

文章编号:1004-7824(1999)04-0053-08

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, 四川 成都 610059)

摘要:本文采用 BASIC 程序,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:古生物物种;分异度;BASIC 程序

中图分类号:Q91-3 **文献标识码:**A

1 前言

计算机技术在矿产储量计算、油藏储层的数值模拟、地理信息系统等方面的应用与开发上已取得很大的进展。相对而言,古生物学科中的计算机技术,无论在开发还是在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,也由于种种原因而得不到推广和普及。有关物种分异度的问题就是一个典型的例子,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 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,并给出源程序,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。

2 方法介绍

2.1 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,常要考虑物种分异度在纵、横向上的变化趋势,绘制分异度图。而物种分异度的计算方法,现代生态学家和古生态学家却不完全一致,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) 简单计算法 (A. M. Zigler (Z))

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

其中: Z — 物种指数, N — 物种总数, n — 群落的个体总数。

1.2 程序说明

在实际研究中, 常要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, 本文编制了下面的程序 (附件 1), 说明如下:

38 ~ 80 行 依次输入每个薄片物种的数据文件名, 统计每个薄片物种的个体总数 $\text{sum}(i)$ 和物种数 $\text{number}(i)$, 并显示结果。

85 行 输入薄片采样位置数据文件名 location.dat (依次输入每个薄片在剖面中的累计厚度)。

120 ~ 128 行 计算辛普森指数。

129 ~ 139 行 计算香农-威纳指数。

140 ~ 150 行 计算简单指数。

170 ~ 190 行 找出指数中的最大、最小值。

200 ~ 240 行 把所有薄片的数据文件合并成过渡文件 APPEND , 并统计所有薄片中的物种总数 numbertotal 。

305 ~ 400 行 统计所有薄片中的相同物种, 将结果存放在 RESULT1 文件中。

410 ~ 470 行 统计所有薄片中的不同物种, 将结果追加在 RESULT 中。ALSPECIES 为所有薄片中的不同物种总数。

540 ~ 660 行 计算每个薄片不同物种在所有物种中所占的百分数 $\text{percentage}(ii)$, 并把结果存放在文件 percentage 中。

690 ~ 740 行 输入采样位置数据文件名。

810 ~ 855 行 把不同物种在不同薄片中所占的百分数赋给数组 pp 。

1370 行 判断物种在不同薄片中出现情况, 若只出现一次, 则放大倍数为 5, 否则为 8 (可以根据物种多少和显示器分辨率更改)。

1450 行 绘制分异度变化折线图。

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 1),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。

表 1 某剖面物种鉴定表

Table 1 The identification of the biospecies from a given section

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

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>Globivalvulina</i> , 47
3	<i>Deckerella</i> , 15	11	<i>Climacammina</i> , 25
4	<i>Nodosaria</i> , 16	12	<i>Deckerella</i> , 1
5	<i>Climacammina</i> , 11	13	<i>Pachybloia</i> , 6
6	<i>Fromdicularia</i> , 2	14	<i>Geinitzina</i> , 6
7	<i>Geinitzina</i> , 7	15	<i>Pachybloia</i> , 5
8	<i>Eolasiiodiscus</i> , 5		

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,运行并依此回答屏幕提问,便可绘制出待测剖面的物种分异图。

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打开 Photoshop 等应用软件,从粘贴板上粘贴或打开图形文件,就可以象编辑照片一样,随心所欲地编辑、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(图 1)。

