泛函连接网络计算软件及其在生物多样性研究中的应用

张文军 齐艳红

(中山大学生物防治国家重点实验室, 生命科学院, 计算机科学系, 广州 510275)

Schoenly K G

(Department of Biological Sciences, California State University, Stanislaus, CA 95382, USA)

摘要: 针对农田生物多样性分析的需要, 研制出泛函连接网络(FLANN)计算软件。该软件由 7 个 Java 类和 1 个 HTML 文件组成, 是一种 Internet 在线计算工具, 可运行于多种操作系统和 Web 浏览器上, 并在各种类型的 PC 及工作站上使用, 可读取多种类型的数据库文件。对水稻田昆虫生物多样性的两组取样调查数据 Zmar18 和 Zapr15, 用生物多样性工具软件 LUMP 和非监督分类 - 离差平方和聚类法进行统计归纳及分类, 分别划分为 21 个和 20 个功能群, 各包含 60 个样本。以 FLANN 计算软件对昆虫生物多样性进行了模式分类分析。结果表明, 泛函连接网络的模式分类及预测与实际调查结果吻合良好。泛函连接网络 Internet 在线计算软件的应用可促进生物多样性数据采集和分析的规范化, 有利于数据和信息共享, 也为形成高度的生物多样性智能分析系统提供了一种工具。

关键词: 泛函连接网络, 计算软件, Internet, 农田生物多样性

中图分类号: Q-332

文献标识码: A

文章编号: 1005-0094(2002)03-0345-06

Functional Link Artificial Neural Networks and agri-biodiversity analysis

ZHANG Wen-Jun, QI Yan-Hong

Research Institute of Entomology and State Key Laboratory for Biological Control, School of Sciences, Department of Computer Sciences, Zhongshan University, Guangzhou 510275, China

Schoenly K G

Department of Biological Sciences, California State University, Stanislaus, CA 95382, USA

Abstract: A computational software using Functional Link Artificial Neural Network (FLANN) was developed. This software includes seven Java classes and one HTML file. It is an Internet online computational software which can be run on various operational systems and web browsers, and can read various databases. Two data sets of rice insect biodiversity were lumped and clustered employing the biodiversity software LUMP and hierarchical clustering, which resulted in two sets of training samples each with 60 samples and, 21 and 20 functional groups, respectively. Ten samples to be predicted were prepared for each set of data. FLANN was used to make pattern classifications. The simulated and predicted results with FLANN software gave good fitness to the investigated results. The development of FLANN software also provides a new tool for the development of Internet intelligent analytical system for biodiversity studies.

Key words: Functional Link Artificial Neural Network, software, Internet, agri-biodiversity

与自然生境中的生物多样性研究相比, 农田害虫可持续管理的生物多样性研究较晚(Andow,

1991 Zhang & Schoenly, 1999a)。生物多样性研究包括生态学、分类学、数学及电子计算机应用等诸方面的内容,其中涉及到大量的计算方法及算法软件。而许多经典方法,例如与分布有关的统计学算法以及线性算法等,由于其赖以成立的前提条件苛刻,往往不能直接应用于生物多样性研究,这就需要研究新的算法及软件(Manly, 1997)。在自然生境的生物多样性研究中已发展出一些新的算法,如群落比较算法(Zhang & Schoenly, 2001)、物种丰度算法(Colwell & Coddington, 1994)等等。针对农田害虫生物多样性研究,也研制了一些计算软件,并在泰国、越南、菲律宾、中国、印度、美国等国家的有关研究和推广机构应用(Zhang & Schoenly, 1999a, 1999b, 1999c)。在这些国家,已用数种 Windows 和 Internet 计算软件如 LUMP、LINK、COLLECT1、COLLECT2、BOUNDARY、SPPRANK 等,以统一的数据格式对农田昆虫生物多样性进行了大量的研究分析(Mew *et al.*, 2001; Schoenly & Zhang, 1999a, 1999b)。实践表明,开发 Internet 在线计算软件将会进一步扩大计算软件在农田生物多样性研究中的应用,促进生物多样性数据采集和分析的规范化,也有利于数据和信息共享,是今后发展的重要方向。

