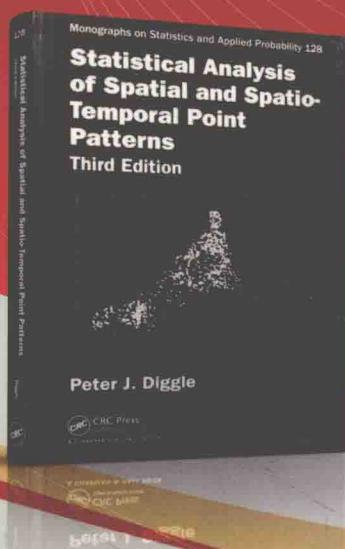


国外实用统计丛书

空间统计学

(翻译版·原书第3版)

Statistical Analysis of
Spatial and Spatio - Temporal Point Patterns



[美]彼得·J.迪格尔 (Peter J. Diggle) 著
吴良 译

CRC Press
Taylor & Francis Group



机械工业出版社
CHINA MACHINE PRESS

国外实用统计丛书

空间统计学

(翻译版 · 原书第3版)

Statistical Analysis of
Spatial and Spatio - Temporal Point Patterns

[美] 彼得 J. 迪格尔 (Peter J. Diggle) 著

吴良 译

Statistical Analysis of Spatial and Spatio - Temporal Point Patterns, Third Edition/by Peter J. Diggle/ISBN: 9781466560239

Copyright © 2014 by Taylor & Francis Group, LLC

CRC Press is an imprint of Taylor & Francis Group, an Informa business

Authorized translation from English language edition published by CRC Press, part of Taylor & Francis Group LLC; All rights reserved.

本书原版由 Taylor & Francis 出版集团旗下，CRC 出版公司出版，并经其授权翻译出版，版权所有，侵权必究。

China Machine Press is authorized to publish and distribute exclusively the Chinese (Simplified Characters) language edition. This edition is authorized for sale throughout Mainland of China. No part of the publication may be reproduced or distributed by any means, or stored in a database or retrieval system, without the prior written permission of the publisher.

本书中文简体翻译版授权机械工业出版社在中国境内（不包括香港、澳门特别行政区及台湾地区）出版与发行。未经出版者书面许可，不得以任何方式复制或发行本书的任何部分。

Copies of this book sold without a Taylor & Francis sticker on the cover are unauthorized and illegal.

本书封面贴有 Taylor & Francis 公司防伪标签，无标签者不得销售。

北京市版权局著作权合同登记 图字：01-2016-6518号。

图书在版编目(CIP)数据

空间统计学：翻译版：原书第3版／(美)彼得.J.迪格尔(Peter.J.Diggle)著；吴良译. —北京：机械工业出版社，2017.8

(国外实用统计丛书)

书名原文：Statistical Analysis of Spatial and Spatio - Temporal Point Patterns, Third Edition

ISBN 978-7-111-57134-6

I. ①空… II. ①彼… ②吴… III. ①空间 - 统计学 IV. ①C8

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2017)第 164581 号

机械工业出版社(北京市百万庄大街 22 号 邮政编码 100037)

策划编辑：汤嘉 责任编辑：汤嘉 姜风

责任校对：樊钟英 封面设计：张静

责任印制：李飞

北京机工印刷厂印刷

2017 年 9 月第 1 版第 1 次印刷

169mm×239mm·13.5 印张·1 插页·276 千字

标准书号：ISBN 978-7-111-57134-6

定价：49.00 元

凡购本书，如有缺页、倒页、脱页，由本社发行部调换

电话服务

网络服务

服务咨询热线：010-88379833

机工官网：www.cmpbook.com

读者购书热线：010-88379649

机工官博：weibo.com/cmp1952

教育服务网：www.cmpedu.com

封面无防伪标均为盗版

金书网：www.golden-book.com

本书介绍了分析空间点过程数据的模型和统计方法，在理论论述严谨的同时，尽量避免过多技术细节的讨论。书中引用了大量实际例子，让读者对统计方法的应用有更加直观的感觉，相关数据以及 R 程序可以从作者的网页上获取。全书共有 13 章，内容包括：引言、预检验、稀疏采样模式方法、空间点过程、非参数法、模型、运用概括性描述进行模型拟合、用似然方法进行模型拟合、空间流行病学中的点过程方法、时空点过程、探索性分析、经验模型和方法、机械模型和方法。

