

# R 包 Neighbourhood.pattern 使用说明书

# 目录

1 前言:	- 1 -
2 功能介绍:	- 2 -
2.1 边界效应:	- 2 -
2.1.1 理论背景:	- 2 -
2.1.2 消除边界效应:	- 3 -
2.2 开敞度:	- 5 -
2.2.1 理论背景:	- 5 -
2.2.2 单一林木的开敞度计算:	- 6 -
2.2.3 全林分林木开敞度的计算:	- 8 -
2.2.4 绘制单一林木的开敞度图:	- 12 -
2.3 划定基本结构单元:	- 15 -
2.3.1 理论背景:	- 15 -
2.3.2 单一参照树的基本结构单元划定:	- 16 -
2.3.3 多株参照树基本结构单元的批量划定:	- 18 -
2.4 角尺度:	- 21 -
2.4.1 理论背景:	- 21 -
2.4.2 计算单一参照树的角尺度:	- 22 -
2.4.3 绘制单一参照树的角尺度图:	- 24 -
2.4.4 计算全林分参照树的角尺度:	- 26 -
2.4.5 绘制全林分参照树角尺度图:	- 28 -
2.4.6 区分树种绘制全林分参照树角尺度图:	- 30 -
2.5 混交度:	- 32 -
2.5.1 理论背景:	- 32 -
2.5.2 计算单一参照树的混交度:	- 33 -
2.5.3 绘制单一参照木的混交度图:	- 36 -
2.5.4 计算全林分参照树的混交度:	- 39 -
2.5.5 绘制全林分参照树的混交度图:	- 41 -
2.5.6 区分物种绘制全林分参照树的混交度图:	- 44 -
2.6 大小比:	- 47 -
2.6.1 理论背景:	- 47 -
2.6.2 计算单一参照树的大小比:	- 48 -
2.6.3 绘制单一参照树的大小比图:	- 50 -
2.6.4 计算全林分参照树的大小比:	- 52 -

2.6.5 绘制全林分参照树的大小比图： .....	- 54 -
2.6.6 区分树种绘制全林分大小比图： .....	- 56 -
2.7 密集度： .....	- 59 -
2.7.1 理论背景： .....	- 59 -
2.7.2 计算单一参照树的密集度：.....	- 60 -
2.7.3 绘制单一参照树的密集度图： .....	- 62 -
2.7.4 计算全林分参照树的密集度： .....	- 65 -
2.7.5 绘制全林分参照树的密集度图： .....	- 67 -
2.7.6 区分物种绘制参照树的密集度图： .....	- 69 -
2.8 加权密集度： .....	- 72 -
2.8.1 理论背景： .....	- 72 -
2.8.2 计算单一参照树的加权密集度： .....	- 73 -
2.8.3 绘制单一参照树的加权密集度图： .....	- 75 -
2.8.4 计算全林分参照树的加权密集度： .....	- 78 -
2.8.5 绘制全林分参照树的加权密集度图： .....	- 80 -
2.8.6 区分物种绘制参照树的加权密集度图： .....	- 82 -
2.9 邻体模式开敞度： .....	- 85 -
2.9.1 理论背景： .....	- 85 -
2.9.2 计算单一参照树的邻体模式开敞度： .....	- 86 -
2.9.3 绘制单一参照树的邻体模式开敞度图： .....	- 89 -
2.9.4 计算全林分参照树的邻体模式开敞度： .....	- 91 -
2.9.5 绘制全林分参照树的邻体模式开敞度图： .....	- 93 -
2.9.6 区分物种绘制参照树的邻体模式开敞度图： .....	- 95 -
2.9.7 计算并绘制林下的邻体模式开敞度克里金插值图： .....	- 98 -
2.10 邻体模式荫蔽度： .....	- 100 -
2.10.1 理论背景： .....	- 100 -
2.10.2 计算单一参照树的邻体模式荫蔽度： .....	- 101 -
2.10.3 绘制单一参照树的邻体模式荫蔽度图： .....	- 104 -
2.10.4 计算全林分参照树的邻体模式荫蔽度： .....	- 106 -
2.10.5 绘制全林分参照树的邻体模式荫蔽度图： .....	- 108 -
2.10.6 区分物种绘制参照树的邻体模式荫蔽度图： .....	- 110 -
2.10.7 计算并绘制林下的邻体模式荫蔽度克里金插值图： .....	- 113 -
2.11 加权邻体模式开敞度： .....	- 115 -
2.11.1 理论背景： .....	- 115 -

2.11.2 计算单一参照树的加权邻体模式开敞度: .....	116 -
2.11.3 绘制单一参照树的加权邻体模式开敞度图: .....	119 -
2.11.4 计算全林分参照树的加权邻体模式开敞度: .....	121 -
2.11.5 绘制全林分参照树的加权邻体模式开敞度图: .....	123 -
2.11.6 区分物种绘制参照树的加权邻体模式开敞度图: .....	125 -
2.11.7 计算并绘制林下的加权邻体模式开敞度克里金插值图: .....	128 -
2.12 加权邻体模式荫蔽度: .....	131 -
2.12.1 理论背景: .....	131 -
2.12.2 计算单一参照树的加权邻体模式荫蔽度: .....	133 -
2.12.3 绘制单一参照树的加权邻体模式荫蔽度图: .....	136 -
2.12.4 计算全林分参照树的加权邻体模式荫蔽度: .....	138 -
2.12.5 绘制全林分参照树的加权邻体模式荫蔽度图: .....	140 -
2.12.6 区分物种绘制参照树的加权邻体模式荫蔽度图: .....	142 -
2.12.7 计算并绘制林下的加权邻体模式荫蔽度克里金插值图: .....	145 -
2.13 邻体模式系统发育(功能性状)丰富度: .....	148 -
2.13.1 理论背景: .....	148 -
2.13.2 计算单一参照树的邻体模式系统发育丰富度: .....	149 -
2.13.3 绘制单一参照树的邻体模式系统发育丰富度图: .....	152 -
2.13.4 计算全林分参照树的邻体模式系统发育丰富度: .....	155 -
2.13.5 绘制全林分参照树的邻体模式系统发育丰富度图: .....	158 -
2.13.6 区分物种绘制全林分参照树的邻体模式系统发育丰富度图: .....	161 -
2.14 基于研究尺度的加权荫蔽度: .....	164 -
2.14.1 理论背景: .....	164 -
2.14.2 确定修正系数: .....	165 -
2.14.3 计算单一参照树的尺度化加权荫蔽度: .....	168 -
2.14.4 绘制单一参照树的尺度化加权荫蔽度图: .....	171 -
2.14.5 计算并绘制林下的尺度化加权荫蔽度克里金插值图: .....	173 -
2.15 基于相邻木生态干扰势的加权荫蔽度: .....	175 -
2.15.1 理论背景: .....	175 -
2.15.2 确定修正系数: .....	176 -
2.15.3 计算单一参照树的加权进界邻体荫蔽度: .....	178 -
2.15.4 绘制单一参照树的加权进界邻体荫蔽度图: .....	181 -
2.15.5 计算并绘制林下的加权进界邻体荫蔽度克里金插值图: .....	183 -

依赖关系

R 包 `Neighbourhood.pattern` 依赖于以下 R 包，请预先安装以下 R 包：

`ggplot2`; `tcltk` ; `ggforce`; `sp`; `gstat`

## 1 前言：

森林可持续经营的目的是培育健康、可持续的生态系统，需要保证林分具有较高的生产力、较强的系统稳定性、保有合理的生物多样性并具有完善的生态功能，同时需要满足人民日益增长的生态、经济、社会、文化等多面需求。

合理的森林结构是森林生态系统长效健康稳定与可持续的前提保证。传统的森林经营中，常关注林分密度、郁闭度、径级结构、林龄结构、树种组成等经营指标，然而这些林分结构指标均基于林分尺度计算，对林分内林木空间分布异质性考虑不足，忽略了林木间的结构关系与尺度效应。慧刚盈等（2007）首次系统性提出“结构化森林经营”体系，以基于相邻木空间关系（邻体模式 Neighbourhood.pattern）的林分空间结构为依据拟定经营标准，弥补了传统林业经营活动忽略林木空间分布异质性的不足。以“林分空间结构优化”为目的，近年已在同龄人工林的异龄复层混交化改造、退化森林生态系统林分改造、恒续林培育、林分近自然经营等众多森林经营、培育活动中迸发出了强大的生命力。

“结构化森林经营”以参照林木及参照林木的  $n$ （ $n$  常为 3—6）株相邻木作为森林经营的基本结构单元，并根据结构单元中各林木间的邻体关系，基于不同的经营目的建立了角尺度、大小比、混交度、林层比、密集度等结构参数。“结构化森林经营”体系参照健康、稳定林分（可选特定地区的气候顶级森林生态系统）内的林分结构参数建立经营标准，并综合多项结构参数评估林分经营迫切程度、指导森林经营活动、评价林分经营结果优劣。可在充分考虑林分、林木生理、生态需求后，通过对目的树种微环境调节实现对林分空间结构的优化，为森林经营活动提供基于自然的解决方案，契合当代精准林业需求。

“结构化森林经营”体系是一种开放性决策体系，其可以将具有不同经营目的结构参数的合理取值统一作为约束条件构建目标函数，从而达到林分多目标经营的目的。“结构化森林经营”体系天然的包容性使更多的结构参数融入体系成为可能，从而在林业管理的过程中实现更为全面的经营、培育目的，进而满足国家和人民对当代林业的多重需求。因此，笔者团队基于参照树光资源可或取性分析的需求建立了邻体模式开敞度、邻体模式荫蔽度、加权邻体模式开敞度、加权邻体模式荫蔽度四种结构参数，并在加权邻体模式荫蔽的基础上扩展了尺度化加权荫蔽度与加权进界邻体荫蔽度；同时，在混交度的基础上将种间系统发育（功能性状）距离引入计算过程，建立了邻体模式系统发育（功能性状）多样性结构参数，以丰富“结构化森林经营”的理论体系。

在 R 包 Neighbourhood.pattern 中，笔者团队不仅集成开敞度与传统林分参数角尺度、大小比、混交度、密集度、加权密集度的计算功能；同时介绍并集成了邻体模式开敞度、邻体模式荫蔽度、加权邻体模式开敞度、加权邻体模式荫蔽度、尺度化加权荫蔽度、加权进界邻体荫蔽度与邻体模式系统发育（功能性状）多样性的计算功能。笔者团队开发 Neighbourhood.pattern 软件包，以期对“结构化森林经营”体系进行补充、完善，扩大优秀林业经营理论体系影响力；为林业、生态领域从业人员提供便捷的应该工具；并为国家林业行业发展填砖加瓦。

## **2 功能介绍：**

### **2.1 边界效应：**

#### **2.1.1 理论背景：**

在依靠调查样地中林木坐标估算林木结构参数时，处于样地边缘参照树的相邻木有概率分布于调查样地之外。我们将由于样地边缘参照树的相邻木选择偏差造成各类结构参数错误称为边界效应。为避免边界效应，可在样地边缘（内侧）设置一定宽度的缓冲区，缓冲区中林木仅作为相邻木参与结构参数计算，不作为参照树考虑。

2.1.2 消除边界效应：

2.1.2 示例数据：

示例数据来源于著名点格局分析软件 Programita\_2018 中的示例数据 DataType9.mcf，该数据包含了 500 单位长度×500 单位长度（可理解为 m 等）的样地中两个物种的点坐标与体量（可理解为生物量、胸径或树高）。本次我们提取其数据中第一种物种的坐标与体量以待分析，并将其命名为 species1.csv。图 1 为 boundary.eff 指令所需的数据形式，其中需要保证第一行的行名中具有 x、y 两项，size 可以省略。

1	x	y	size	
2	1. 71	117. 43	1. 26	
3	2. 85	193. 8	1. 29	
4	3. 01	130. 9	1. 32	
5	3. 02	172. 53	1. 32	
6	6. 38	309. 77	1. 39	
7	6. 29	379. 99	0. 18	
8	13. 31	459. 11	2	
9	18. 97	295. 52	1. 13	
10	18. 28	378. 22	0. 69	
11	22. 56	372. 99	0. 77	
12	26. 23	419. 2	1. 6	
13	27. 27	371. 74	0. 8	
14	28. 45	245. 59	2	
15	28	407. 15	1. 6	
16	32. 76	115. 23	2	
17	33. 98	14. 64	1. 52	

图 1 boundary.eff 指令读取 csv 数据格式图

2.1.3 指令说明：

2.1.3.1 指令形式：

boundary.eff(a,minx,maxx,miny,maxy,frame)

2.1.3.2 参数意义：

- a—需要消除边界效应样地中的林木坐标数据
- minx—样地横坐标的最小值
- maxx—样地横坐标的最大值
- miny—样地纵坐标的最小值
- maxy—样地纵坐标的最大值
- frame—缓冲区宽度

2.1.3.3 例：

####本例中，我们将在 500×500 m<sup>2</sup>的样地中以 50 m 为边界宽度设置缓冲区，处理数据以消除边界效应。

species1.bou=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)



species1.bou

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0.41
21	55.47	164.89	0.41
22	56.07	209.07	1.60
23	59.36	189.68	0.01
24	61.71	313.90	1.20
25	63.85	293.29	0.80
26	66.86	412.30	2.00
27	72.66	243.34	2.00
28	73.01	181.83	0.41
29	76.69	337.65	1.60

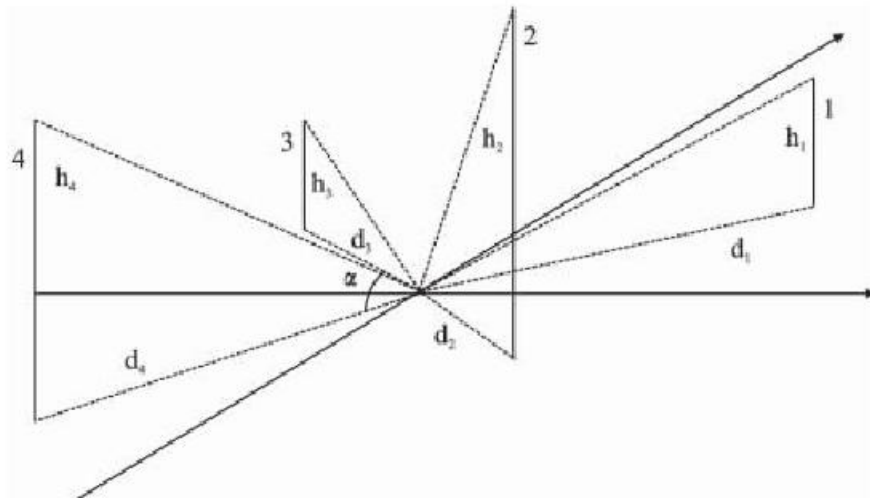
...