泛函连接网络于 1992 年问世以来(Pao, 1992),已在数值计算和工程技术方面得到推广应用(Guarneri, 1999; Lee, 1998; Patra, 1999)。农田昆虫生物多样性涉及许多物种,有复杂的食物网、物质流和能流关系,具有明显的非线性性质,适合用泛函连接网络(Functional Link Artificial Neural Network, FLANN)进行分析。本研究旨在研究泛函连接网络的计算软件,以泛函连接网络解决农田昆虫生物多样性的一些问题,探讨泛函连接网络进一步应用的途径和方法,并为研究高度的生物多样性智能分析系统提供一种工具。

1 泛函连接网络及其可计算性

设 $\{\phi_i(x)\}_{i=1}^N$ 为一组基函数,满足:

- (1) 各 ϕ_i 线性独立,
- (2) $\sup_j [\sum_{i=1}^j \|\phi_i\|^2]^{1/2} < \infty$ 。

在本研究中,基函数选为满足所述条件的下列正交函数之一:Legendre 多项式, Chebyshov 多项式, Laguerre 多项式, Hermite 多项式, 及三角函数族(李

庆杨等, 1986)。则泛函连接网络的第 j 个输出结点的实际输出是:

$$y_j = \rho(s_j), s_j = \sum_{i=1}^N \omega_{ji} \phi_i(x)$$

其中 $x = [x_1, x_2, \dots, x_n]^T$ 是输入向量, $y = [y_1, y_2, \dots, y_m]^T$ 是实际输出向量, $\omega_j = [\omega_{j1}, \omega_{j2}, \dots, \omega_{jN}]^T$ 为结点 j 的权向量, $j = 1, 2, \dots, m, N$ 为基函数的个数。输入向量的范数依赋范空间 R^n 中通常的范数定义(刘炳初, 2000)。在本研究中,非线性函数 $\rho(\cdot)$ 取为下列形式之一:

$$\rho(S) = a + bS, \rho(S) = a e^{-bS}, \rho(S) = a + b/S, \rho(S) = a + b \ln(S), \rho(S) = a S^b, \rho(S) = 1/(a + b e^{-S}), \rho(S) = a e^{b/S}, \rho(S) = \tanh(S) = (1 - e^{-2S})/(1 + e^{-2S})$$

其中 a, b 为常数。

设有 K 个训练样本 $\{x_k, y_k\}, k = 1, 2, \dots, K$, 加入第 k 个样本时,例如,对 $\rho(S) = \tanh(S)$, 就有 $y_k = \tanh(s_k), s_k = \ln[(1 + y_k)/(1 - y_k)]/2$; 对 $\rho(S) = a + bS$, 有 $y_k = a + bs_k, s_k = (y_k - a)/b$ 。网络的矩阵形式为 $\Phi W^T = S$, 其中 $\Phi = [\phi(x_1), \phi(x_2), \dots, \phi(x_K)]^T$ 是 $K \times N$ 阵, $S = [s_1, s_2, \dots, s_K]^T$ 是 $K \times m$ 阵, $W = [\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_m]^T$ 是 $m \times N$ 阵, 由该方程可求得权值矩阵 W 。

根据初始权值矩阵 W , 可用 BP 算法迭代求解, 即

$$W(k+1) = W(k) + \eta \alpha(k) \phi(x_k)$$

其中 $\alpha(k) = [\delta_1(k), \delta_2(k), \dots, \delta_m(k)]^T$, 而

$$\delta_j(k) = \rho'(S_j) e_j(k)$$

这里 $\rho'(S)$ 为 $\rho(S)$ 的导函数。如对 $\rho(S) = \tanh(S)$, 有 $\rho'(S) = 1 - \rho^2(S)$; 对 $\rho(S) = a + bS$, 有 $\rho'(S) = b$ 。