本书可作为统计学专业的本科高年级学生以及研究生用书，也可作为统计学专业相关的科研人员的参考书。

译者的话

在数字化时代，随着数据量的快速增长，大数据的分析和应用变得越来越重要。时空大数据是大数据的一个重要分支，时空数据是指具有时间和/或空间维度的数据，现实生活中有很高比例（大约 80% 以上）的数据与时空信息有关。在时空数据中，有一类特殊的整数值数据（表现为在一个时间和/或空间区间里的事件数量。这类数据大量存在于医院门诊病人数、流行病爆发数据、一个地区的专利数据、交通事故等数据中。

在统计学中，针对空间点过程的研究始于 20 世纪 60 年代，经过几十年的发展，已经逐渐形成了成熟的方法和体系。本书是著名统计学家 Peter J. Diggle 在空间点模式统计方法和应用方面的一本专著，本版为第 3 版，除保留了第 2 版的所有内容以外，还增加了大量新的内容，特别是增加了同时具有时间 - 空间属性的点过程的内容。

本书保持理论论述的严谨性，并避免过多的技术细节内容，文中没有过度使用数学公式，而是用更多的描述性文字对相关核心概念进行解释。另外，书中引用了大量实例，能让读者对统计方法的应用有更直观的感受，书中所用数据和 R 程序可以从作者的个人网页上获取。译者在自己的学术研究中，使用了书中的一些方法和技巧，受益匪浅。同时我很高兴能把本书翻译成中文，介绍给中国的读者们。

本书是一个严谨的统计学著作，我在翻译过程中力图保持原著严谨、清晰的逻辑，但需要说明的是，由于水平所限，译稿难免有疏漏之处，某些术语甚至部分文字的表达或有偏颇之处，敬请读者予以指正。

在翻译此书的过程中，得到了我的学生邸亚男、罗洪、郭雨姗、张诗雨、李泽宇等的帮助，他们翻译了部分章节的初稿，并对书中的公式编辑做了大量的工作，在此为他们的辛勤劳动表示感谢。本书的出版得到了机械工业出版社多位编辑的大力帮助，他们为本书的出版付出了大量心血，在此一并致谢。

吴良
2016 年 10 月于川大

前　　言

空间点模式是一个在特定区域内，可能由某种统计机制所产生的不规则分布的位置集合。在大多数应用，特定区域基本上是一个平面（二维欧几里得空间），当然应用到一维空间也是可以的。随着三维扫描显微镜的出现，在三维空间的应用也越来越普遍。第1版《空间统计学》成书于1983年。作者意在介绍这个领域的的主要方法和在生物科学，特别是生态学方面的应用。

在2003年出版的第2版中，一方面在方法上进行了扩充，另一方面综合了这些年来的研究进展，同时也保持了该书应用性的特点。很多新内容涉及的数学都趋于复杂，我对这部分新内容所采用的方法是讨论了其中的核心想法，而没有太涉及里面的技术细节，具体细节读者可以参考原始文献。我力图避免更宽泛地讨论空间统计学。Cressie（1991）指出空间统计学的三个分支为：地理统计（空间连续过程）、网格过程（空间离散过程）和空间点过程。这三个过程在某种程度上虽然有所交叉，但它们有各自不同的随机模型和相应的统计方法，因此可以分开来研究。

在空间点过程的范畴里，过去30年里可能最重要的理论进展是在模型中出现了正式的以似然函数为基础的推断方法。这些方法取代了在20世纪80年代中比较流行的非正式方法。然而有些非正式方法还是有用的，并在不同的方面得到了发展，比如，非参数平滑方法就被应用于空间点过程。随着新应用的出现，也进一步促进了统计方法的发展。我在自己的研究中和在这本书中大量采用的两个应用领域分别是显微解剖学和流行病学。

在显微解剖学中，空间点模式中的点通常是在显微组织切片中的细胞位置。讨论对细胞结构的影响用哪种模型更适合以及细胞结构又与细胞间的相互作用有什么关系。从统计学上来说，更本质的是，大多数显微解剖学研究使用重复抽样设计，数据从多个实验者中获取或者从同一个实验者中的多个组织切片中获取，这与传统的空间统计学强调非重复模式有明显的差别。