168	436.74	440.75	0.41
169	438.68	400.28	1.20
172	439.79	203.10	1.20
173	440.32	112.37	1.20
174	442.60	338.77	2.00
176	449.38	120.78	1.20
177	449.71	261.18	1.60

####样地中原有树种 1 林木 200 株，而由输出结果可见 1—19 号林木与 178—200 号林木等分布于缓冲区内的林木，数据行被指令刨除。

## 2.2 开敞度:

### 2.2.1 理论背景:



注：该图转引至沈海龙等（2011）

图 2 开敞度示意图

开敞度是林内随机地表样点光环境的测度指标，为从样点到以样点为中心的四个象限最近的四株相邻上层林木的水平距离与该株上层林木高度比值的累积求和。其计算公式为：

$$K = \sum_{i=1}^4 (\cot \alpha) = \sum_{i=1}^4 d_i / h_i \quad (1)$$

式(1)更适用于林地地表高程异质性较小样地中样点光环境估测，而在地表高程异质性较大样地中可根据以下方程对式(1)进行校正，而这种校正方法也适用于测定选定林木顶端的开敞度。

$$K = \sum_{i=1}^4 d_i / (h_i - h_0) \quad (2)$$

式（2）中 $h_i$ 为相邻上层林木的树高与其所处位置地表高程之和， $h_0$ 为选取样地的比表高程或选取样点地表高程与样点上林木树高之和。

在 R 包 Neighbourhood.pattern 中，我们基于公式(2)集成了单一林木与林分水平的开敞度计算功能。

## 2.2.2 单一林木的开敞度计算：

### 2.2.2.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定林木顶端的开敞度。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，该数据包含 500×500 m<sup>2</sup> 样地内两个物种共 600 株林木的位置坐标与体量，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在物种一中选择两株典型林木，计算其开敞度。在此，选择物种 1 中的 1 号与 130 号林木计算开敞度。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

species1[1,]####展示物种 1 的 1 号树的信息

####输出结果，可见 1 号林木的横、纵坐标分别为 1.71 m 与 117.43 m，树高为 25.2 m。

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2

species1[130,]####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

### 2.2.2.2 指令形式：

K.single(a,b)

### 2.2.2.3 参数意义：

a—需要计算开敞度的林木的坐标与树高

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

### 2.2.2.4 例：

####计算物种 1 的 1 号林木顶端开敞度

```
K.single(species1[1,],species1_2)
```

####输出结果

**Warning message:**

**In K.single(species1[1, ], species1\_2) :**

**请确保以参考林木为中心的四个象限内均有高于其的立木**

####由于 1 号林木分布于样地边缘，其周围四个象限内并不都具有上层林木，因此提示警告信息。

####计算物种 1 的 130 号林木的顶端开敞度

```
K.single(species1[130,],species1_2)
```

####输出结果

**\$a**

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

**\$Neighbourhood**

	x	Y	Size	Distance	Size_dif
499	373.23	285.02	32	26.57998	23.8
489	360.07	237.73	16	33.17670	7.8
479	351.44	251.31	16	18.46001	7.8
110	314.37	271.61	24	37.13561	15.8

**\$K**

**[1] 10.08725**

####输出结果中，\$a 记录了选择林木的 x、y 坐标与树高；\$Neighbourhood 记录了四个象限中与之位置最近的上层林木的坐标、树高、为所选林木的水平距离以及树高差距；\$K 为计算得出的开敞度。

## 2.2.3 全林分林木开敞度的计算：

### 2.2.3.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木的开敞度。所用数据包含物种 1 的分布与树高数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

bou.species1= boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	8.2
21	55.47	164.89	8.2
22	56.07	209.07	32.0
23	59.36	189.68	0.2
24	61.71	313.90	24.0
25	63.85	293.29	16.0
26	66.86	412.30	40.0
27	72.66	243.34	40.0
28	73.01	181.83	8.2
29	76.69	337.65	32.0
31	83.10	120.44	32.0

...

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8

10	22.56	372.99	15.4
...			

2.2.3.2 指令形式:

`K.mult(a,b)`

2.2.3.3 参数意义:

a—需要计算开敞度的林木的坐标与树高

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

2.2.3.4 例:

####计算消除边界效应后, 物种 1 各林木的开敞度。

`K.mult(bou.species1,species1_2)`

####输出结果

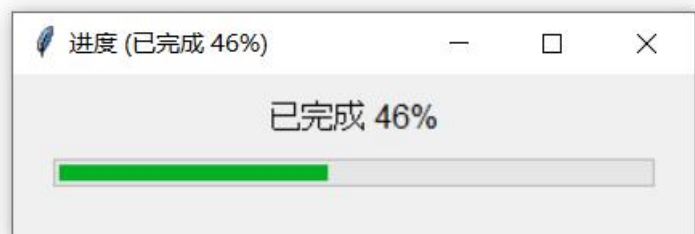


图 运算进度图

[1] "请确保以参考林木为中心的四个象限内均有高于其的立木"

	X	Y	Size	K
1	52.80	177.42	8.2	7.233251
2	55.47	164.89	8.2	6.207827
3	56.07	209.07	32.0	23.871239
4	59.36	189.68	0.2	4.844238
5	61.71	313.90	24.0	13.091242
6	63.85	293.29	16.0	11.563471
7	NA	NA	NA	NA
8	NA	NA	NA	NA
9	73.01	181.83	8.2	8.664969
10	76.69	337.65	32.0	23.573313
...				

123	427.63	138.83	16.0	13.243160
124	427.13	413.57	8.2	7.278529
125	429.76	302.00	16.0	9.985432
126	429.17	421.62	0.2	3.858971

127	436.74	440.75	8.2	5.355057
128	438.68	400.28	24.0	15.078493
129	439.79	203.10	24.0	37.869780
130	440.32	112.37	24.0	23.010606
131	NA	NA	NA	NA
132	449.38	120.78	24.0	21.735366
133	449.71	261.18	32.0	40.658793

There were 18 warnings (use warnings() to see them)

####输出结果中包含了各林木的坐标、树高与开敞度

####查看警告信息，信息中包含不符合开敞度计算要求的林木

warnings()

####输出结果

警告信息：

1: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 7 行

2: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 8 行

3: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 27 行

4: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 34 行

5: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 36 行

6: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 41 行

7: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 47 行

8: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 52 行

9: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 53 行

10: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 61 行

11: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 67 行

12: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 69 行

13: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 84 行

14: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 86 行

15: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 106 行

16: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 112 行

17: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 120 行

18: In K.mult(species1, species1\_2) : 检查第 131 行

####查看上述前 5 项林木信息

species1[c(7,8,27,34,36),]

####输出信息

	x	y	size
--	---	---	------

26	66.86	412.30	40
27	72.66	243.34	40
50	113.62	289.46	40
57	138.41	349.66	40
62	151.57	162.26	40

####由输出可见 5 株林木在样地中的位置坐标，5 株林木树高均为 40 m，为样地中树高最大值，因此不存在上层林木，无法计算其开敞度。



## 2.2.4 绘制单一林木的开敞度图：

### 2.2.4.1 示例数据：

与 2.2.2 部分相同，本例将计算选定林木顶端的开敞度。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，该数据包含 500×500 m<sup>2</sup> 样地内两个物种共 600 株林木的位置坐标与体量，我们样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高，计算样地内物种 1 中的 1 号、100 号、110 号、120 号以及 130 号林木的开敞度，并绘制其开敞度图。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

species1[1,]####展示物种 1 的 1 号树的信息

####输出结果，可见 1 号林木的横、纵坐标分别为 1.71 m 与 117.43 m，树高为 25.2 m。

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2

species1[100,]

####输出结果

	x	y	size
100	281.05	97.91	32

species1[110,]

####输出结果

	x	y	size
110	314.37	271.61	24

species1[120,]

####输出结果

	x	y	size
120	330.29	112.84	16

species1[130,]

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8

3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

2.2.4.2 指令形式：

`plot.K.single(a,b)`

2.2.4.3 参数意义：

a—需要计算开敞度的林木的坐标与树高

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

2.2.4.4 例

####绘制物种 1 的 1 号林木的开敞度图

`plot.K.single(species1[1,],species1_2)`

####输出结果

**Warning in plot.K.single(species1[1, ], species1\_2) :**

**请确保以参考林木为中心的四个象限内均有高于其的立木**

####当数据不符合绘图要求时，指令将返回警告信息

####绘制物种 1 的 100、110、120、130 号林木的开敞度图

`plot.K.single(species1[100,],species1_2)`

`plot.K.single(species1[110,],species1_2)`

`plot.K.single(species1[120,],species1_2)`

`plot.K.single(species1[130,],species1_2)`

`plot.K.single(species1[140,],species1_2)`

####输出结果

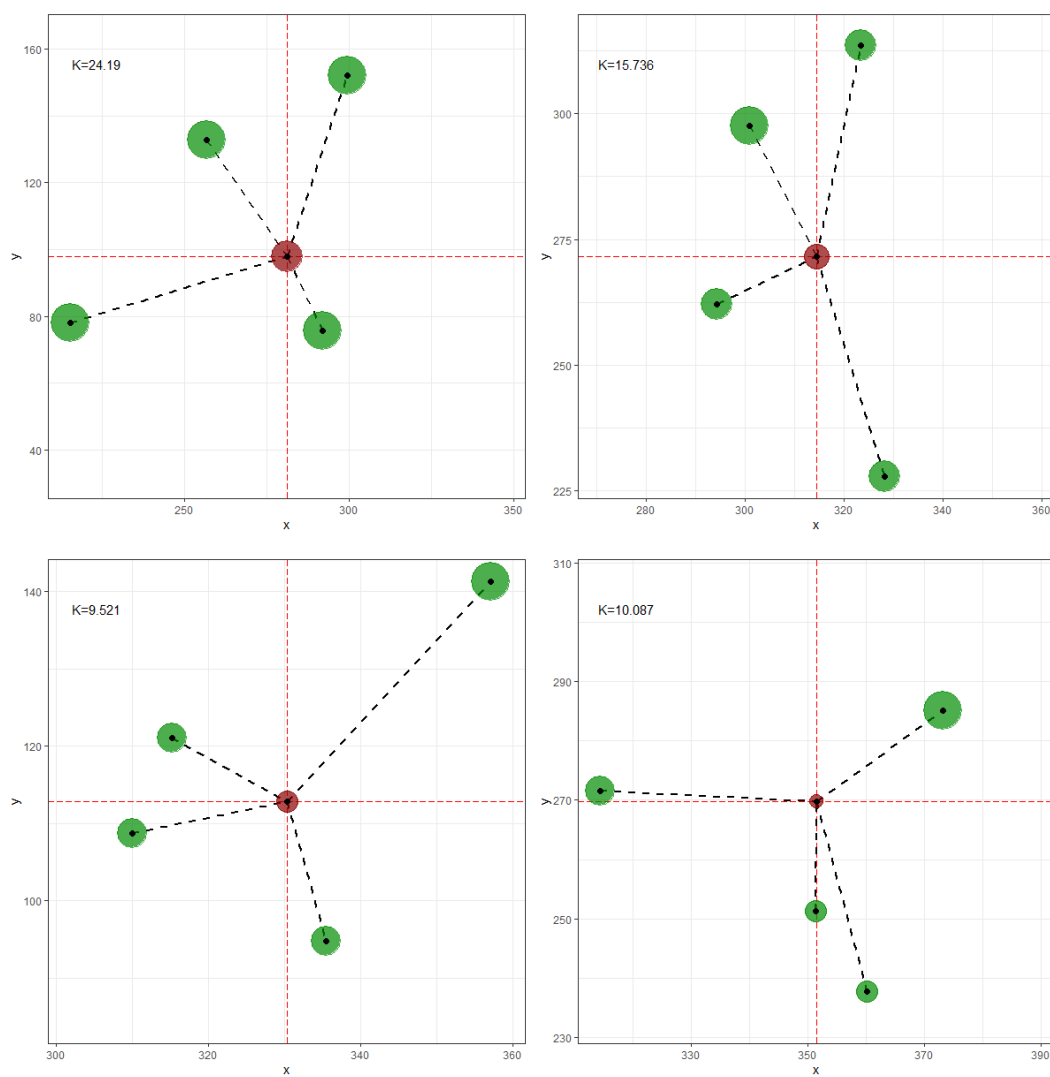


图 物种 1 的 100、110、120、130 号林木开敞度图

####图中绿色与红色圆球的位置标示林木的坐标，圆球直径标示林木树高

## 2.3 划定基本结构单元：

### 2.3.1 理论背景：

以参照林木及周围的  $n$  株相邻木共同构成的斑块称为基本结构单元，是“结构化森林经营”理论体系经营、调控的最小单元。基于不同的结构参数，对基本结构单元中参照林木与相邻木间的邻体模式进行调控，对结构单元中的分布格局(随机、均匀、离散)、树种组成、垂直结构与竞争强度等进行优化，从而最终达到优化林分结构的目的。

对于不同的林分类型与不同的经营、研究目的，基本结构单元中相邻木的株数  $n$  选择有所不同，大多情况下选择  $n$  为 4 较为合理<sup>3</sup>。在 `Neighbourhood.pattern` 包中，可根据实际需求选择相邻木株数，软件包将根据样地中林木分布位置，自动计算距离并展示与选定参照树相邻的  $n$  株林木的信息。

## 2.3.2 单一参照树的基本结构单元划定：

### 2.3.2.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，在样地中划定物种 1 中 130 号林木为参照树的基本结构单元。所用数据包含物种 1 的 130 号林木的坐标数据及全林分中各林木的坐标。

####数据形式如下

```
point.species1=species1[,1:2]####提取物种 1 的坐标
```

```
point.species1.130= point.species1[130,]####提取物种 1 的 130 号林木的位置信息
```

```
point.species1.130
```

####输出结果

	X	y
130	351.46	269.77

```
point.species1_2=species1_2[,1:2]####提取全林分各林木的位置信息
```

```
point.species1_2
```

####输出结果

	X	y
1	1.71	117.43
2	2.85	193.80
3	3.01	130.90
4	3.02	172.53
5	6.38	309.77
6	6.29	379.99
7	13.31	459.11
8	18.97	295.52
9	18.28	378.22
10	22.56	372.99

...