对神经网络算法, 已知关于任何复杂的连续函数(可具有可数个不连续点), 总存在一个网络非线性映射, 可任意逼近所给函数(阎平凡, 张长水, 2000)。另外, 根据学习理论关键定理(边肇祺, 张学工, 2000), 在一定条件下, 该逼近可通过向样本学习实现。从而, 分析前述算法及过程, 泛函连接网络可通过学习样本逼近所给连续函数, 其计算机实现是可行的。对模式分类映射, 此结论说明: 当且仅当 $x \in C_j$ 时 $f(x) = j$, 其中 $f: A^n \rightarrow \{1, 2, \dots, k\}$, A^n 为 R^n 中的紧致集合, $C_1, C_2, \dots, C_k$ 将 A^n 划分为互不相交的子集, 即 $A^n = \cup C_j$, 且 $i \neq j$ 时 $C_i \cap C_j = \emptyset$ 。

2 计算软件

2.1 软件组成与功能

泛函连接网络的计算软件以 Java Development Kit 1.1.8 开发,为一个 Internet Web 在线工具。由 7 个类和一个 HTML 文件组成:

(1) FLANN 类。该类为计算类,调用其他各类完成有关任务。该 Applet 被载入浏览器后,显示输入和选择界面,其内容包括:输入向量和输出向量的维数、基函数个数、训练样本数、迭代步长、迭代允许误差、最大迭代次数、基函数类型(5 种,见前述算法)、非线性函数类型(8 种,见前述算法)、初始权值来源(见前述算法,由文件给出或由算法计算)及原始数据文件、预测与否。运行后即显示计算结果,包括权值矩阵、训练样本的输出计算值、预测样本的输出计算值(若选择预测时)。

(2) ParaInput 类。该类用以输入参数等。若选择有参数的非线性函数,则由 FLANN 类调用,弹出另一窗口,输入参数;也由 FLANN 类调用弹出窗口,输入数据库名、训练样本的表名、初始权值的表名(若选择由文件给出时);或由 FLANN 类调用弹出窗口(选择预测时),输入预测样本数、预测样本的表名。

(3) ReadDatabase 类。在该类中建立与 JDBC-ODBC 数据库的连接,并读取数据提供 FLANN 类使用。

(4) ResultShow 类。该类用以显示输出和保存结果。由 FLANN 类调用后,弹出一窗口,显示计算进度、计算耗用时间、计算结果。通过按键,弹出另一窗口保存结果。

(5) DataShow 类。该类由 FLANN 类调用,在 ResultShow 类窗口上显示部分矩阵或向量数据。

(6) Hint 类。该类由 FLANN 类调用时弹出一个窗口,显示文件、输入参数及参考文献等相关说明。

(7) WarningShow 类。程序运行或保存结果出现错误时由 FLANN 类或 ResultShow 类调用该类,弹出一个窗口,显示出错信息。

(8) FLANN.html 文件。该文件将 FLANN 类载入 Web 浏览器,并可传入窗口大小及组件大小参数。

在初始权值表中,其行、列数分别为输出向量的

维数和基函数的个数;在预测样本表内,其行、列数分别为预测样本数和输入向量的维数;训练样本表中,其行数为训练样本的个数,列数为输入向量和输出向量的维数之和,每行内第一部分为输入向量各维的值,第二部分为输出向量各维的值。

远程服务器上的软件被载入浏览器并运行,若遗漏了输入参数值,则在 ResultShow 类窗口上显示遗漏参数提示信息。

2.2 软件特征

该软件(http://www.browso.com/sites/reference/mathsoft/pattern_recognition)具有下列特征:

(1) 储存于 Internet 服务器,运行于各种 Web 浏览器上,如 Hotjava、IE 等。用户无须在本机安装和保存该软件,需要时在本机浏览器上载入运行,关闭浏览器后软件自动消失。