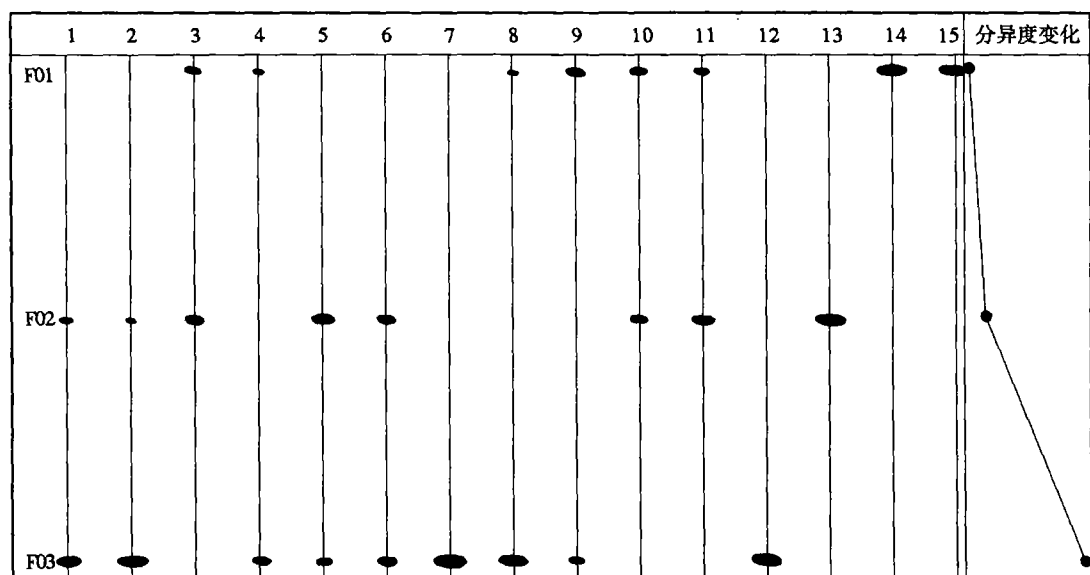


图 1 某剖面物种分异度图(已压缩)

Fig.1 Diagram showing the species diversity in a given section

Computerization of the computation and drawing of the species diversity

ZHU Di-cheng, LIN Li, ZHU Li-dong

(Chengdu University of Technology, Chengdu 610059, China)

Abstract: The present paper provides a rapid, convenient and precise technique to draw the species diversity diagrams as viewed from a BASIC program, which may prettify the diagrams by connecting with other softwares. The findings suggest that the computer technology is noticeably superior to other methods in the application and development of palaeontology.

Key words: species; diversity; BASIC program

附件 1 计算、绘制物种分异度的 BASIC 程序

```

5 REM Species Diversity Program
10 CLS:INPUT "The specimen numbers = ";NNN
20 DIM species$(NNN,100),quantity(NNN,100),name$(NNN)
25 DIM identify(NNN),pp(NNN,300),hh(NNN),yy(NNN)
30 DIM respecies$(1500),requantity(1500),number(NNN),total$(1500)
35 DIM quantitytotal(1500),percentage(1500),sum(NNN),h(NNN),sumsum(NNN),loca(NNN)
38 REM 40--123 input the orinal data
40 FOR i = TO NNN:n = 1:PRINT"The";i;:INPUT"data file name"; name$(i)
45 OPEN name$(i) FOR INPUT AS #1
48 IF EOF(1) THEN CLOSE #1:GOTO 70
50 INPUT #1,species$(i,n),quantity(i,n)
55 sum(i) = sum(i) + quantity(i,n)
60 n = n + 1
65 GOTO 48
70 number(i) = n - 1
75 PRINT TAB(10);"The species number of"; name$(i); "="; number(i)
80 CLOSE:NEXT i
85 INPUT "Location of specimen data file name(from Bottom to Top)"; location$
90 CLS:PRINT:PRINT:PRINT TAB(10);"H---Shannon-Wiener index"; TAB(40); "D---Simpson index"
95 PRINT: PRINT TAB(10);"Z---Zigler index"; TAB(40); "Q---Quit"
110 PRINT: PRINT TAB(20); INPUT "Choose the index types(H/D/Z/Q)";index$
112 IF index$ = "H" OR index$ = "h" THEN 129
114 IF index$ = "D" OR index$ = "d" THEN 120
117 IF index$ = "Z" OR index$ = "z" THEN 140
118 GOTO 2000
120 REM 121---127 count the Simpson index(D)
121 FOR i = 1 TO NNN: FOR j = 1 TO number(i)
122 pp(i,j) = quantity(i,j)/sum(i)
124 sumsum(i) = sumsum(i) + pp(i,j) * pp(i,j)
125 NEXT j
126 h(i) = 1 - sumsum(i): hh(i) = 1 - sumsum(i):PRINT "Simpson index(D) of";name$(i); "="; h(i)
127 NEXT i
128 GOTO 155
129 REM 131---138 count the Shannon-Wier index(H)
131 FOR i = 1 TO NNN
132 FOR j = 1 TO number(i)
133 pp(i,j) = quantity(i,j)/sum(i)
135 sumsum(i) = sumsum(i) + pp(i,j) * LOG(pp(i,j))
136 NEXT j
137 h(i) = - sumsum(i): hh(i) = - sumsum(i): PRINT "Shannon-Wier index(H) of"; name$(i); "="; h(i)
138 NEXT i
139 GOTO 155