### 2.3.2.2 指令形式：

```
Neighbourhood.single(a,b,n)
```

### 2.3.2.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标

b—全林分林木的坐标

n—划定基本结构单元时选择相邻木的株数

### 2.3.2.4 例：

####本例中，将划定物种 1 的 130 号林木的基本结构单元，相邻木株数选择 5 株

```
Neighbourhood.single(point.species1.130, point.species1_2,5)
```

####输出结果

\$a

	X	y
130	351.46	269.77

\$Neighbourhood

	X	Y	Distance
134	358.12	257.74	13.75051
484	354.25	255.87	14.17724
139	368.75	265.62	17.78107
479	351.44	251.31	18.46001
138	363.45	251.84	21.56954

####输出结果中，\$a 显示参照树的坐标；\$Neighbourhood 中显示了相邻木的编号、坐标及其与参照树间的水平距离

### 2.3.3 多株参照树基本结构单元的批量划定：

#### 2.3.3.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，划定其各林木的基本结构单元。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标数据及全林分中各林木的坐标。

####数据形式如下

point.species1=species1[,1:2]####提取物种 1 的坐标

bou.point.species1=boundary.eff(point.species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.point.species1

####输出结果

	X	y
20	52.80	177.42
21	55.47	164.89
22	56.07	209.07
23	59.36	189.68
24	61.71	313.90
25	63.85	293.29
26	66.86	412.30
27	72.66	243.34
28	73.01	181.83
29	76.69	337.65
31	83.10	120.44

...

point.species1\_2=species1\_2[,1:2]####提取全林分各林木的位置信息

point.species1\_2

####输出结果

	X	y
1	1.71	117.43
2	2.85	193.80
3	3.01	130.90
4	3.02	172.53
5	6.38	309.77
6	6.29	379.99
7	13.31	459.11
8	18.97	295.52
9	18.28	378.22

10	22.56	372.99
----	-------	--------

...

2.3.3.2 指令形式:

`Neighbourhood.mult(a,b,n)`

2.3.3.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标

b—全林分林木的坐标

n—划定基本结构单元时选择相邻木的株数

2.3.3.4 例:

####本例中，我们将以消除边界效应后物种 1 的各株林木作为参照树，划定基本结构单元，选取相邻木 4 株

`Neighbourhood.mult(bou.point.species1, point.species1_2,4)`

####输出结果



	X	Y	X	Y	Distance	X	Y	Distance	X	Y	Distance	X	Y	Distance
1	52.80	177.42	59.49	177.92	6.7086586	42.19	177.17	10.612945	43.47	170.54	11.592381	55.47	164.89	12.81132
2	55.47	164.89	52.80	177.42	12.8113153	43.47	170.54	13.263578	59.49	177.92	13.636029	42.19	177.17	18.08748
3	56.07	209.07	56.36	210.01	0.9837174	60.49	201.99	8.346424	46.17	216.46	12.354032	59.36	189.68	19.66714
4	59.36	189.68	59.49	177.92	11.7607185	60.49	201.99	12.361756	52.80	177.42	13.904719	73.01	181.83	15.74627
5	61.71	313.90	70.39	314.79	8.7255086	54.10	329.75	17.582224	63.85	293.29	20.720804	84.15	305.49	23.96418
6	63.85	293.29	77.14	294.62	13.3563842	61.71	313.90	20.720804	70.39	314.79	22.472686	84.15	305.49	23.68396
7	66.86	412.30	63.53	407.83	5.5740291	47.64	424.74	22.894585	78.05	390.21	24.762556	56.12	434.79	24.92283
8	72.66	243.34	93.37	240.35	20.9247270	80.08	222.26	22.347769	52.05	229.90	24.604993	50.17	231.19	25.56213
9	73.01	181.83	59.49	177.92	14.0740364	59.36	189.68	15.746269	89.96	177.53	17.486924	52.80	177.42	20.68556
10	76.69	337.65	94.18	329.80	19.1708790	98.58	344.95	23.075140	70.39	314.79	23.712225	54.10	329.75	23.93153
11	83.10	120.44	68.84	122.90	14.4706323	93.03	135.31	17.880766	100.37	111.89	19.270584	85.96	101.20	19.45141
12	84.36	305.94	84.15	305.49	0.4965884	90.16	307.18	5.931071	77.14	294.62	13.426496	70.39	314.79	16.53733
13	87.64	286.73	99.11	286.04	11.4907354	77.14	294.62	13.134005	84.15	305.49	19.081868	84.36	305.94	19.48801
14	89.63	64.27	96.99	69.04	8.7705473	78.41	52.53	16.239335	105.67	71.07	17.421871	109.09	66.20	19.55547

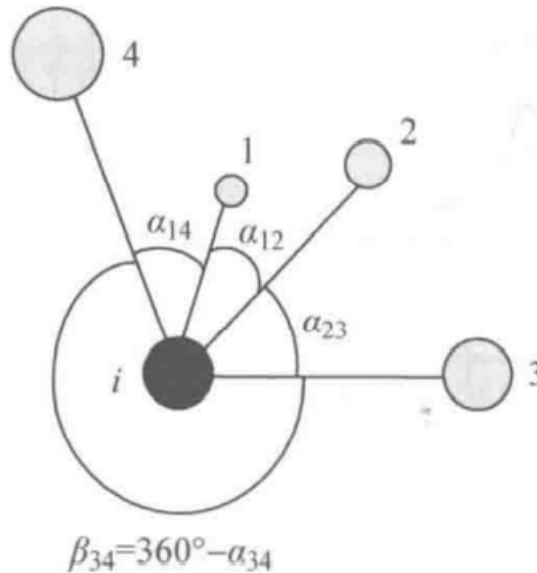
...

####输出结果第 2、3 列为参照树坐标，之后各列代表 4 株相邻木坐标与相邻木到参照树间的水平距离

## 2.4 角尺度:

### 2.4.1 理论背景:

角尺度是慧刚盈等(1998)首度提出的林分结构参数, 是用以描述相邻木围绕参照树均匀性的指标。从参照树出发, 任意两株相邻木间的夹角有两个, 令其中较小夹角为 $\alpha$ , 令其中较大夹角为 $\beta$ , 则 $\alpha + \beta = 360^\circ$ , 如图 3 所示:



注: 该图转引自慧刚盈等 (2016)

图 3 选择 4 株相邻木时角尺度示意图

慧刚盈等将相邻木围绕参照树完全均匀分布时的夹角称为标准角, 即 $\alpha_0 = 360^\circ/n$ , 然而自然界中完全随机分布很少见, 参照树与相邻木构成的  $n$  个夹角均大于  $360^\circ/n$  不符合实际, 标准角应小于这一角度。故, 将标准角设为:

$$\alpha_0 = 360^\circ/(n + 1) \quad (3)$$

角尺度的定义为 $\alpha$ 角小于标准角 $\alpha_0$ 的个数占所考察的相邻木的比例:

$$W_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n z_{ij} \quad W_i \in (0,1) \quad (4)$$

其中, 当第  $j$  个角小于标准角时 $z_{ij}$ 为 1; 当第  $j$  个角大于标准角时 $z_{ij}$ 为 0。当 $W_i$ 为 0 相邻木在参照树周围特别均匀分布, 当 $W_i$ 为 1 参照树周围的相邻木聚集成团。同时, 林分平均角尺度 $\bar{W}$ 与林分内林隙数量正相关, 并可用于表征参照树周围空间生态位空缺情况。

## 2.4.2 计算单一参照树的角尺度：

### 2.4.2.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 130 号林木为参照树的角尺度。所用数据包含物种 1 的 130 号林木的坐标数据及全林分中各林木的坐标。

####数据形式如下

```
point.species1=species1[,1:2]####提取物种 1 的坐标
```

```
point.species1.130= point.species1[130,]####提取物种 1 的 130 号林木的位置信息
```

```
point.species1.130
```

####输出结果

	x	y
130	351.46	269.77

```
point.species1_2=species1_2[,1:2]####提取全林分各林木的位置信息
```

```
point.species1_2
```

####输出结果

	x	y
1	1.71	117.43
2	2.85	193.80
3	3.01	130.90
4	3.02	172.53
5	6.38	309.77
6	6.29	379.99
7	13.31	459.11
8	18.97	295.52
9	18.28	378.22
10	22.56	372.99

...

### 2.4.2.2 指令形式：

```
Neighbourhood.pattern.W.single(a,b,n)
```

### 2.4.2.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标

b—全林分林木的坐标

n—计算角尺度时选择相邻木的株数

### 2.4.2.4 例：

####本例中，计算物种 1 的 130 号林木的角尺度，相邻木株数选择 4 株

```
Neighbourhood.pattern.W.single(point.species1.130, point.species1_2,4)
```

####输出结果

\$a

	x	y
130	351.46	269.77

\$Neighbourhood

	x	y
134	358.12	257.74
484	354.25	255.87
139	368.75	265.62
479	351.44	251.31

\$W

[1] 0.75

####输出结果中显示了参照树的位置坐标与相邻木的位置坐标，并计算出当选择 4 株相邻木时参照树的角尺度为 1

### 2.4.3 绘制单一参照树的角尺度图：

#### 2.4.3.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 130 号林木为参照树的角尺度，并绘制其角尺度图。所用数据包含物种 1 的 130 号林木的坐标数据及全林分中各林木的坐标。

####数据形式如下

```
point.species1=species1[,1:2]####提取物种 1 的坐标
```

```
point.species1.130= point.species1[130,]####提取物种 1 的 130 号林木的位置信息
```

```
point.species1.130
```

####输出结果

	x	y
130	351.46	269.77

```
point.species1_2=species1_2[,1:2]####提取全林分各林木的位置信息
```

```
point.species1_2
```

####输出结果

	x	y
1	1.71	117.43
2	2.85	193.80
3	3.01	130.90
4	3.02	172.53
5	6.38	309.77
6	6.29	379.99
7	13.31	459.11
8	18.97	295.52
9	18.28	378.22
10	22.56	372.99

...