(2) 独立于平台,可运行于多种操作系统,可在各种类型的 PC 及工作站上使用,界面外观变化不大。

(3) 不存在版本、升级和发行问题,可即时更新。

(4) 稳定性和安全性好,不易导致系统崩溃,不易被病毒感染入侵。

(5) 可读取多种类型的数据库文件,如 Access, Excel dBASE, FoxPro, SQL, Paradox, Oracle 以及文本文件等等。

3 生物多样性数据

于 1996 年 3 月 18 日(Zmar18)、4 月 15 日(Zapr15)分两次在 IRRI 水稻田取样调查昆虫生物多样性。用取虫器 RiceVac 等收集稻田取样点内的昆虫,取样点间距为 2 m,取 60 个样点。带回室内鉴定计数各样点的昆虫种类(成、幼虫分别记载)和数量。详尽的取样调查方法见如下文献(Schoenly *et al.*, 1998; Schoenly & Zhang, 1999a; Zhang & Schoenly, 1999a, 1999b, 1999c; Savary *et al.*, 1996)。

4 数据处理分析

根据 Tilman *et al.* (1997)研究,森林生态系统的功能往往不单由低层的物种决定,更取决于高层的功能类群或形态类群。另外,也有人统计了近百个各种类型的农田节肢动物群落,发现以低层物种为基础的生物多样性与作物产量增加的相关关系只

达到 60% ~ 70% 左右(Andow ,1991)。研究表明 ,与以低层物种为基础的生物多样性相比 ,建立在高层功能类群基础上的生物多样性可能会更准确地反映农田生态系统的发展态势和可持续的生产力状况。

因此 ,利用生物多样性工具软件 LUMP(Schoenly & Zhang ,1999a)对以物种为基础的前述 2 个取样集进行统计归纳。经统计归纳并选用功能群的结果 ,则 Zmar18(60 个样本)有 21 个功能群 ,Zapr15 (60 个样本)有 20 个功能群。结果概括于表 1 内。用随机化检验方法(Zhang & Schoenly ,2001) ,以差异系数为距离测度 ,Monte Carlo 模拟 10 000 次 ,显示 Zmar18 和 Zapr15 的功能群物种组成无显著差异 ;但是 ,其功能群丰富度在 99% 和 95% 的置信度下均存在显著差异。故将 2 个取样集分别进行分析。

首先 ,用离差平方和聚类法([http ∷www. ent. iastate. edu/ list/ software. html](http://www.ent.iastate.edu/list/software.html) ,Ecological Tools)对取样集功能群的 LUMP 结果进行非监督分类 ,功能群

不加权 ,数据不标准化。通过对样本数据的具体考量 ,以 Zmar18、Zapr15 分别取 distance = 18321. 1033 ,distance = 18538. 5112 时分类结果较为理想。在这种情况下 ,60 个样本分为两类。样本若属第一类则输出(1 维)为 1 ,属第二类则输出为 2。其中 ,经分析发现 ,对 Zmar18、Zapr15 ,第二类样本主要功能群的平均丰富度明显大于第一类样本 ,结合每类样本在田间成聚块状分布的实际调查结果 ,不排除第二类样本所处生境条件较第一类样本为优的可能性。例如 ,在 Zapr15 中 ,作为最主要功能群的外部植食类 ,第二类样本平均每样本有 88 头 ,而第一类样本每样本只有 32 头。这就是样本分为两类的生物学依据和意义。

这样 ,60 个样本(21 或 20 维输入向量)连同其一维输出组成一个训练样本集。另取 10 个样本 ,作为预测样本集。

其次 ,建立一个 MS Access 数据库 ,内建训练样本表和预测样本表(格式见前述)。建立与 ODBC

表 1 稻田昆虫生物多样性 2 个取样集的功能群 LUMP 统计结果(部分)
Table 1 Lumping results for functional groups of two sampling sets of insect biodiversity in rice field (partly)