在流行病学中，空间点模式中的点通常是一个地区内的疾病病例（一般是住宅位置），通常还会附带一个在同一个区域内易感人群的控制样本。在这个领域应用统计方法的挑战在于，在异质环境中，应用病例-控制范式来构建可信的人群分布的参数模型。

本书第1版成书的时候，很少有书讨论那时刚刚兴起的空间统计专题，专门讨论关于空间点模式的书更是没有。现在情况已经不一样了，Møller和Waagepetersen（2004）和Ilian等（2008），专门讨论空间点过程和相应的统计方法，Van Lieshout（2000）讨论马尔可夫点过程及其统计分析。第一本一般性的空间统计书籍是Ripley（1981），它和Cressie（1991）是这个领域的经典著作。其他空间统计的书还有Upton和Fingleton

(1985, 1989), Cliff 和 Ord (1981), Bailey 和 Gatrell (1995), Stoyan、Kendall 和 Mecke (1995), Waller 和 Gotway (2004), Schabenberger 和 Gotway (2004), 以及 Gelfand (2010)。另外, 通常对于那些成熟的领域, 会有一些更加专业的书。例如, Matern (1986), 此书为后来空间点过程和地理统计学的发展奠定了基础。Rue 和 Held (2005) 讨论了高斯马尔可夫随机场这种在空间离散过程中广为使用的模型。Chilès 和 Delfiner (1999, 2012) 以及 Diggle、Ribeiro (2007) 分别涉及对地理统计学的古典和基于模型的方法。

一些在 20 世纪 80 年代初期看起来很重要的研究主题现在看来不再如此, 因此我压缩了这部分内容。其中一个例子是关于空间点过程原位置稀疏抽样方法。这些方法出现在 20 世纪 50 年代到 20 世纪 60 年代之间, 主要与生态学家的田野工作有关, 包括调查田野里植物种群的密度和空间模式等。现在这些方法很少使用了, 因为技术的进步使得用更高级的方法做空间点模式成为可能的模型。让人惊讶的是, 这些方法后来在分析难民营的规模和模式中再次兴起 (见 Bostoen, Chalabi, Grais, 2007)。

在这本新书中, 除了纠正一些错误外并没有删掉第 2 版中的内容, 此外还增加了大量新的内容。

时空点模式数据在专业领域中被研究了很长时间, 比如地震学 (见 Zhuang, Ogata, Vere-Jones, 2002)。然而, 在过去 10 年中, 伴随着时空标记数据在不同领域中的大量涌现, 方法上得到了迅速的发展。关于这一领域的文献包括 Finkenstadt, Held, Isham (2007), Gelfand 等 (2009) 的一些章节, 以及最近的如 Cressie 和 Wikle (2011)。

在整个统计学领域中, 另外一个重要的发展是, R 软件作为一个开源的统计专用软件的兴起和普及。分析空间点过程有用的程序包有: spatial, spatstat, Marked-PointProcess, splancs 和 spatialkernel 等。所有这些还有其他相关的程序包都可以从 R 软件的网页 www.r-project.org 上下载。

这本书中使用的公共数据集合以及一些发现的错误, 可以从本书的网页上获取到: <http://www.lancs.ac.uk/staff/diggle/pointpatternbook>。

非常感谢我的同事们, 在过去的 40 年里, 无论是在英国、瑞典、澳大利亚, 还是在美国的很多地方, 都给我提供了很好的科研环境。我很幸运地在我的职业早期得到 Robin Plackett 教授的指导。在斯德哥尔摩皇家林业学院期间, 在澳大利亚联邦科学与产业研究组织 (CSIRO) 期间, 以及最近在利物浦大学跟技术领域的科学家共事的经历教会了我很多东西。在兰卡斯特大学, 我有幸跟一些才华横溢的年轻学生和行政人员一起共事, 特别值得一提的是 Barry Rowlingson, 在 25 年里耐心地教会我怎样计算得更有效率。