#### 2.4.3.2 指令形式：

```
plot.Neighbourhood.pattern.W.single(a,b,n)
```

#### 2.4.3.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标

b—全林分林木的坐标

n—计算角尺度时选择相邻木的株数

#### 2.4.3.4 例：

####本例中，将选择物种 1 的 130 号树为参照树，分别选择 3 株、4 株、5 株、8 株相邻木，计算其角尺度并绘制角尺度图

```

plot.Neighbourhood.pattern.W.single(point.species1.130, point.species1_2,3)
plot.Neighbourhood.pattern.W.single(point.species1.130, point.species1_2,4)
plot.Neighbourhood.pattern.W.single(point.species1.130, point.species1_2,5)
plot.Neighbourhood.pattern.W.single(point.species1.130, point.species1_2,8)

```

####输出结果

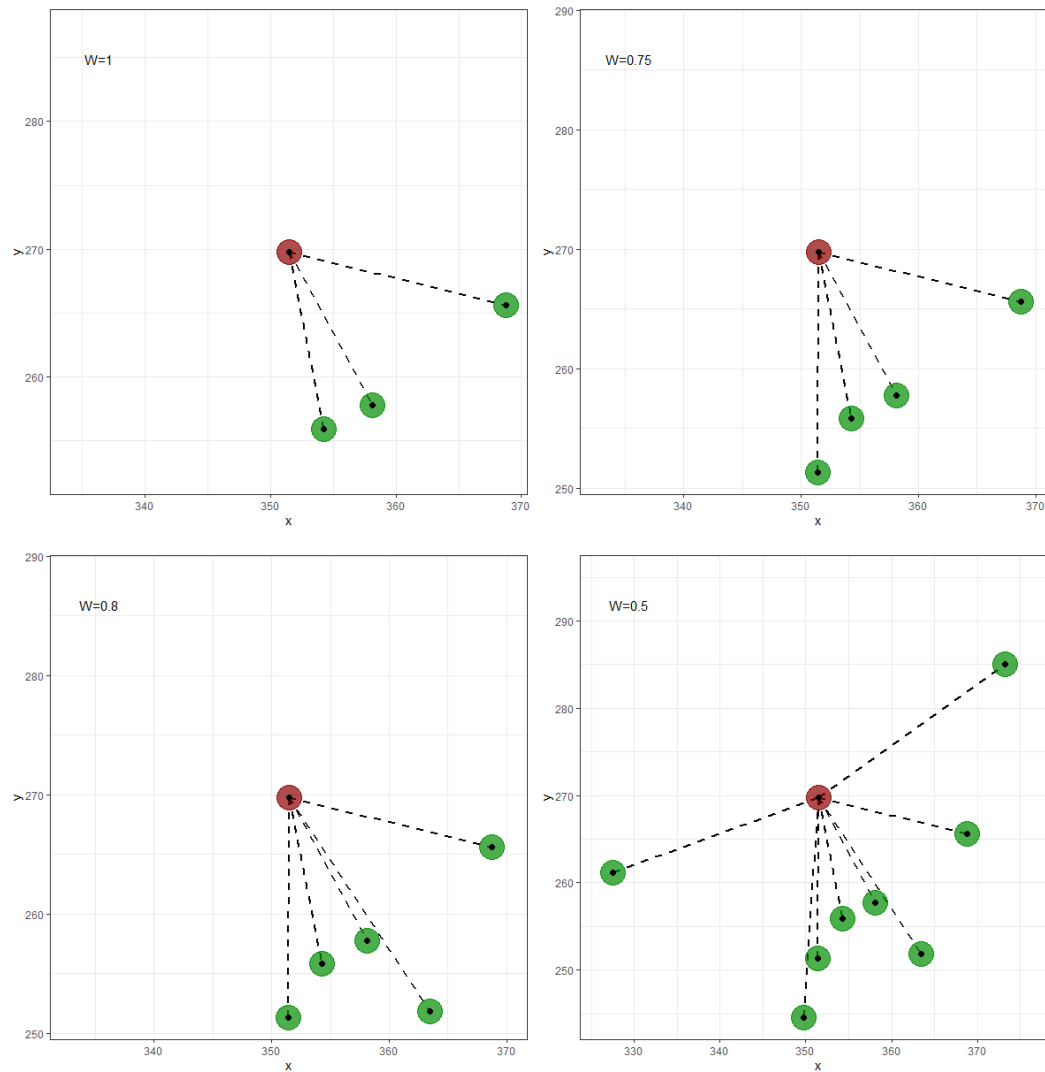


图 选择不同株数相邻木时物种 1 的 130 号林木角尺度图

## 2.4.4 计算全林分参照树的角尺度：

### 2.4.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，计算林分内物种 1 的角尺度。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标数据及全林分中各林木的坐标。

####数据形式如下

```
point.species1=species1[,1:2]####提取物种 1 的坐标
```

```
bou.point.species1=boundary.eff(point.species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应
```

```
bou.point.species1
```

####输出结果

	x	y
20	52.80	177.42
21	55.47	164.89
22	56.07	209.07
23	59.36	189.68
24	61.71	313.90
25	63.85	293.29
26	66.86	412.30
27	72.66	243.34
28	73.01	181.83
29	76.69	337.65
31	83.10	120.44

...

```
point.species1_2=species1_2[,1:2]####提取全林分各林木的位置信息
```

```
point.species1_2
```

####输出结果

	x	y
1	1.71	117.43
2	2.85	193.80
3	3.01	130.90
4	3.02	172.53
5	6.38	309.77
6	6.29	379.99
7	13.31	459.11
8	18.97	295.52
9	18.28	378.22

10	22.56	372.99
----	-------	--------

...

2.4.4.2 指令形式:

`Neighbourhood.pattern.W.mult(a,b,n)`

2.4.4.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标

b—全林分林木的坐标

n—计算角尺度时选择相邻木的株数

2.4.4.4 例:

####本例中，我们将林分中物种 1 各立木作为参照树，选择 4 株相邻木，计算其角尺度。

`Neighbourhood.pattern.W.mult(bou.point.species1,point.species1_2,4)`

####输出结果

	x	y	W
1	52.80	177.42	0.50
2	55.47	164.89	0.75
3	56.07	209.07	0.50
4	59.36	189.68	0.50
5	61.71	313.90	0.50
6	63.85	293.29	0.75
7	66.86	412.30	0.50
8	72.66	243.34	0.50
9	73.01	181.83	0.50
10	76.69	337.65	0.50

...

####输出结果中包含了各林木的坐标信息与角尺度



## 2.4.5 绘制全林分参照树角尺度图：

### 2.4.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，计算林分内物种 1 的角尺度，并绘制各立木的角尺度图。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标数据及全林分中各林木的坐标。

####数据形式如下

point.species1=species1[,1:2]####提取物种 1 的坐标

bou.point.species1=boundary.eff(point.species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.point.species1

####输出结果

	x	y
20	52.80	177.42
21	55.47	164.89
22	56.07	209.07
23	59.36	189.68
24	61.71	313.90
25	63.85	293.29
26	66.86	412.30
27	72.66	243.34
28	73.01	181.83
29	76.69	337.65
31	83.10	120.44

...

point.species1\_2=species1\_2[,1:2]####提取全林分各林木的位置信息

point.species1\_2

####输出结果

	x	y
1	1.71	117.43
2	2.85	193.80
3	3.01	130.90
4	3.02	172.53
5	6.38	309.77
6	6.29	379.99
7	13.31	459.11
8	18.97	295.52
9	18.28	378.22

10	22.56	372.99
----	-------	--------

...

2.4.5.2 指令形式：

```
plot.Neighbourhood.pattern.W.mult(a,b,n)
```

2.4.5.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标

b—全林分林木的坐标

n—计算角尺度时选择相邻木的株数

2.4.5.4 例：

####本例中，我们将林分中物种 1 各立木作为参照树，选择 4 株相邻木，计算其角尺度，并绘制林分水平的角尺度图。

```
plot.Neighbourhood.pattern.W.mult(bou.point.species1,point.species1_2,4)
```

####输出结果

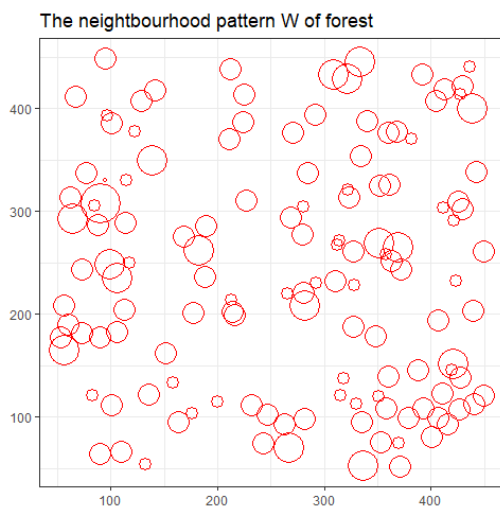


图 全林分物种 1 角尺度图

####上图中红圈中心位置标示林木分布的坐标，红圈直径标示该林木角尺度大小。

2.4.6 区分树种绘制全林分参照树角尺度图：

2.4.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 与物种 2 均作为参照树，分类计算林分内物种 1 的角尺度，并绘制各立木的角尺度图。所用数据包含消除边界效应后各林木及全林分中各林木的坐标与树种标签。

####数据形式如下

1	x	y	size	Species
2	1.71	117.43	1.26	SPECI1
3	2.85	193.8	1.29	SPECI1
4	3.01	130.9	1.32	SPECI1
5	3.02	172.53	1.32	SPECI1
6	6.38	309.77	1.39	SPECI1
7	6.29	379.99	0.18	SPECI1
8	13.31	459.11	2	SPECI1
9	18.97	295.52	1.13	SPECI1
10	18.28	378.22	0.69	SPECI1
11	22.56	372.99	0.77	SPECI1
12	26.23	419.2	1.6	SPECI1
13	27.27	371.74	0.8	SPECI1
14	28.45	245.59	2	SPECI1
15	28	407.15	1.6	SPECI1

注：（其中 size 列可省略，同时需保证列名与上图相同）

图 区分物种绘制全林分角尺度图.csv 数据格式

####上图为原始数据 dif.species1\_2 格式，在读入原始数据后，设置 50m 缓冲区，以消除边界效应

bou.dif.species1\_2=boundary.eff(dif.species1\_2,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.dif.species1\_2

####输出结果

	x	y	size	Species
20	52.80	177.42	0.41	SPECI1
21	55.47	164.89	0.41	SPECI1
22	56.07	209.07	1.60	SPECI1
23	59.36	189.68	0.01	SPECI1
24	61.71	313.90	1.20	SPECI1
25	63.85	293.29	0.80	SPECI1
26	66.86	412.30	2.00	SPECI1
27	72.66	243.34	2.00	SPECI1
28	73.01	181.83	0.41	SPECI1
29	76.69	337.65	1.60	SPECI1
31	83.10	120.44	1.60	SPECI1

...

2.4.6.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.W.dif_sp(a,b,n)`

2.4.6.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标

b—全林分林木的坐标

n—计算角尺度时选择相邻木的株数

2.4.6.4 例:

####本例中，我们将以 4 株相邻木构建基本结构单元，并区分树种，绘制全林分各参照木的角尺度图

`plot.Neighbourhood.pattern.W.dif_sp(bou.dif.species1_2, dif.species1_2,4)`

####输出结果



图 全林分区分物种的角尺度图

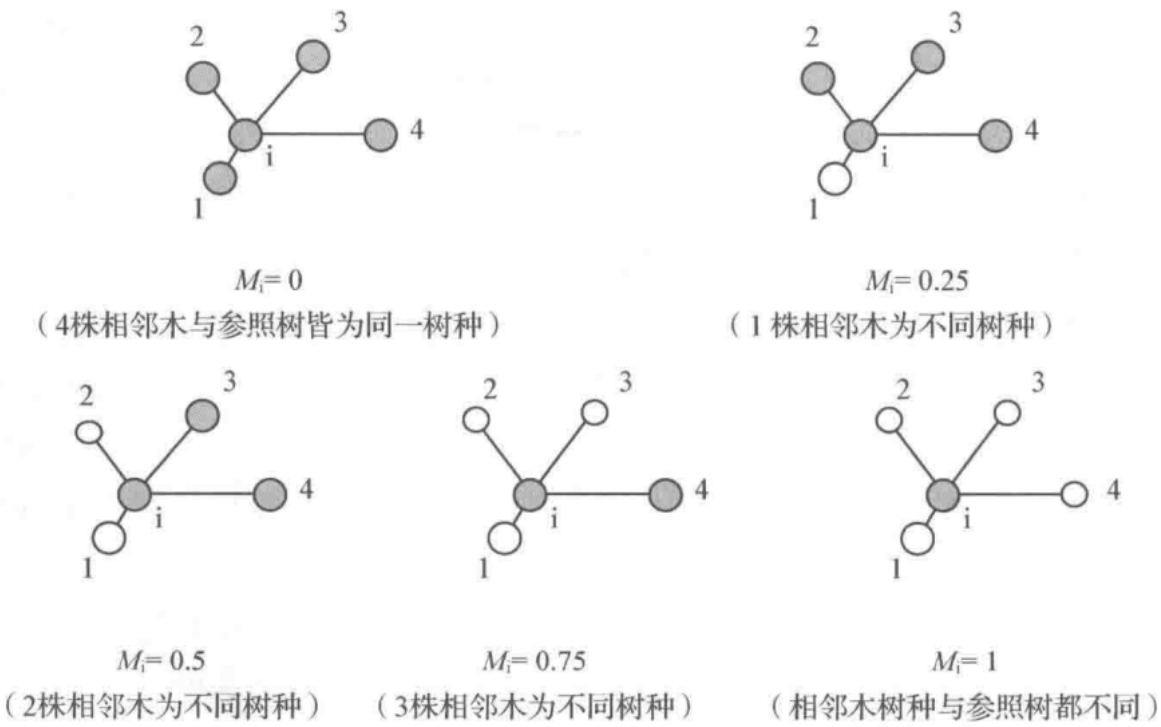
2.5 混交度：

2.5.1 理论背景：

混交度用以说明混交林中树种的空间隔离程度。定义为，结构单元中雨参照树同种的林木在全部相邻木中所占的比例。其公式为：

$$M_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n v_{ij} \quad M_i \in (0,1) \quad (5)$$

式(5)中，当参照树 i 与第 j 株相邻木为非同种时， $v_{ij}$  为 1；当相邻木 j 与参照树为同种时， $v_{ij}$  为 0。 $M_i$  为在 0—1 间取值的离散型随机变量，其取值为 0 代表参照树 i 的 n 株相邻木与参照均属同一树种；取值为 1 代表均属不同树种。常取 4 株相邻木计算参照树混交度，此时  $M_i$  有 1、0.75、0.5、0.25、0 五种取值，分别代表极强度混交、强度混交、中度混交、弱度混交及零度混交。



注：该图转引自慧刚盈等（2016）

图 混交度示意图

## 2.5.2 计算单一参照树的混交度：

### 2.5.2.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 130 号林木为参照树的混交度。所用数据包含物种 1 的 130 号林木的坐标、树种数据及全林分中各林木的坐标与树种数据。

####数据形式如下

```
dif.species1_2=dif.species1_2[,c(1,2,4)]
```

```
dif.species1_2
```

####输出结果

	x	y	Species
1	1.71	117.43	SPECI1
2	2.85	193.80	SPECI1
3	3.01	130.90	SPECI1
4	3.02	172.53	SPECI1
5	6.38	309.77	SPECI1
6	6.29	379.99	SPECI1
7	13.31	459.11	SPECI1
8	18.97	295.52	SPECI1
9	18.28	378.22	SPECI1
10	22.56	372.99	SPECI1

...

