成都生物所等在生物多样性调查模型研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/5224.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

成都生物所等在生物多样性调查模型研究中获进展。野外生态调查费时费力，一次甚至若干次的野外调查几乎不可能彻底把研究地区里面所有的角落进行无间隙覆盖。而且很多时候，能进行野外调查的样点常常需要考虑研究物种的生境偏好与周围环境条件的限制。

样线调查法可能是比较经济的生物多样性调查手段，经常用在植物、两栖爬行动物、鸟类兽类等几乎所有高等生物类群的调查当中。但是样线设计如上所述需要考虑环境的限制性和物种的生境特异性，往往实际的调查取样过程呈现非随机性，这在生态调查中是希望能尽量避免的。如何评估样线调查的非随机性，并利用带时间先后顺序的样线调查结果来评估群落水平上的物种共存式样，目前还没有解决方案。

中国科学院成都生物研究所研究员陈有华联合研究员江建平、台湾中兴大学教授沈宗荏、美国著名生态学家Richard Condit和Stephen P. Hubbell(群落生物多样性中性理论的奠基人)，首次提出利用一种马尔科夫转移矩阵模型来刻画带有时间先后次序的样线调查生态数据，该模型的参数可以用在走样线的过程中先后遇到同样一个物种的个体的概率(称之为同种个体相遇指数)进行很好地估计。同时，该同种个体相遇指数可以非常好地评估区域水平上群落水平多物种的共存分布式样。该指数计算简单，甚至可以直接手算，不需要用到计算机，其相关统计属性亦被较彻底地研究。利用该指数分析巴拿马热带森林大样地数据、西南山地和越南两栖动物调查数据，结果显示，热带森林中的物种共存并没有呈现想象中的高聚集程度(与团队在Ecology的先期工作相吻合)。而与之相反，两栖动物在空间上呈现高聚集的分布式样。

该研究成果以Inferring multi-species distributional aggregation level from limited line transect-derived biodiversity data 为题，在国际期刊Methods in Ecology and Evolution 正式刊出。研究得到中科院B类战略性先导科技专项(XDB31000000)、国家重点研发计划(2017YFC0505202)与中科院百人计划项目的联合支持，博士研究生黄文忠与石胜超参与了部分研究工作。

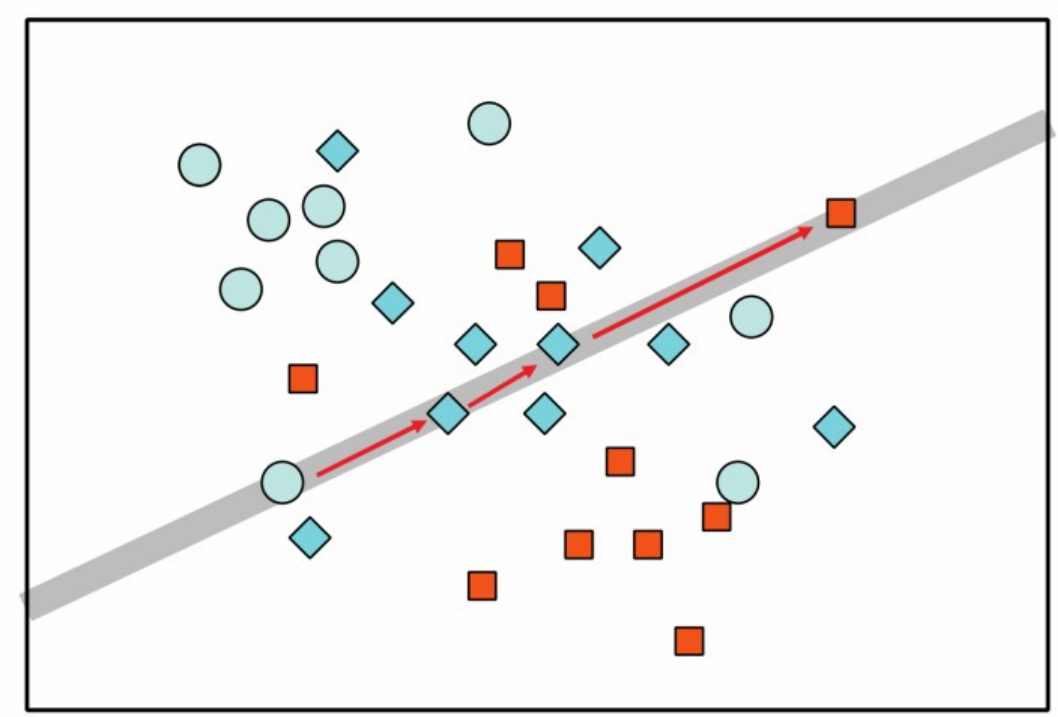




图2：2018年夏季在贡嘎山进行两栖动物样线调查时所拍摄到的其中一个物种的个体：棕点湍蛙(Amolops loloensis)(石胜超拍摄)

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发