最后, 在本书参考文献中, 与我联合署名的合作者都应该分享本书所能够带来的收益, 但本书有缺陷的责任由我一人承担。

Peter J. Diggle
于兰卡斯特

目 录

译者的话

前言

第1章 引言	1
1.1 空间点模式	1
1.2 抽样	4
1.3 边界效应	6
1.4 完全空间随机性	7
1.5 统计分析的目标	8
1.6 狄利克雷镶嵌	9
1.7 蒙特卡罗检验	10
1.8 软件	12
第2章 预检验	13
2.1 完全空间随机性检验	13
2.2 事件间距离	13
2.2.1 日本黑松树苗样本分析	15
2.2.2 红杉幼苗分析	15
2.2.3 生物细胞分析	16
2.2.4 小距离	17
2.3 最近邻距离	17
2.3.1 日本黑松树苗样本分析	19
2.3.2 红杉幼苗分析	19
2.3.3 生物细胞分析	19
2.4 点到最近事件间的距离	20
2.4.1 日本黑松树苗样本分析	21
2.4.2 红杉幼苗分析	21
2.4.3 生物细胞分析	22
2.5 样方计数	22
2.5.1 日本黑松树苗分析	23
2.5.2 红杉幼苗分析	23
2.5.3 生物细胞分析	23

2.6 模式尺度	23
2.6.1 兰辛森林数据分析	24
2.6.2 依赖性的尺度	25
2.7 建议	26
第3章 稀疏采样模式方法	28
3.1 一般说明	28
3.2 样方计数	29
3.2.1 CSR 的检验	29
3.2.2 强度的估计量	30
3.2.3 兰辛森林数据分析	30
3.3 距离测量	31
3.3.1 CSR 下的分布理论	31
3.3.2 CSR 的检验	33
3.3.3 强度的估计	36
3.3.4 兰辛森林数据的分析	37
3.3.5 卡塔纳的四分游走	37
3.4 独立检验	38
3.5 建议	39
第4章 空间点过程	40
4.1 过程和概括性描述	40
4.2 二阶属性	41
4.2.1 单变量过程	41
4.2.2 拓展到多元过程	43
4.3 高阶矩和最近邻分布	44
4.4 均匀泊松过程	44
4.5 独立性和随机标记	46
4.6 估计二阶属性	46
4.6.1 估计二阶属性	46
4.6.2 估计对相关函数	52
4.6.3 强度加权平稳过程	53
4.6.4 多变量过程	54
4.6.5 例子	55
4.7 兔子视网膜的错位无轴突细胞	57
4.8 估计最近邻分布	58

4.8.1 例子	59
4.9 结论	60
第5章 非参数法	62
5.1 引言	62
5.2 估计二阶强度的加权积分	62
5.3 强度空间变化的非参数估计	63
5.3.1 估测兰辛森林数据强度的空间变化	65
5.4 分析重复的空间点模式	68
5.4.1 估计重复数据的 K -函数	69
5.4.2 设计试验中的组间对比	70
5.5 参数法还是非参数法？	73
第6章 模型	75
6.1 介绍	75
6.2 丛生分布	75
6.3 泊松群过程	76
6.4 非均匀泊松过程	79
6.5 Cox 过程	80
6.6 变换高斯 Cox 过程	82
6.7 简单抑制过程	83
6.8 马尔可夫点过程	84
6.8.1 成对相互作用点过程	86
6.8.2 更广义形式的相互作用	89
6.9 其他构造	90
6.9.1 基于格点的过程	90
6.9.2 减薄过程	90
6.9.3 叠加	91
6.9.4 不均匀环境中的相互作用	92
6.10 多元模型	93
6.10.1 标记点过程	93
6.10.2 多元点过程	93
6.10.3 如何构造多元模型？	93
6.10.4 Cox 过程	95
6.10.5 马尔可夫点过程	97