功能类群 Functional groups	Zmar18		Zapr15	
	物种丰度 Richness	丰富度 Abundance	物种丰度 Richness	丰富度 Abundance
外部植食类 External plant feeder	24	1620	23	3088
陆生吸血类 Terrestrial blood sucker	1	303	1	26
水中浮游类 Planktonic swimmer	6	69	4	75
陆生蝇类 Terrestrial flyer	6	92	6	168
营搜寻和产卵的飞行成虫类 Flying adult that is searching , ovipositing , or larvipositing	12	110	25	359
陆生织网类 Terrestrial web-builder	9	149	8	146
除作为猎物外其他功能未知的游走类 Tourist (nonpredatory species with unknown functional role other than as prey in ecosystem)	3	701	4	156
陆生爬行、跳跃或猎者类 Terrestrial crawler , walker , jumper or hunter	18	406	20	1656
食花粉类 Pollen feeder	5	36	2	4
悬浮残物滤食类 Collector (filterer , suspension feeder)	3	588	5	91
粗粒残物取食类 Shredder , chewer of coarse particulate matter	9	1577	9	314
半水生水面爬行类 Neustonic (water surface) swimmer (semi-aquatic)	4	2562	6	1509
Acarine 目外寄生类 Idiobiont (acarine ectoparasitoid)	1	2	1	4
植食、捕食且腐食类 Herbivore , predator , and detritivore	1	135	1	41
沉积残物取食类 Collector (gather , deposit feeder)	7	46	8	139
植食多食性类 Mixed herbivores	2	338	3	280
蛀叶类 Leaf miner	1	23	1	11
卷叶织网类 Leaf roller/webber	1	5	1	1
捕食且寄生类 Predator and parasitoid	1	5	1	12
形成虫瘿类 Gall former	1	2		
捕食多食性类 Mixed predators	1	2		
植食且腐食类 Herbivore and predator	1	2		

表 2 稻田昆虫生物多样性泛函连接网络的模式分类结果
Table 2 Pattern classification of insect biodiversity in rice field using FLANN

Zmar18	实际 Observed	1	1	1	1	2	1	1	1	1	2	1	2
	拟合 Fitted	1.05	1.57	0.99	1.01	1.21	0.99	1.01	1.01	0.99	1.61	1.00	1.51
	实际 Observed	2	2	2	2	2	2	2	2	1	2	1	1
	拟合 Fitted	1.61	1.68	2.24	1.85	1.61	1.63	1.41	1.99	0.99	1.53	1.16	0.99
	实际 Observed	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1
	拟合 Fitted	0.99	1.25	1.01	1.01	1.04	1.12	1.63	1.59	1.18	0.99	1.62	1.00
	实际 Observed	1	1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1
	拟合 Fitted	1.00	1.00	1.01	1.60	1.01	0.99	1.01	0.99	1.61	0.99	1.01	0.99
	实际 Observed	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	拟合 Fitted	1.24	1.01	1.02	0.99	1.00	1.01	1.01	1.00	0.99	1.51	1.37	1.61
Zapr15	实际 Observed	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	拟合 Fitted	1.02	0.99	1.00	0.99	0.99	1.01	1.01	0.99	1.00	0.98	1.02	1.00
	实际 Observed	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	2	2
	拟合 Fitted	1.00	0.99	1.01	1.01	0.98	0.97	0.96	1.01	2.06	1.00	2.04	1.79
	实际 Observed	2	2	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2
	拟合 Fitted	2.10	2.03	0.98	0.99	1.31	2.07	2.04	1.93	1.99	2.02	1.94	1.99
	实际 Observed	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1
	拟合 Fitted	1.93	2.08	2.02	2.05	0.97	1.00	1.02	0.99	0.99	1.01	0.99	0.99
	实际 Observed	1	2	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2
	拟合 Fitted	1.01	2.06	1.18	0.96	0.97	1.01	1.02	1.71	0.97	1.94	1.95	1.93