201	1.32	354.59	SPECI2
202	3.59	155.33	SPECI2
203	3.04	493.46	SPECI2
204	5.49	136.48	SPECI2
205	9.76	198.88	SPECI2
206	9.11	324.34	SPECI2
207	9.31	452.13	SPECI2
208	11.39	2.14	SPECI2
209	11.19	295.86	SPECI2
210	11.12	381.54	SPECI2

...

####提取物种 1 的数据

```
dif.species1=subset(dif.species1_2,Species=="SPECI1")
```

```
dif.species1
```

####输出结果

	x	y	Species
--	---	---	---------

1	1.71	117.43	SPECI1
2	2.85	193.80	SPECI1
3	3.01	130.90	SPECI1
4	3.02	172.53	SPECI1
5	6.38	309.77	SPECI1
6	6.29	379.99	SPECI1
7	13.31	459.11	SPECI1
8	18.97	295.52	SPECI1
9	18.28	378.22	SPECI1
10	22.56	372.99	SPECI1

...

####物种 1 第 130 号林木

dif.species1[130,]

####输出结果

	x	y	Species
130	351.46	269.77	SPECI1

2.5.2.2 指令形式:

Neighbourhood.pattern.M.single(a,b,n)

2.5.2.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及树种

b—全林分林木的坐标及树种

n—计算混交度时选择相邻木的株数

2.5.2.4 例:

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，计算 1 号物种的 130 号林木的混交度

Neighbourhood.pattern.M.single(dif.species1[130,],dif.species1\_2,4)

####输出结果

\$a

	x	y	Species
130	351.46	269.77	SPECI1

\$Neighbourhood

	x	y	Species
134	358.12	257.74	SPECI1
484	354.25	255.87	SPECI2
139	368.75	265.62	SPECI1
479	351.44	251.31	SPECI2

\$M

[1] 0.5



### 2.5.3 绘制单一参照木的混交度图：

#### 2.5.3.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 130 号林木为参照树的混交度，并绘制其混交度图。所用数据包含物种 1 的 130 号林木的坐标、树种数据及全林分中各林木的坐标与树种数据。

####数据形式如下

```
dif.species1_2=dif.species1_2[,c(1,2,4)]
```

```
dif.species1_2
```

####输出结果

	x	y	Species
1	1.71	117.43	SPECI1
2	2.85	193.80	SPECI1
3	3.01	130.90	SPECI1
4	3.02	172.53	SPECI1
5	6.38	309.77	SPECI1
6	6.29	379.99	SPECI1
7	13.31	459.11	SPECI1
8	18.97	295.52	SPECI1
9	18.28	378.22	SPECI1
10	22.56	372.99	SPECI1

...

201	1.32	354.59	SPECI2
202	3.59	155.33	SPECI2
203	3.04	493.46	SPECI2
204	5.49	136.48	SPECI2
205	9.76	198.88	SPECI2
206	9.11	324.34	SPECI2
207	9.31	452.13	SPECI2
208	11.39	2.14	SPECI2
209	11.19	295.86	SPECI2
210	11.12	381.54	SPECI2

...

####提取物种 1 的数据

```
dif.species1=subset(dif.species1_2,Species=="SPECI1")
```

```
dif.species1
```

####输出结果

	x	y	Species
1	1.71	117.43	SPECI1
2	2.85	193.80	SPECI1
3	3.01	130.90	SPECI1
4	3.02	172.53	SPECI1
5	6.38	309.77	SPECI1
6	6.29	379.99	SPECI1
7	13.31	459.11	SPECI1
8	18.97	295.52	SPECI1
9	18.28	378.22	SPECI1
10	22.56	372.99	SPECI1

...

####物种 1 第 130 号林木

dif.species1[130,]

####输出结果

	x	y	Species
130	351.46	269.77	SPECI1

2.5.3.2 指令形式:

plot.Neighbourhood.pattern.M.single(a,b,n)

2.5.3.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及树种

b—全林分林木的坐标及树种

n—计算混交度时选择相邻木的株数

2.5.3.4 例:

####本例中，我们将分别选择 3 株、4 株、5 株、8 株相邻木，计算物种 1 第 130 号参照树的混交度，并绘制其混交度图。

plot.Neighbourhood.pattern.M.single(dif.species1[130,],dif.species1\_2,3)

plot.Neighbourhood.pattern.M.single(dif.species1[130,],dif.species1\_2,4)

plot.Neighbourhood.pattern.M.single(dif.species1[130,],dif.species1\_2,5)

plot.Neighbourhood.pattern.M.single(dif.species1[130,],dif.species1\_2,8)

####输出结果

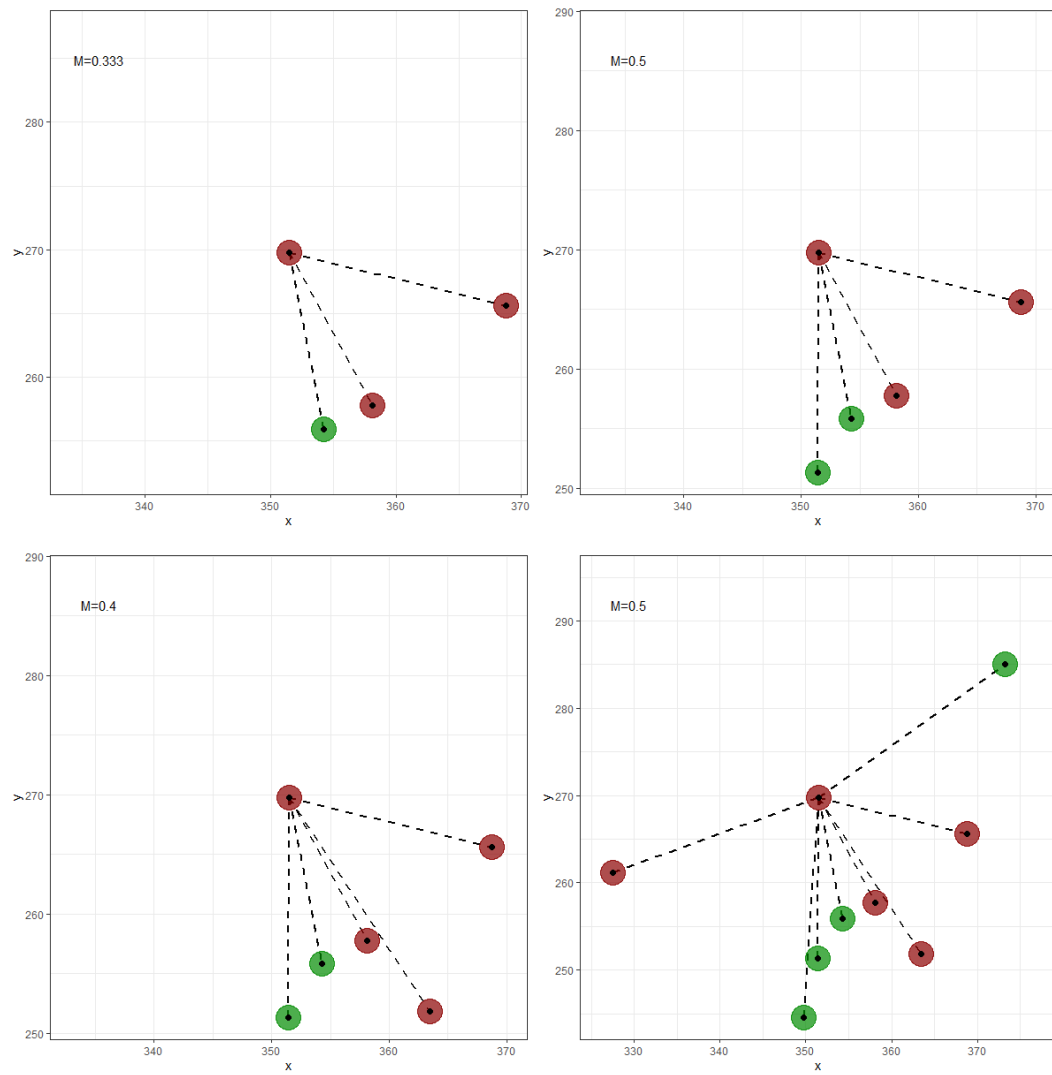


图 选择不同株数相邻木时物种 1 的 130 号林木混交度图

## 2.5.4 计算全林分参照树的混交度：

### 2.5.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，计算林分内物种 1 的混交度。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标、树种信息及全林分中各林木的坐标与树种。

####数据形式如下

```
dif.species1_2=dif.species1_2[,c(1,2,4)]
```

```
dif.species1_2
```

####输出结果

	x	y	Species
1	1.71	117.43	SPECI1
2	2.85	193.80	SPECI1
3	3.01	130.90	SPECI1
4	3.02	172.53	SPECI1
5	6.38	309.77	SPECI1
6	6.29	379.99	SPECI1
7	13.31	459.11	SPECI1
8	18.97	295.52	SPECI1
9	18.28	378.22	SPECI1
10	22.56	372.99	SPECI1

...

201	1.32	354.59	SPECI2
202	3.59	155.33	SPECI2
203	3.04	493.46	SPECI2
204	5.49	136.48	SPECI2
205	9.76	198.88	SPECI2
206	9.11	324.34	SPECI2
207	9.31	452.13	SPECI2
208	11.39	2.14	SPECI2
209	11.19	295.86	SPECI2
210	11.12	381.54	SPECI2

...

####提取物种 1 的数据

```
dif.species1=subset(dif.species1_2,Species=="SPECI1")
```

```
dif.species1= boundary.eff(dif.species1,0,500,0,500,50)####消除边界效应
```

```
dif.species1
```

####输出结果

	x	y	Species
20	52.80	177.42	SPECI1
21	55.47	164.89	SPECI1
22	56.07	209.07	SPECI1
23	59.36	189.68	SPECI1
24	61.71	313.90	SPECI1
25	63.85	293.29	SPECI1
26	66.86	412.30	SPECI1
27	72.66	243.34	SPECI1
28	73.01	181.83	SPECI1
29	76.69	337.65	SPECI1
31	83.10	120.44	SPECI1

...

2.5.4.2 指令形式:

`Neighbourhood.pattern.M.mult(a,b,n)`

2.5.4.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及树种

b—全林分林木的坐标及树种

n—计算混交度时选择相邻木的株数

2.5.4.4 例:

####本例中我们将在消除边界效应后，选择四株相邻木计算样地中物种 1 各林木的混交度

`Neighbourhood.pattern.M.mult(dif.species1,dif.species1_2,4)`

####输出结果

	x	y	Species	M
1	52.8	177.42	SPECI1	0.5
2	55.47	164.89	SPECI1	0.5
3	56.07	209.07	SPECI1	0.75
4	59.36	189.68	SPECI1	0.5
5	61.71	313.9	SPECI1	0.75
6	63.85	293.29	SPECI1	0.75
7	66.86	412.3	SPECI1	1
8	72.66	243.34	SPECI1	1
9	73.01	181.83	SPECI1	0.25
10	76.69	337.65	SPECI1	0.75

...

## 2.5.5 绘制全林分参照树的混交度图：

### 2.5.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，计算林分内物种 1 的混交度。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标、树种信息及全林分中各林木的坐标与树种。

####数据形式如下

```
dif.species1_2=dif.species1_2[,c(1,2,4)]
```

```
dif.species1_2
```

####输出结果

	x	y	Species
1	1.71	117.43	SPECI1
2	2.85	193.80	SPECI1
3	3.01	130.90	SPECI1
4	3.02	172.53	SPECI1
5	6.38	309.77	SPECI1
6	6.29	379.99	SPECI1
7	13.31	459.11	SPECI1
8	18.97	295.52	SPECI1
9	18.28	378.22	SPECI1
10	22.56	372.99	SPECI1

...

201	1.32	354.59	SPECI2
202	3.59	155.33	SPECI2
203	3.04	493.46	SPECI2
204	5.49	136.48	SPECI2
205	9.76	198.88	SPECI2
206	9.11	324.34	SPECI2
207	9.31	452.13	SPECI2
208	11.39	2.14	SPECI2
209	11.19	295.86	SPECI2
210	11.12	381.54	SPECI2

...

####提取物种 1 的数据

```
dif.species1=subset(dif.species1_2,Species=="SPECI1")
```

```
dif.species1= boundary.eff(dif.species1,0,500,0,500,50)####消除边界效应
```

```
dif.species1
```

####输出结果

	x	y	Species
20	52.80	177.42	SPECI1
21	55.47	164.89	SPECI1
22	56.07	209.07	SPECI1
23	59.36	189.68	SPECI1
24	61.71	313.90	SPECI1
25	63.85	293.29	SPECI1
26	66.86	412.30	SPECI1
27	72.66	243.34	SPECI1
28	73.01	181.83	SPECI1
29	76.69	337.65	SPECI1
31	83.10	120.44	SPECI1

...