```

```

140 REM 145---150 count Zigler index(Z)
145 FOR i = 1 TO NNN
147 h(i) = (number(i) - 1)/LOG(sum(i)): hh(i) = h(i)
149 PRINT "Zigler index(Z) of"; name$(i); "="; h(i)
150 NEXT i
155 PRINT TAB(20); "Press any key to continue..."
160 a$ = INKEY$: IF a$ = "" THEN 160
165 ERASE Sum, sumsum
170 FOR i = 1 TO NNN - 1: FOR j = i + 1 TO NNN
175 IF hh(i) <= hh(j) THEN GOTO 185
180 t = hh(i): hh(i) = hh(j): hh(j) = t
185 NEXT j, i
190 hmax = hh(NNN): hmin = hh(1)
200 REM 200-----240 output alspecies in file APPEND
210 numbertotal = 0: KILL "d: \ qbasic \ p0 \ append"
215 FOR i = 1 TO NNN
218 OPEN "APPEND" FOR APPEND AS #1
220 FOR j = 1 TO number(i)
225 identify(i) = i
228 WRITE #1, species$(i,j), quantity(i,j), identify(i)
230 NEXT j
235 numbertotal = numbertotal + number(i)
238 CLOSE
240 NEXT i
243 DIM compare$(numbertotal), comp(numbertotal), identified(numbertotal)
245 ERASE species, quantity
248 REM 250 ----- > 300 input alspecies
250 OPEN "APPEND" FOR INPUT AS #1
260 FOR k = 1 TO numbertotal
270 INPUT #1, total$(k), quantitytotal(k), identified(k)
280 PRINT TAB(5); total$(k); TAB(50); quantitytotal(k); TAB(60); identified(k)
290 NEXT k
300 CLOSE
302 PRINT TAB(20); "Press any key to continue..."
304 a$ = INKEY$: IF a$ = "" THEN 304
305 REM 310-----450 count the same species
310 KILL "d: \ qbasic \ p0 \ result"
320 OPEN "Result" FOR APPEND AS #1
330 NN = 0
340 FOR i = 1 TO numbertotal - 1
350 FOR j = i + 1 TO numbertotal
360 IF total$(i) = total$(j) AND total$(i) < > "" THEN total$(j) = "": quantitytotal(i) = quantitytotal(i) +
    quantitytotal(j): w$ = total$(i)

```

```

370 NEXT j
380 IF w$ < > "" THEN WRITE # 1, w$, quantitytotal(i); PRINT TAB(3); w$; TAB(50), quantitytotal(i);
    w$ = ""; total$(i) = ""; NN = NN + 1
390 NEXT i
400 CLOSE
410 kk = 0
420 OPEN "Result" FOR APPEND AS # 1
430 FOR i = 1 TO numbtotal
440 IF total$(i) < > "" THEN WRITE # 1, total$(i), quantitytotal(i); PRINT TAB(0); "KK = "; kk; TAB
    (7); total$(i); TAB(55); quantitytotal(i); kk = kk + 1
450 NEXT i
455 ERASE total$, quantitytotal
460 ALSPECIES = NN + kk
470 CLOSE
480 OPEN "Result" FOR INPUT AS # 1
490 i = 1
500 IF EOF(1) THEN CLOSE; GOTO 540
510 INPUT # 1, respecies$(i), requantity(i)
520 PRINT TAB(0); "i = "; i; TAB(15); respecies$(i); TAB(50); requantity(i)
530 i = i + 1; GOTO 500
533 PRINT TAB(20); "Press any key to continue..."
535 a$ = INKEY$; IF a$ = "" THEN 535
540 KILL "d: \qbasic \ p0 \ percentage"
550 OPEN "APPEND" FOR INPUT AS # 1
560 OPEN "percentage" FOR OUTPUT AS # 2
570 PRINT TAB(0); "SpeciesName"; TAB(37); "SpecQuan"; TAB(48); "TotSpec"; TAB(60); "%"; TAB
    (70); "SpecNo."
580 PRINT TAB(0); STRING$(77, "-")
590 FOR ii = 1 TO numbtotal
600 INPUT # 1, compare$(ii), comp(ii), identified(ii)
610 percentage(ii) = 0
620 FOR j = 1 TO ALSPECIES
630 IF compare$(ii) = respecies$(j) THEN percentage(ii) = comp(ii)/requantity(j); PRINT TAB(0); ii; TAB
    (7); compare$(ii); TAB(42); comp(ii); TAB(49); requantity(j); PRINT USING "#.###"; TAB
    (59); percentage(ii); PRINT USING "###"; TAB(72); identified(ii); WRITE # 2, compare$(ii),
    percentage(ii), identified(ii); GOTO 650
640 NEXT j
650 NEXT ii
660 CLOSE
665 PRINT TAB(20); "The total speices are"; ALSPECIES
670 PRINT TAB(20); "Press any key to continue..."
680 a$ = INKEY$; IF a$ = "" THEN 680
690 LL = 1