第7章 运用概括性描述进行模型拟合	99
7.1 介绍	99
7.2 运用 K 函数进行参数估计	99
7.2.1 最小平方法估计	99
7.2.2 泊松群过程的模拟实现	100
7.2.3 当 $K(t)$ 未知时的操作过程	101
7.3 利用最近邻分布评估拟合优度	102
7.4 实例	103
7.4.1 红杉幼苗	103
7.4.2 荆棘的根茎	106
7.5 通过拟合优度实验进行参数估计	112
7.5.1 仓鼠肿瘤数据分析	112
第8章 用似然方法进行模型拟合	114
8.1 介绍	114
8.2 非均匀泊松过程的似然推断	114
8.2.1 用兰辛森林数据拟合一个趋势表面	115
8.3 马尔可夫点过程的似然推断	117
8.3.1 最大伪似然估计	117
8.3.2 成对相互作用函数的非参数估计	119
8.3.3 用成对相互作用点过程来拟合错位的无轴突细胞	119
8.3.4 蒙特卡罗最大似然估计	122
8.3.5 重访错位的无轴突细胞	123
8.3.6 错位的无轴突细胞的二元模型	123
8.4 Cox 过程的似然推断	126
8.4.1 对数高斯 Cox 过程中的预测推断	128
8.4.2 强度表面的非参数估计：兰辛森林中的山胡桃树	129
8.5 补充阅读	130
第9章 空间流行病学中的点过程方法	132
9.1 引言	132
9.2 空间簇聚	133
9.2.1 北亨伯赛德郡儿童白血病的数据分析	134
9.2.2 空间聚类的其他检验	135
9.3 风险的空间变化	136
9.3.1 英格兰东北部的原发性胆汁性肝硬化	138

9.4 点源模型	139
9.4.1 英国北德比郡的儿童哮喘	141
9.4.2 北利物浦的癌症	142
9.5 分层与匹配	146
9.5.1 分层病例和对照设计	146
9.5.2 个体匹配病例和对照设计	146
9.5.3 分层和匹配有帮助吗?	147
9.6 分解异质性和簇聚	148
第10章 时空点过程	150
10.1 引言	150
10.2 启示性实例	150
10.2.1 英国汉普郡的胃癌疾病	150
10.2.2 英国坎布里亚郡的口蹄疫疫情	152
10.2.3 英国康沃尔郡的牛结核病	153
10.3 时空点模式与过程的分类	154
10.4 二阶属性	155
10.5 以过去为条件	156
10.6 经验和机理模型	159
第11章 探索性分析	160
11.1 引言	160
11.2 动画	160
11.3 边际和条件概述	160
11.3.1 英国康沃尔郡的牛结核病	161
11.4 二阶性质	163
11.4.1 平稳过程	163
11.4.2 强度加权平稳过程	165
11.4.3 英国兰开夏郡的弯曲菌病	166
第12章 经验模型和方法	170
12.1 介绍	170
12.2 泊松过程	170
12.3 Cox 过程	171
12.3.1 可分和不可分模型	171
12.4 对数高斯 Cox 过程	172

12.5 推断	173
12.6 英国汉普郡肠胃疾病	173
12.7 结束语：点过程和地质统计学	177
第13章 机械模型和方法	179
13.1 介绍	179
13.2 条件强度和似然函数	179
13.3 偏似然函数	180
13.4 2001年英国坎布里亚郡的口蹄疫流行病	181
13.5 北极燕鸥的筑巢模式	183
参考文献	186

第1章 引言

1.1 空间点模式

在许多不同的场景中，以一系列点的形式表示的数据，在一定空间区域内都呈现出不规则的分布。例如，一片森林里树木的位置，鸟巢在鸟繁殖群中的位置，或者显微镜下一个组织切片中细胞核的位置。我们将这样的数据集合称为“空间点模式”，称其位置为“事件”，以便从该区域中将这些位置凸显开来。

图 1.1 和图 1.2 展示出在一块正方形区域内两种空间点模式。第一种来自 Numata (1961)，表示在边长为 5.7m 的正方形区域内 65 株日本黑松树苗的位置分布，第二种是由 Ripley (1977) 从 Strauss (1975) 的研究中提取出来的，近似地表示在边长为 23m 的正方形区域内 62 株红杉幼苗的位置分布。这两种模式表现出了巨大的差异。图 1.1 中事件的点模式没有呈现出明显的结构，可被视作是一个“完全随机”的模式，关于它的含义我们很快会给出正式的定义。而另一方面，图 1.2 中幼苗有强烈聚合现象，从生物学上也容易解释。幼苗聚集在该区域某处一个红木树桩周围，树桩的位置没有被记录下来。识别图 1.2 的形成是通过某种形式的聚合机制，还是通过某种环境变化，能够产生具有较高浓度事件聚集的区域，是我们非常关心的问题。这里，其他地方也类似，相关的生物信息未被记录下来，这限制了从统计分析中能够得出的结论。因此，我们描述类似图 1.2 这样的模式为“聚合”的，来避免“聚集”这样直白的术语，因为它可能预示着某种机械内涵。