2.5.5.2 指令形式：

`plot.Neighbourhood.pattern.M.mult(a,b,n)`

2.5.5.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及树种

b—全林分林木的坐标及树种

n—计算混交度时选择相邻木的株数

2.5.5.4 例：

####本例中我们将在消除边界效应后，选择四株相邻木计算样地中物种 1 各林木的混交度,并绘制林分尺度的混交度图

`plot.Neighbourhood.pattern.M.mult(dif.species1,dif.species1_2,4)`

####输出结果



图 全林分物种 1 混交度图

#### R 包 Neighbourhood.pattern 中的绘图功能均基于 ggplot2 包开发，因此可以根据其语法对成图进行美化，以下将以上图为例，添加样地边界与样地缓冲区界线

```
p= plot.Neighbourhood.pattern.M.mult(dif.species1,dif.species1_2,4)
p=p+geom_vline(xintercept = c(50,450),linetype=2)+geom_hline(yintercept=c(50,450),linetype=2)
p=p+scale_x_continuous(expand= c(0, 50))+scale_y_continuous(expand= c(0, 50))
p
```

####输出结果



图 添加样地边界与缓冲区的全林分物种 1 混交度图



## 2.5.6 区分物种绘制全林分参照树的混交度图：

### 2.5.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区以消除边界效应，计算林分内物种 1 与物种 2 各立木的混交度。所用数据包含消除边界效应后物种 1 与物种 2 各林木的坐标、树种信息及全林分中各林木的坐标与树种。

####数据形式如下

```
dif.species1_2=dif.species1_2[,c(1,2,4)]
```

```
dif.species1_2
```

####输出结果

	x	y	Species
1	1.71	117.43	SPECI1
2	2.85	193.80	SPECI1
3	3.01	130.90	SPECI1
4	3.02	172.53	SPECI1
5	6.38	309.77	SPECI1
6	6.29	379.99	SPECI1
7	13.31	459.11	SPECI1
8	18.97	295.52	SPECI1
9	18.28	378.22	SPECI1
10	22.56	372.99	SPECI1

...

201	1.32	354.59	SPECI2
202	3.59	155.33	SPECI2
203	3.04	493.46	SPECI2
204	5.49	136.48	SPECI2
205	9.76	198.88	SPECI2
206	9.11	324.34	SPECI2
207	9.31	452.13	SPECI2
208	11.39	2.14	SPECI2
209	11.19	295.86	SPECI2
210	11.12	381.54	SPECI2

...

####设置缓冲区以消除边界效应

```
bou.dif.species1_2= boundary.eff(dif.species1_2,0,500,0,500,50)####消除边界效应
```

```
bou.dif.species1_2
```

####输出结果

	x	y	Species
20	52.80	177.42	SPECI1
21	55.47	164.89	SPECI1
22	56.07	209.07	SPECI1
23	59.36	189.68	SPECI1
24	61.71	313.90	SPECI1
25	63.85	293.29	SPECI1
26	66.86	412.30	SPECI1
27	72.66	243.34	SPECI1
28	73.01	181.83	SPECI1
29	76.69	337.65	SPECI1
31	83.10	120.44	SPECI1

...

239	50.17	231.19	SPECI2
240	52.05	229.90	SPECI2
241	54.10	329.75	SPECI2
242	54.91	440.25	SPECI2
243	56.36	210.01	SPECI2
244	56.12	434.79	SPECI2
245	59.49	177.92	SPECI2
246	60.49	201.99	SPECI2
247	62.28	374.98	SPECI2
248	63.53	407.83	SPECI2

...

2.5.6.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.M.dif_spe(a,b,n)`

2.5.6.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及树种

b—全林分林木的坐标及树种

n—计算混交度时选择相邻木的株数

2.5.6.4 例:

####本例中我们将在消除边界效应后, 选择四株相邻木计算样地中物种 1 及物种 2 的各林木的混交度,并绘制林分尺度的混交度图

`plot.Neighbourhood.pattern.M.dif_spe(bou.dif.species1_2,dif.species1_2,4)`

####输出结果

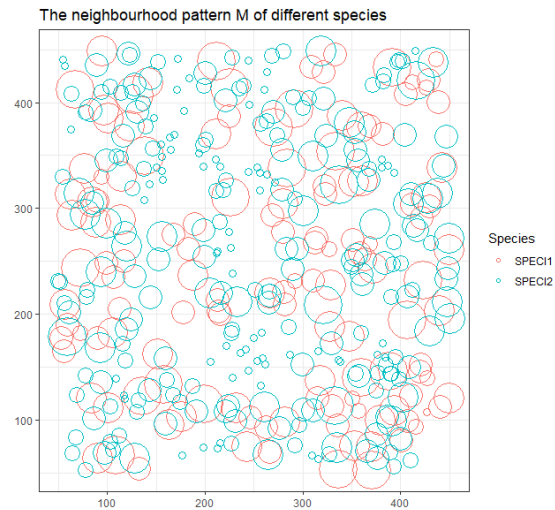


图 全林分区分物种的混交度图

####添加样地边界与缓冲区

```
p= plot.Neighbourhood.pattern.M.dif_spe(bou.dif.species1_2,dif.species1_2,4)
p=p+geom_vline(xintercept = c(50,450),linetype=2)+geom_hline(yintercept =c(50,450),linetype=2)
p=p+scale_x_continuous(expand= c(0, 50))+scale_y_continuous(expand= c(0, 50))
p
```

####输出结果

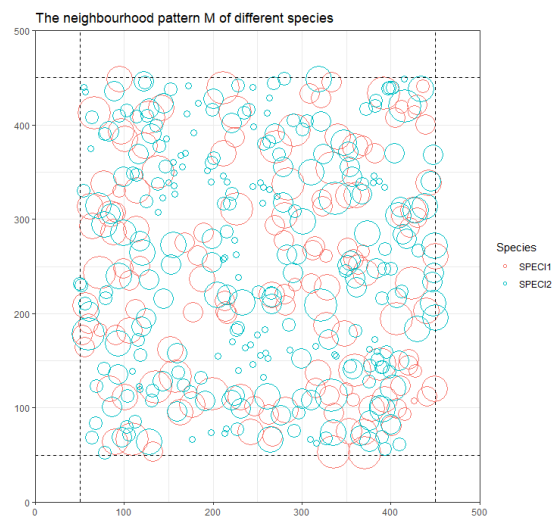


图 添加边界与缓冲区的全林分区分物种混交度图

2.6 大小比：

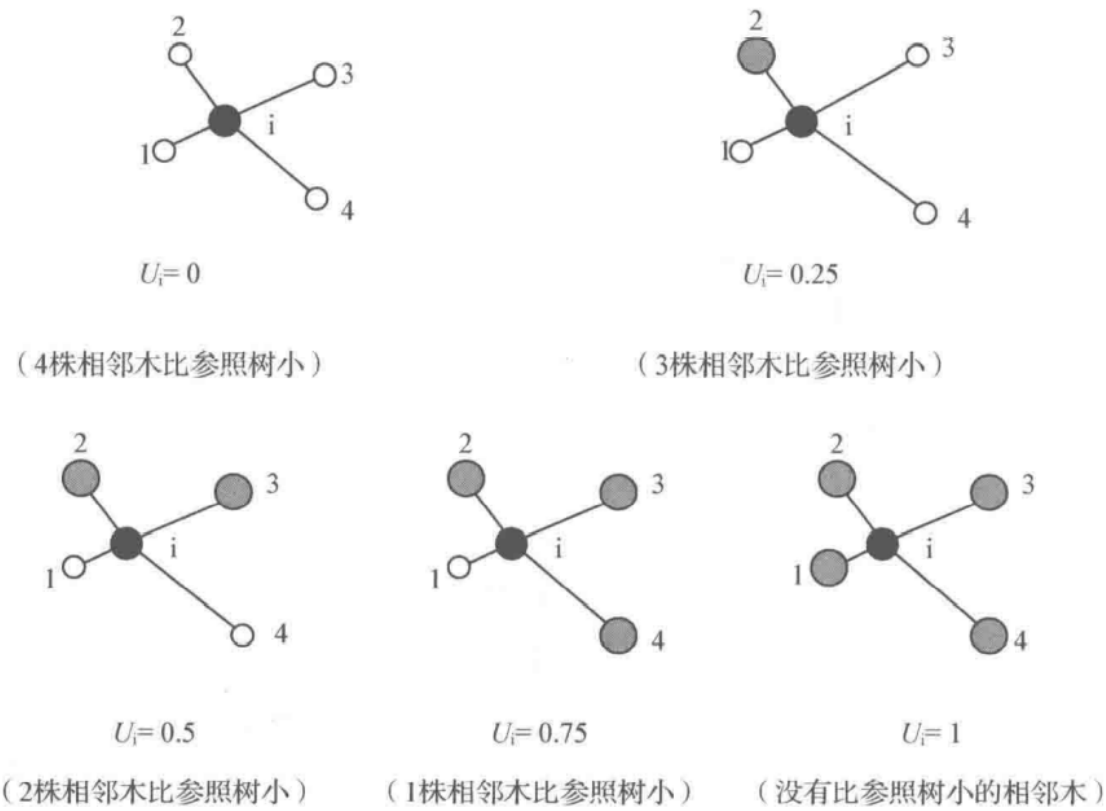
2.6.1 理论背景：

结构参数大小比用以表示结构单元中，大于参照树烦人相邻木在全部相邻木中所占的比例。参照树与相邻木间的比较可选取胸径、树高、冠幅、生物量等指标。其公式为：

$$U_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n k_{ij} \quad U_i \in (0,1) \quad (6)$$

上式中，若相邻木 j 大于参照树 i， $k_{ij}$  为 1；若相邻木 j 不大于参照树 i， $k_{ij}$  为 0。大小比取值为 0—1 之间，其值越低说明大于参照树的相邻木越少。

林分中不同树种大小比的均值可以反映树种在林分中的优势程度，树种的大小比均值越小，则该树种在某一比较指标(胸径、树高、冠幅等)上越优先。



注：该图转引自慧刚盈等（2016）

图 大小比示意图

## 2.6.2 计算单一参照树的大小比：

### 2.6.2.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 130 号林木为参照树的大小比。所用数据包含物种 1 的 130 号林木的坐标与体量数据及全林分中各林木的坐标与体量。

####数据形式如下

####物种 1 第 130 立木

species1[130,]

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

####其他林木坐标与体量

Species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	1.26
2	2.85	193.80	1.29
3	3.01	130.90	1.32
4	3.02	172.53	1.32
5	6.38	309.77	1.39
6	6.29	379.99	0.18
7	13.31	459.11	2.00
8	18.97	295.52	1.13
9	18.28	378.22	0.69
10	22.56	372.99	0.77

...

### 2.6.2.2 指令形式：

Neighbourhood.pattern.U.single(a,b,n)

### 2.6.2.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及体量

b—全林分林木的坐标及体量

n—计算大小比时选择相邻木的株数

### 2.6.2.4 例：

####本例中，将选取 4 株相邻木，计算物种 1 第 130 号林木的大小比

Neighbourhood.pattern.U.single(species1[130,],species1\_2,4)

####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	0.41

#### \$Neighbourhood

	x	y	Size
134	358.12	257.74	0.41
484	354.25	255.87	0.01
139	368.75	265.62	0.41
479	351.44	251.31	0.80

#### \$U

[1] 0.25

### 2.6.3 绘制单一参照树的大小比图：

#### 2.6.3.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 130 号林木为参照树的大小比，并绘制其大小比图。所用数据包含物种 1 的 130 号林木的坐标与体量数据及全林分中各林木的坐标与体量。

####数据形式如下

####物种 1 第 130 立木

species1[130,]

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

####其他林木坐标与体量

Species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	1.26
2	2.85	193.80	1.29
3	3.01	130.90	1.32
4	3.02	172.53	1.32
5	6.38	309.77	1.39
6	6.29	379.99	0.18
7	13.31	459.11	2.00
8	18.97	295.52	1.13
9	18.28	378.22	0.69
10	22.56	372.99	0.77

...

#### 2.6.3.2 指令形式：

plot.Neighbourhood.pattern.U.single(a,b,n)

#### 2.6.2.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及体量

b—全林分林木的坐标及体量

n—计算大小比时选择相邻木的株数

#### 2.6.3.4 例：

####本例中，将分别选取 3 株、4 株、5 株、8 株相邻木，绘制物种 1 第 130 号林木的大小比图

plot.Neighbourhood.pattern.U.single(species1[130,],species1\_2,3)

plot.Neighbourhood.pattern.U.single(species1[130,],species1\_2,4)

```
plot.Neighbourhood.pattern.U.single(species1[130,],species1_2,5)
```

```
plot.Neighbourhood.pattern.U.single(species1[130,],species1_2,8)
```