表 3 稻田昆虫生物多样性泛函连接网络的模式分类预测结果
Table 3 Pattern predictive classification of insect biodiversity in rice field using FLANN

Zmar18	实际 Observed	1	1	2	1	2	2	2	2	2	2
	预测 Predicted	1.02	0.99	1.51	0.99	1.33	1.63	1.99	2.38	1.96	1.60
Zapr15	实际 Observed	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2
	预测 Predicted	1.35	0.99	0.97	0.99	1.28	2.05	0.98	2.06	2.02	1.98

(Open Database Connectivity)的连接。然后 ,在浏览器上运行 FLANN。对 Zmar18 和 Zapr15 ,选非线性函数为 $\rho(S) = a + bS$ (取 $a = 0$, $b = 0.1$) ,基函数为 Legendre 多项式 ,取 10 个基函数 ,迭代步长为 0.1 ,迭代允许误差 0.000001 ,最大迭代次数 10 000 次 ,计算机产生初始权值。其计算得到的各权值依次为 Zmar18: 14.21 ,5.06 , - 2.59 , - 6.09 , - 3.15 , - 1.39 ,0.35 ,4.35 ,6.11 ,3.03 ;Zapr15: 15.42 ,7.27 , - 1.23 , - 4.20 ,1.35 ,2.77 , - 1.51 , - 2.28 ,1.06 ,1.59。应用于同类问题时 ,该权值可作为初始权值使用。拟合和预测结果见表 2 和表 3。借助随机化检验方法(Zhang *et al.* ,2001) ,以差异系数为距离测度 ,Monte Carlo 模拟 10000 次 ,显示 Zmar18 和 Zapr15 的拟合和预测结果均无显著差异 ,与实际吻合良好。

5 讨论

在生物多样性的定量研究中 ,过去曾集中于经

典统计学方法的应用。然而 ,由于生物多样性规律的复杂性和非线性特征 ,以经典统计学方法解决问题往往会失之偏颇。以随机化方法研究生物多样性的定量分析工具是目前较广泛采用的一种途径 (Colwell & Coddington ,1994 ;Manly ,1997 ;Schoenly & Zhang , 1999a , 1999b ;Zhang & Schoenly ,1999a , 1999b ,1999c ,2001)。这种方法主要以 Monte Carlo 模拟为基础 ,分析生物多样性各方面的统计显著性及置信区间(Cornelius & Reynolds ,1991 ;Zhang & Schoenly ,1999c)等。在生物多样性的模拟学习与预测等方面 ,仍然缺少定量分析工具。而泛函连接网络正可用于解决以高度复杂性、非线性及数据结构庞大等为特征的生物多样性问题。例如 ,生物多样性模式分类问题 ,以该阶段的各类群特征(数量、物种丰度等)预测下一阶段的各类群特征等等。在生物多样性定量分析方面 ,目前的计算软件多为 PC 软件 ,如 LUMP、LINK、SPPRANK (Schoenly & Zhang ,1999b ;Zhang *et al.* ,1999)等 ,这类软件与目

前使用的很多软件一样,可在个人计算机上运行。与本研究软件相比,不具有如前所述的优点,发展潜力较小。另外,基于规则式的常规智能系统需要很多规则,随着知识的积累,规则的存储规模将会不断增大,计算速度也随之迅速下降。而泛函连接网络是并行和分布式算法,具有通过学习获取知识并解决问题的能力,且知识分布和存储于连接权中,并非常规计算机那样按地址存储于特定的存储单元内。从而可以解决 Von Neuman 式计算机及算法难以解决的问题。Internet 计算软件的研制,为学习经验-权值的共享,进而形成高度的智能系统提供了基础。关于 Internet 智能方法的计算机实现,作者正在研究中。