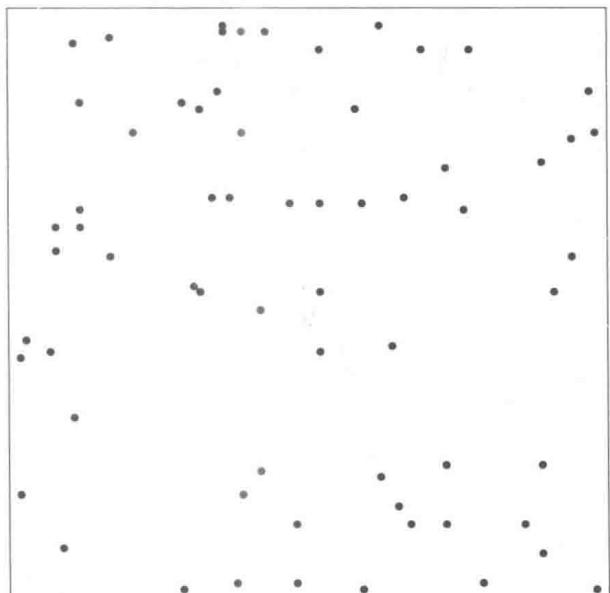


图 1.1 在边长为 5.7m 的正方形区域内 65 株日本黑松树苗的位置分布 (Numata, 1961)

图 1.3 展示一种性质更加不同的模式，它由 42 个生物细胞的中心所构成

(Crick, Lawrence, 1975; Ripley, 1977)。细胞中心或多或少规则地分布在单位方格内,除非有一些调控机制的作用来促进细胞中心形成较为稳定的空间分布,否则这种情况不会出现。一种可能的解释是,细胞中心是细胞比较合适的参照点,较观察尺度而言细胞的大小不可忽略。一般地,不期望引申出任何特定的因果机制,我们将这样的模式称为“规则”的。

一个生物过程所产生的模式会受到该过程物理尺度的影响。在足够大的尺度上,大多数自然环境会表现出趋于产生聚合模式的异质性。在一个相对小的尺度上,自然环境的变化不太明显,模式的主要决定因素是事件本身的相互作用。例如,个别芽无性繁殖往往会产生小规模的聚合,而空间竞争将促进其更加规则的分布。因此,我们将模式分类为规则的、随机的、聚合的三类显得有点过于简单,但这却是在早期分析中一种较为有用的方法。到了后期,这种过分简单化的分析方法就会被淘汰,转而去使用更加注重细节的、多维度的方法,模式的表述可以采用多种功能性的描述性统计,或者构造一个明确的基本过程模型。本书采用的分析空间点模式的方法是基于“随机模型”(该模型假设事件是由一些内在的随机机制所产生出

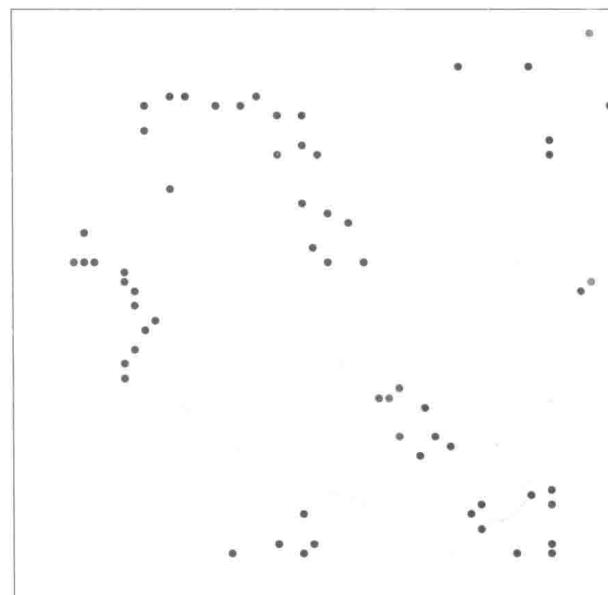


图 1.2 在边长为 23m 的正方形区域内 62 株红杉幼苗的位置分布 (Strauss, 1975; Ripley, 1977)