####输出结果

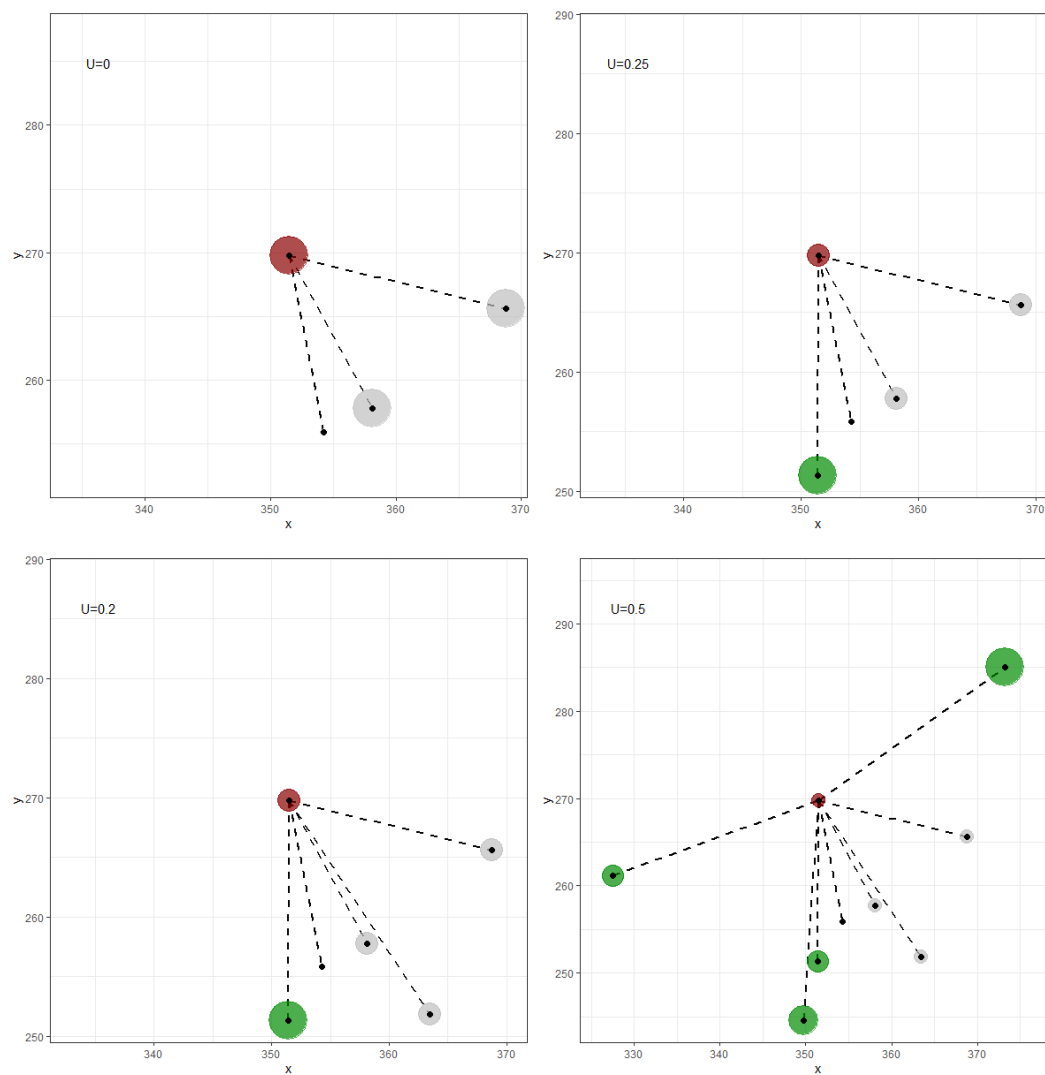


图 选择不同株数相邻木时物种 1 第 130 号林木大小比图



## 2.6.4 计算全林分参照树的大小比：

### 2.6.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，计算物种各立木的大小比。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标与体量数据及全林分中各林木的坐标与体量。

####数据形式如下

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	1.26
2	2.85	193.80	1.29
3	3.01	130.90	1.32
4	3.02	172.53	1.32
5	6.38	309.77	1.39
6	6.29	379.99	0.18
7	13.31	459.11	2.00
8	18.97	295.52	1.13
9	18.28	378.22	0.69
10	22.56	372.99	0.77

...

####消除边界效应的物种 1 数据

bou.species1= boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0.41
21	55.47	164.89	0.41
22	56.07	209.07	1.60
23	59.36	189.68	0.01
24	61.71	313.90	1.20
25	63.85	293.29	0.80
26	66.86	412.30	2.00
27	72.66	243.34	2.00
28	73.01	181.83	0.41
29	76.69	337.65	1.60

...

#### 2.6.4.2 指令形式:

Neighbourhood.pattern.U.mult(a,b,n)

#### 2.6.4.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及体量

b—全林分林木的坐标及体量

n—计算大小比时选择相邻木的株数

#### 2.6.4.4 例:

####本例中，我们将选取 4 株相邻木，在去除边界效应后计算样地中物种 1 各立木的大小比

Neighbourhood.pattern.U.mult(bou.species1,species1\_2,4)

####输出结果

	x	y	size	U
1	52.80	177.42	0.41	0.50
2	55.47	164.89	0.41	0.50
3	56.07	209.07	1.60	0.00
4	59.36	189.68	0.01	0.75
5	61.71	313.90	1.20	0.25
6	63.85	293.29	0.80	0.50
7	66.86	412.30	2.00	0.00
8	72.66	243.34	2.00	0.00
9	73.01	181.83	0.41	0.25
10	76.69	337.65	1.60	0.00

... ..

## 2.6.5 绘制全林分参照树的大小比图：

### 2.6.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，计算物种 1 各立木的大小比，并绘制林分尺度大小比图。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标与体量数据及全林分中各林木的坐标与体量。

####数据形式如下

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	1.26
2	2.85	193.80	1.29
3	3.01	130.90	1.32
4	3.02	172.53	1.32
5	6.38	309.77	1.39
6	6.29	379.99	0.18
7	13.31	459.11	2.00
8	18.97	295.52	1.13
9	18.28	378.22	0.69
10	22.56	372.99	0.77

...

####消除边界效应的物种 1 数据

bou.species1= boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0.41
21	55.47	164.89	0.41
22	56.07	209.07	1.60
23	59.36	189.68	0.01
24	61.71	313.90	1.20
25	63.85	293.29	0.80
26	66.86	412.30	2.00
27	72.66	243.34	2.00
28	73.01	181.83	0.41
29	76.69	337.65	1.60

...

2.6.5.2 指令形式：

```
plot.Neighbourhood.pattern.U.mult(a,b,n)
```

2.6.5.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及体量

b—全林分林木的坐标及体量

n—计算大小比时选择相邻木的株数

2.6.5.4 例：

####本例中，在消除边界效应后，将物种 1 的各林木作为参照树，选取 4 株相邻木计算各参照树的大小比，并绘制林分尺度大小比图

```
plot.Neighbourhood.pattern.U.mult(bou.species1,species1_2,4)
```

####输出结果

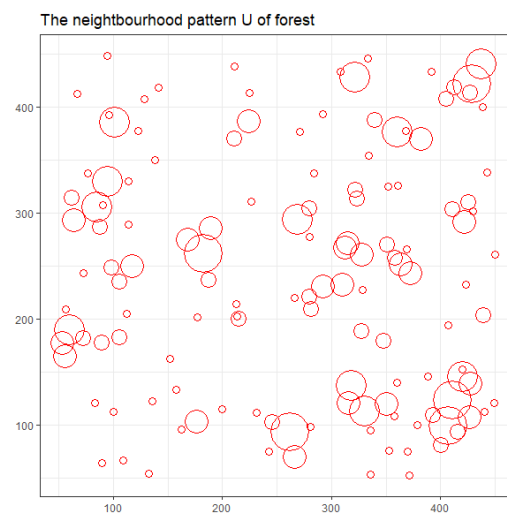


图 全林分物种 1 大小比图

## 2.6.6 区分树种绘制全林分大小比图：

### 2.6.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，计算样地中各立木的大小比，并绘制林分尺度大小比图。所用数据包含消除边界效应后各林木的坐标与体量数据与全林分中各林木的坐标与体量。

####数据形式如下

dif.species1\_2

####输出结果

	x	y	size	Species
1	1.71	117.43	1.26	SPECI1
2	2.85	193.80	1.29	SPECI1
3	3.01	130.90	1.32	SPECI1
4	3.02	172.53	1.32	SPECI1
5	6.38	309.77	1.39	SPECI1
6	6.29	379.99	0.18	SPECI1
7	13.31	459.11	2.00	SPECI1
8	18.97	295.52	1.13	SPECI1
9	18.28	378.22	0.69	SPECI1
10	22.56	372.99	0.77	SPECI1
11	26.23	419.20	1.60	SPECI1

...

201	1.32	354.59	2.00	SPECI2
202	3.59	155.33	1.34	SPECI2
203	3.04	493.46	2.00	SPECI2
204	5.49	136.48	0.80	SPECI2
205	9.76	198.88	1.49	SPECI2
206	9.11	324.34	1.49	SPECI2
207	9.31	452.13	1.49	SPECI2
208	11.39	2.14	2.00	SPECI2
209	11.19	295.86	1.04	SPECI2
210	11.12	381.54	0.08	SPECI2

...

####建立缓冲区以消除边界效应

bou.dif.species1\_2= boundary.eff(dif.species1\_2,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边缘效应

bou.dif.species1\_2

####输出结果

	x	y	size	Species
20	52.80	177.42	0.41	SPECI1
21	55.47	164.89	0.41	SPECI1
22	56.07	209.07	1.60	SPECI1
23	59.36	189.68	0.01	SPECI1
24	61.71	313.90	1.20	SPECI1
25	63.85	293.29	0.80	SPECI1
26	66.86	412.30	2.00	SPECI1
27	72.66	243.34	2.00	SPECI1
28	73.01	181.83	0.41	SPECI1
29	76.69	337.65	1.60	SPECI1

...

239	50.17	231.19	2.00	SPECI2
240	52.05	229.90	1.60	SPECI2
241	54.10	329.75	1.60	SPECI2
242	54.91	440.25	2.00	SPECI2
243	56.36	210.01	1.60	SPECI2
244	56.12	434.79	2.00	SPECI2
245	59.49	177.92	0.01	SPECI2
246	60.49	201.99	1.20	SPECI2
247	62.28	374.98	2.00	SPECI2
248	63.53	407.83	1.60	SPECI2

...

2.6.6.2 指令形式：

`plot.Neighbourhood.pattern.U.dif_sp(a,b,n)`

2.6.6.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及体量

b—全林分林木的坐标及体量

n—计算大小比时选择相邻木的株数

2.6.6.4 例：

####本例中，在消除边界效应后，将全部林木作为参照树，选取 4 株相邻木计算各参照树的大小比，并绘制林分尺度大小比图

`plot.Neighbourhood.pattern.U.dif_sp(bou.dif.species1_2,dif.species1_2,4)`

####输出结果

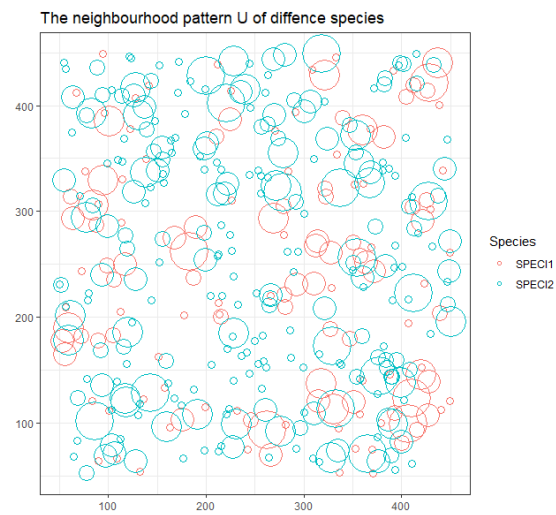


图 区分物种的全林分大小比图

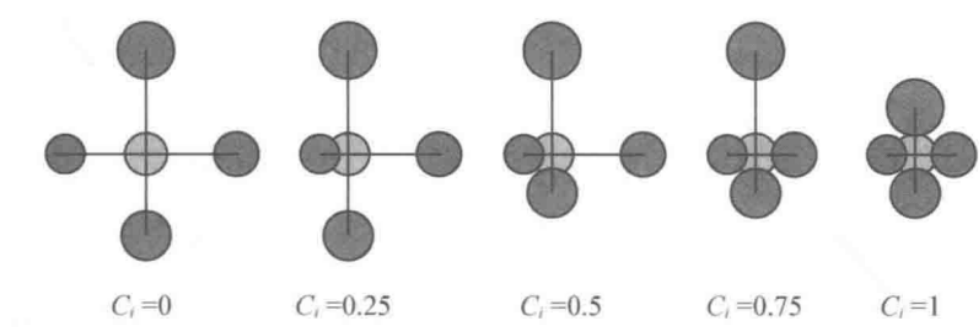
2.7 密集度：

2.7.1 理论背景：

密集度的定义为参照树与其所处的基本结构单元中的相邻木中树冠连接的株数与全部相邻木的比例。其中，树冠连接指参照树与相邻木的树冠水平投影重叠，包括全部或部分重叠，而树冠水平投影相切或相对独立不属于连接。密集度计算公式为：

$$C_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n y_{ij} \quad C_i \in (0,1) \quad (7)$$

其中，当参照树 i 与相邻木 j 的树冠投影重叠时， $y_{ij}$  为 1；当树冠投影相切或彼此分离时， $y_{ij}$  为 0。密集度通过判断林分空间结构单元中的树冠连接程度分析林木疏密程度，同时包含了一定的竞争信息。参照木的密集度越高，其所处结构单元中树冠越密集，林木间竞争越为激烈；反之，林木树冠间存在缝隙，各林木的空间生态位竞争趋于缓和。



注：该图转引自慧刚盈等（2016）

图 密集度示意图



## 2.7.2 计算单一参照树的密集度:

### 2.7.2.1 示例数据:

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据, 计算物种 1 中 100 号林木为参照树的密集度。将物种 1 与物种 2 的体量乘 6 作为冠幅。所用数据包含物种 1 的 100 号林木的坐标与冠幅数据及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

species1[,3]=species1[,3]\*6

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*6

####物种 1 第 100 号林木信息

species1[100,]

####输出结果

	x	y	size
100	281.05	97.91	9.6

####size 为冠幅

####全林分林木信息

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	7.56
2	2.85	193.80	7.74
3	3.01	130.90	7.92
4	3.02	172.53	7.92
5	6.38	309.77	8.34
6	6.29	379.99	1.08
7	13.31	459.11	12.00
8	18.97	295.52	6.78
9	18.28	378.22	4.14
10	22.56	372.99	4.62
...			

