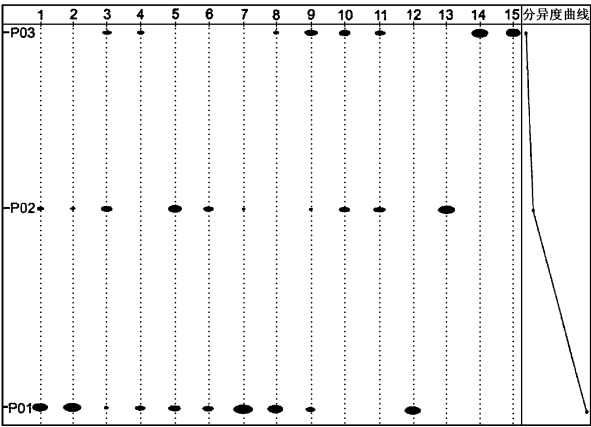


插图 2 某剖面物种分异度图(已压缩,编号同表 I)

The figure of species diversity in a section
感谢滕彦国博士给予的帮助。

COMPUTERIZATION OF DRAWING SPECIES
DIVERSITY IN PALEOBIOLOGY

ZHU Di-Cheng, LIN Li and ZHU Li-Dong
(Chengdu University of Technology, Chengdu 610059)

Key word: diversity, computerization, Basic program

Abstract

This paper provides an easy method to draw the

figures of precisely species diversity as viewed from a Basic program, the figures could be prettified by connecting with other softwares.