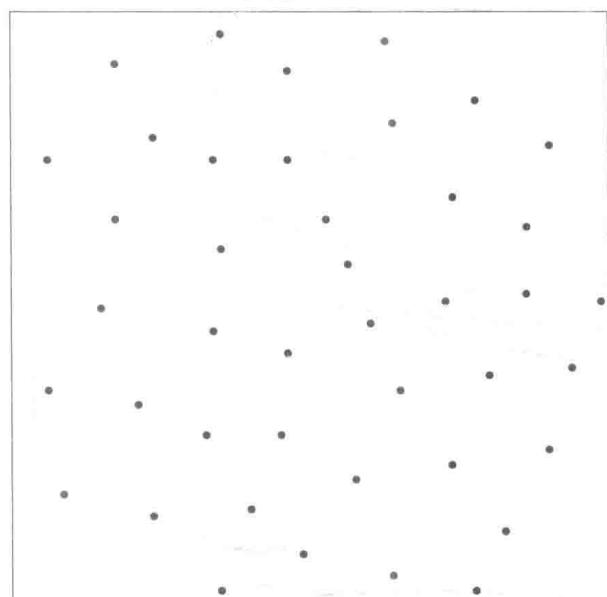


图 1.3 在一个单位正方形中 42 个细胞中心的位置分布 (Ripley, 1977)

来的)。

我们的第四个例子，展现在图 1.4 中，它介绍了一种多元点模式。在这个例子中，各个点代表了一只兔子视网膜中两种不同的细胞，因此是二元模式。所采用的数据包括，294 个移位无长突细胞，其中有 152 个细胞当灯亮起的时候将信息传到大脑，而剩下的 142 个细胞是当灯熄灭的时候将信息传给大脑。两种模式之间的关系能够帮助我们解释未成熟视网膜所进行的发展历程。我们将在 4.7 节中从这个角度再次检验这组数据。

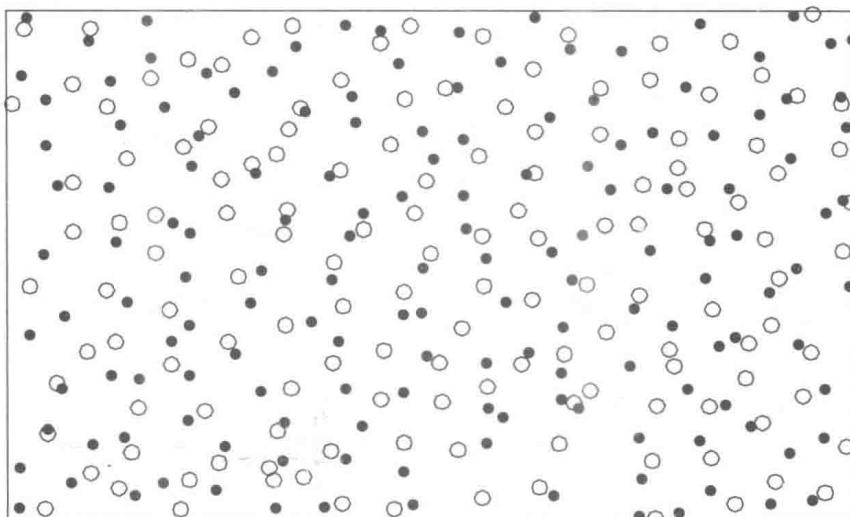


图 1.4 一只兔子视网膜中 294 个移位无长突细胞的位置分布。实心圆圈和空心圆圈分别表示开放和闭合细胞

我们的第五个例子是一种“时空点模式”，该模式中我们的数据提供了在指定空间区域和时间间隔内事件发生的地点和时间。图 1.5 显示了 100 个非特异性胃肠道症状持续案例的居民居住地点和日期，这些案例是 2001 年 1 月 1 日到 1 月 8 日之间由汉普郡居民向国民健康服务部门报告的。英国国民健康服务有一个 24 小时电话分流服务。案例自然地聚集在人口密度相对较高的地区。在发生时间上接近的案例（大小几乎相同的圆圈），在空间上也可能比偶然预期的更加接近。如果这是真的，这将表明很多事件可能有共同的感染源。