```

```

700 OPEN location $ FOR INPUT AS # 1
705 FOR LL= 1 TO NNN
720 INPUT # 1, loca(LL)
730 NEXT LL
740 CLOSE
802 FOR i= 1 TO NNN: FOR j= 1 TO ALSPECIES: pp(i,j) = 0: NEXT j,i
810 FOR i= 1 TO ALSPECIES
815 OPEN "percentage" FOR INPUT AS # 1
821 FOR j= 1 TO numbertotal
822 INPUT # 1, compare $ (j), percentage(j), identified(j)
830 IF compare $ (j) = species $ (i) THEN pp(identified(j),i) = percentage(j)
840 NEXT j
845 CLOSE
855 NEXT i
1280 SCREEN (11)
1290 LINE(2,10)-(638, 10): Xunit = 550/ALSPECIES
1300 LINE(2,30)-(638, 30)
1302 Ydd = 400/(loca(NNN) - loca(1))
1310 FOR i= 1 TO ALSPECIES: LINE(5 + Xunit * i, 10) - (5 + Xunit * i, 13)
1320 FOR j= 1 TO 430 STEP 1: PSET(5 + Xunit * i, 30 + j): NEXT j: NEXT i
1330 FOR i= NNN TO 1 STEP - 1
1333 yy(i) = 440 - Ydd * (loca(i) - loca(1))
1340 LINE(2, 10)-(2, yy(i))
1345 LINE(2, yy(i))-(5, yy(i))
1350 FOR j= 1 TO ALSPECIES
1360 IF pp(i, j) = 0 THEN 1400
1370 IF pp(i, j) < > 1 AND pp(i,j) < > 0 THEN Magnify = 10 ELSE Magnify = 8
1380 CIRCLE(5 + Xunit * j, yy(i)), pp(i,j) * Magnify, , , 1/2
1390 PAINT (5 + Xunit * j, yy(i)), 11, 14
1400 NEXT j,i
1410 dd = ((635 - 2) - (15 + Xunit * ALSPECIES + 2))/(hmax - hmin)
1420 FOR i= NNNT0 1 STEP - 1
1430 xx = 7 + dd * (h(i) - hmin) + 10 + Xunit * ALSPECIES
1450 CIRCLE(xx, yy(i)), 2, , , 1/1: PSET(xx, yy(i)): hh(i) = xx: IF i = NNN THEN: GOTO 1460 ELSE:
    LINE(hh(i), yy(i)) - (hh(i + 1), yy(i + 1))
1460 NEXT i
1465 yy(NNN) = yy(1)
1470 LINE(2, yy(NNN))-(2, 20 + yy(NNN))
1480 LINE(2, 20 + yy(NNN))-(638, 20 + yy(NNN))
1490 LINE(12 + xUNIT * ALSPECIES, 10)-(12 + Xunit * ALSPECIES, 20 + yy(NNN))
1500 LINE(638, 10)-(638, 20 + yy(NNN))
2000 END

```