参考文献

边肇祺,张学工, 2000. 模式识别(第二版). 北京: 清华大学出版社, 1 ~ 337

李庆杨,王能超,易大义, 1986. 数值分析. 武汉: 华中理工大学出版社, 1 ~ 425

刘炳初, 2000. 泛函分析. 北京: 科学出版社, 1 ~ 220

阎平凡, 张长水, 2000. 人工神经网络与模拟进化计算. 北京: 清华大学出版社, 56 ~ 57

Andow D A, 1991. Vegetational diversity and arthropod population response. *Annual Review of Entomology*, **36**: 561 ~ 586

Colwell R K, 1996. Biota: the biodiversity database manager. Sinauer Associates, Sunderland, Mass. USA

Colwell R K and J A Coddington, 1994. Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. *Philosophy Transaction Royal Society London B*, **345**: 101 ~ 108

Cornelius J M and J F Reynolds, 1991. On determining the statistical significance of discontinuities within ordered ecological data. *Ecology*, **72**: 2057 ~ 2070

Guarnieri S, 1999. Multilayer feedforward network with adaptive spline activation function. *IEEE Transaction NN*, **10**: 672 ~ 683

Lee T T, 1998. The Chebyshev-polynomial based unified model neural networks for function approximation. *IEEE Transaction SMC-28*, 925 ~ 935

Manly B F J, 1997. Randomization, Bootstrap and Monte Carlo Methods in Biology (2nd edition). Chapman & Hall, London, UK

Mew T W, E Borromeo and B Hardy, 2001. Exploiting Biodi-

versity for Sustainable Pest Management. International Rice Research Institute, 1 ~ 241

Patra J C, 1999. Identification of nonlinear dynamic systems using FLANN. *IEEE Transaction SMC-PART B*, **29**: 254 ~ 262

Pao Y H, 1992. Neural-net computing and intelligent control systems. *International Journal of Control*, **56**: 263 ~ 289

Savary S, A E Francisco and P S Teng. 1996. A survey portfolio for the characterization of rice pest constraints. *IRRI Discussion Paper Series* No. 18. International Rice Research Institute, Manila, Philippines

Schoenly K G, J D Jr. Justo, A T Barrion, M K Harris and D G Bottrell. 1998. Analysis of invertebrate biodiversity in a Philippine farmer's irrigated rice field. *Environmental Entomology*, **27**: 1125 ~ 1136

Schoenly K G and W J Zhang. 1999a. IRRI Biodiversity Software Series. I. LUMP, LINK, AND JOIN: utility programs for biodiversity research. *IRRI Technical Bulletin* No. 1. International Rice Research Institute. Manila, Philippines

Schoenly K G and W J Zhang. 1999b. IRRI Biodiversity Software Series. V. RARE, SPPDISS, and SPPRANK: programs for detecting between-sample difference in community structure. *IRRI Technical Bulletin* No. 5. International Rice Research Institute. Manila, Philippines

Tilman D, J Knops and D Wedin, 1997. The influence of functional diversity and composition on ecosystem processes. *Science*, **277**: 1300 ~ 1302

Zhang W J and K G Schoenly, 1999a. IRRI Biodiversity Software Series. II. COLLECT1 and COLLECT2: programs for calculating statistics of collectors' curves. *IRRI Technical Bulletin* No. 2. International Rice Research Institute. Manila, Philippines

Zhang W J and K G Schoenly, 1999b. IRRI Biodiversity Software Series. III BOUNDARY: a program for detecting boundaries in ecological landscapes. *IRRI Technical Bulletin* No. 3. International Rice Research Institute. Manila, Philippines

Zhang W J and K G Schoenly, 1999c. IRRI Biodiversity Software Series. IV. EXTSPPI and EXTSPPI2: programs for comparing and performance-testing eight extrapolation-based estimators of total taxonomic richness. *IRRI Technical Bulletin* No. 4. International Rice Research Institute. Manila, Philippines

Zhang W J and K G Schoenly, 2001. A randomization test and software to compare ecological communities. *International Rice Research Notes*, **26**(2): 48 ~ 49

(责任审稿人 :钟扬 ,责任编辑 :闫文杰)