时空点模式最好能够在动态下来考察。图 1.5 所展示的数据是一组更大规模的，由 Diggle 等 (2003) 所报告的数据集的子集，Barry Rowlingson 用完整数据制作的动画可以从本书的网站上观看到。

我们假设在这本书中，研究的空间区域基本上是平面的，虽然大部分的想法至少在原则上可以延伸到其他维度。甚至在一维度上，时间和空间点模式之间的区别也是很重要的。一系列事件在时间上不规则分布的情况下，例如细胞增殖过程中细胞分裂的次数，随机模型及其相关统计方法基本上反映了时间维度的方向特性，而

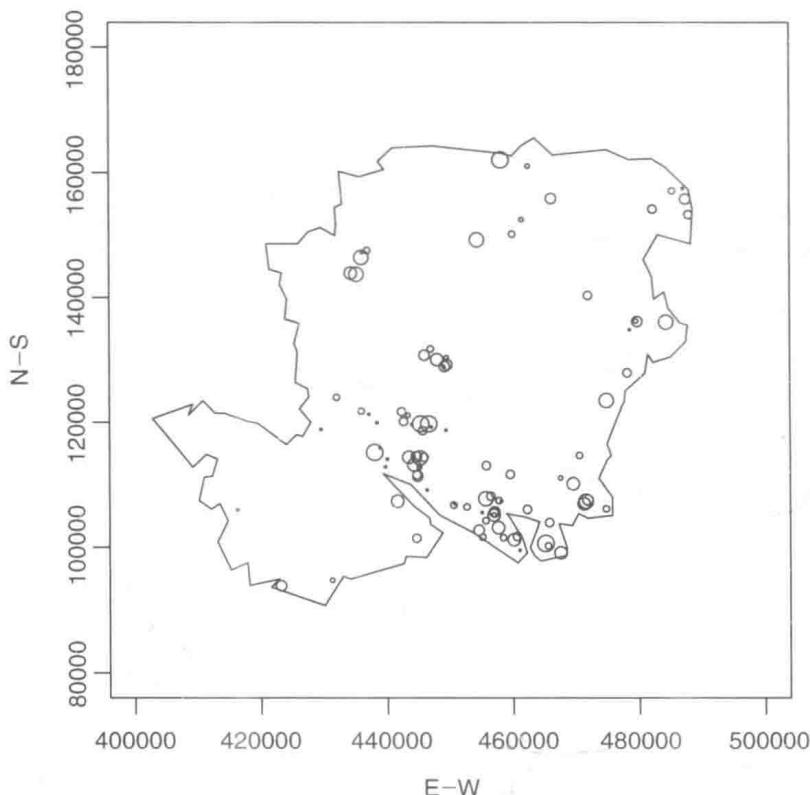


图 1.5 由英国汉普郡 NHS 部门报道的从 2001 年 1 月 1 日到 1 月 8 日之间非特异性胃肠道症状案例的位置分布。圆的绘制半径表示不同日期（最小的圆表示 1 月 1 日，最大的圆表示 1 月 8 日）

在相应的空间案例中，例如沿运河岸边分布的筑巢地点，则没有这样方向性的问题。Cox, Lewis (1996) 对于时间点模式提供了一个更好的介绍，而 Daley 和 Vere-Jones (2002, 2005) 则更深入地探讨了一般点过程。

我们所有的例子都涉及生命科学中的应用，尽管相似的问题也会出现在许多其他学科中。例如在考古学、天文学和地理学的应用分别出现在 Hodder 和 Orton (1976), Peebles (1974), Cliff 和 Ord (1981) 的研究中。从某种程度上讲，我们所阐述的方法在其他领域中仍然是有用的，但是不应被不加筛选地全盘采用。由于我们的随机模型以生物机制为出发点，所以可能不适用于其他领域。

1.2 抽样

关于区域 A 的选择值得探讨。在一些应用场景中， A 客观地由手头的问题决定，需要对发生在 A 上的过程做出推断。这方面的一个例子是一个岛上所有筑巢