### 2.7.2.2 指令形式:

Neighbourhood.pattern.C.single(a,b,n)

### 2.7.2.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

n—计算密集度时选择相邻木的株数

### 2.7.2.4 例:

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，计算物种 1 的第 100 号林木的密集度

```
Neighbourhood.pattern.C.single(species1[100,],species1_2,4)
```

####输出结果

\$a

	x	y	size
100	281.05	97.91	9.6

\$Neighbourhood

	x	y	distance	size
431	276.14	92.52	7.291104	7.2
445	296.53	94.98	15.754850	9.6
91	262.34	93.15	19.306002	4.8
447	300.27	110.11	22.765070	9.6

\$C

[1] 0.25

### 2.7.3 绘制单一参照树的密集度图：

#### 2.7.2.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 100、110、120 及 130 号林木为参照树的密集度，并绘制密集度图。将物种 1 与物种 2 的体量乘 6 作为冠幅。所用数据包含物种 1 的 100、110、120 及 130 号林木的坐标与冠幅及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

species1[,3]=species1[,3]\*6

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*6

####物种 1 第 100 号林木信息

species1[100,]

####输出结果

	x	y	size
100	281.05	97.91	9.6

####物种 1 第 110 号林木信息

species1[110,]

####输出结果

	x	y	size
110	314.37	271.61	7.2

####物种 1 第 120 号林木信息

species1[120,]

####输出结果

	x	y	size
120	330.29	112.84	4.8

####物种 1 第 130 号林木信息

species1[130,]

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	2.46

####全林分林木信息

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	7.56
2	2.85	193.80	7.74
3	3.01	130.90	7.92

4	3.02	172.53	7.92
5	6.38	309.77	8.34
6	6.29	379.99	1.08
7	13.31	459.11	12.00
8	18.97	295.52	6.78
9	18.28	378.22	4.14
10	22.56	372.99	4.62
..			

2.7.3.2 指令形式：

`plot.Neighbourhood.pattern.C.single(a,b,n)`

2.7.3.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

n—计算密集度时选择相邻木的株数

2.7.3.4 例：

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，计算物种 1 的第 100、110、120、130 号林木的密集度，并绘制密集度图

`plot.Neighbourhood.pattern.C.single(species1[100,],species1_2,4)`

`plot.Neighbourhood.pattern.C.single(species1[110,],species1_2,4)`

`plot.Neighbourhood.pattern.C.single(species1[120,],species1_2,4)`

`plot.Neighbourhood.pattern.C.single(species1[130,],species1_2,4)`

####输出结果

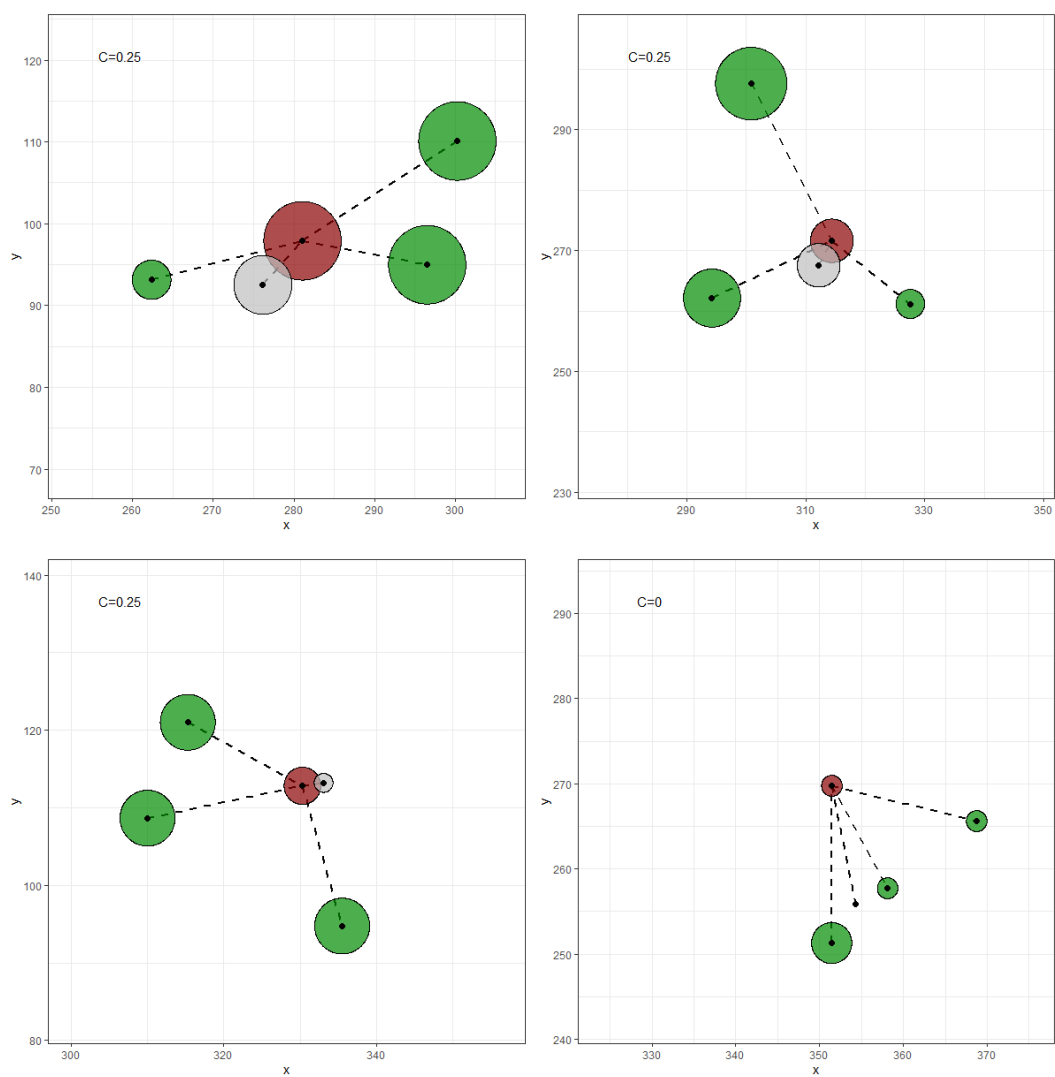


图 物种 1 第 100、110、120、130 号林木密集度图

## 2.7.4 计算全林分参照树的密集度：

### 2.7.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，将物种 1 与物种 2 的体量乘 6 作为冠幅。以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，计算林分内物种 1 的密集度。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标、冠幅信息及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

```
boundary.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####消除边界效应
```

```
boundary.species1[,3]= boundary.species1[,3]*6
```

```
species1_2[,3]=species1_2[,3]*6
```

####消除边界效应后物种 1 的林木信息

```
boundary.species1
```

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	2.46
21	55.47	164.89	2.46
22	56.07	209.07	9.60
23	59.36	189.68	0.06
24	61.71	313.90	7.20
25	63.85	293.29	4.80
26	66.86	412.30	12.00
27	72.66	243.34	12.00
28	73.01	181.83	2.46

...

####全林分林木信息

```
species1_2
```

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	7.56
2	2.85	193.80	7.74
3	3.01	130.90	7.92
4	3.02	172.53	7.92
5	6.38	309.77	8.34
6	6.29	379.99	1.08
7	13.31	459.11	12.00
8	18.97	295.52	6.78
9	18.28	378.22	4.14

10	22.56	372.99	4.62
----	-------	--------	------

...

2.7.4.2 指令形式:

`Neighbourhood.pattern.C.mult(a,b,n)`

2.7.4.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

n—计算密集度时选择相邻木的株数

2.7.4.4 例:

####本例中，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，我们将物种 1 各林木作为参照树，选择 4 株相邻木计算物种 1 各林木的密集度

`Neighbourhood.pattern.C.mult(boundary.species1,species1_2,4)`

####输出结果

	x	y	C
1	52.80	177.42	0.00
2	55.47	164.89	0.00
3	56.07	209.07	0.50
4	59.36	189.68	0.00
5	61.71	313.90	0.00
6	63.85	293.29	0.00
7	66.86	412.30	0.25
8	72.66	243.34	0.00
9	73.01	181.83	0.00
10	76.69	337.65	0.00

...

## 2.7.5 绘制全林分参照树的密集度图：

### 2.7.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，将物种 1 与物种 2 的体量乘 6 作为冠幅。以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，计算林分内物种 1 的密集度，并绘制林分尺度的密集度图。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标、冠幅信息及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

boundary.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####消除边界效应

boundary.species1[,3]= boundary.species1[,3]\*6

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*6

####消除边界效应后物种 1 的林木信息

boundary.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	2.46
21	55.47	164.89	2.46
22	56.07	209.07	9.60
23	59.36	189.68	0.06
24	61.71	313.90	7.20
25	63.85	293.29	4.80
26	66.86	412.30	12.00
27	72.66	243.34	12.00
28	73.01	181.83	2.46
...			

####全林分林木信息

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	7.56
2	2.85	193.80	7.74
3	3.01	130.90	7.92
4	3.02	172.53	7.92
5	6.38	309.77	8.34
6	6.29	379.99	1.08
7	13.31	459.11	12.00
8	18.97	295.52	6.78



9	18.28	378.22	4.14
10	22.56	372.99	4.62
...			

2.7.5.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.C.mult(a,b,n)`

2.7.5.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

n—计算密集度时选择相邻木的株数

2.7.5.4 例:

####本例中，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，我们将物种 1 各林木作为参照树，选择 4 株相邻木计算物种 1 各林木的密集度，并绘制林分尺度密集度图

`plot.Neighbourhood.pattern.C.mult(boundary.species1,species1_2,4)`

####输出结果

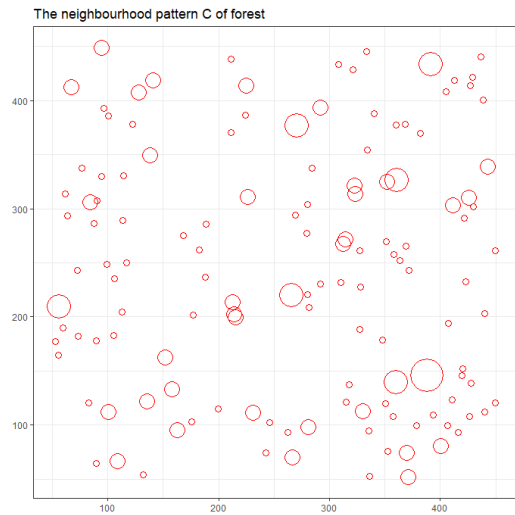


图 全林分物种 1 密集度图

## 2.7.6 区分物种绘制参照树的密集度图：

### 2.7.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，将样地中各林木的体量乘 6 作为冠幅。以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 与物种 2 均作为目的树种，计算林分内各林木的密集度，并绘制林分尺度的密集度图。所用数据包含消除边界效应后各林木的坐标、冠幅信息及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

dif.species1\_2[,3]=dif.species1\_2[,3]\*6

bou.dif.species1\_2=boundary.eff(dif.species1\_2,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边缘效应

####消除边界效应后的林木信息

bou.dif.species1\_2

####输出结果

	x	y	size	Species
20	52.80	177.42	2.46	SPECI1
21	55.47	164.89	2.46	SPECI1
22	56.07	209.07	9.60	SPECI1
23	59.36	189.68	0.06	SPECI1
24	61.71	313.90	7.20	SPECI1
25	63.85	293.29	4.80	SPECI1
26	66.86	412.30	12.00	SPECI1
27	72.66	243.34	12.00	SPECI1
28	73.01	181.83	2.46	SPECI1
29	76.69	337.65	9.60	SPECI1
31	83.10	120.44	9.60	SPECI1

...

239	50.17	231.19	12.00	SPECI2
240	52.05	229.90	9.60	SPECI2
241	54.10	329.75	9.60	SPECI2
242	54.91	440.25	12.00	SPECI2
243	56.36	210.01	9.60	SPECI2
244	56.12	434.79	12.00	SPECI2
245	59.49	177.92	0.06	SPECI2
246	60.49	201.99	7.20	SPECI2
247	62.28	374.98	12.00	SPECI2
248	63.53	407.83	9.60	SPECI2

...

####全林分林木信息

dif.species1\_2

####输出结果

	x	y	size	Species
1	1.71	117.43	7.56	SPECI1
2	2.85	193.80	7.74	SPECI1
3	3.01	130.90	7.92	SPECI1
4	3.02	172.53	7.92	SPECI1
5	6.38	309.77	8.34	SPECI1
6	6.29	379.99	1.08	SPECI1
7	13.31	459.11	12.00	SPECI1
8	18.97	295.52	6.78	SPECI1
9	18.28	378.22	4.14	SPECI1
10	22.56	372.99	4.62	SPECI1
...				
201	1.32	354.59	12.00	SPECI2
202	3.59	155.33	8.04	SPECI2
203	3.04	493.46	12.00	SPECI2
204	5.49	136.48	4.80	SPECI2
205	9.76	198.88	8.94	SPECI2
206	9.11	324.34	8.94	SPECI2
207	9.31	452.13	8.94	SPECI2
208	11.39	2.14	12.00	SPECI2
209	11.19	295.86	6.24	SPECI2
210	11.12	381.54	0.48	SPECI2
...				

2.7.6.2 指令形式：

plot.Neighbourhood.pattern.C.dif\_sp(a,b,n)

2.7.6.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

n—计算密集度时选择相邻木的株数

2.7.6.4 例：

####本例中，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，我们将物种 1 与物种 2 各林木作为参照树，选择 4 株相邻木，计算各林木的密集度，并绘制林分尺度密集度图

plot.Neighbourhood.pattern.C.dif\_sp(bou.dif.species1\_2,dif.species1\_2,4)

####输出结果

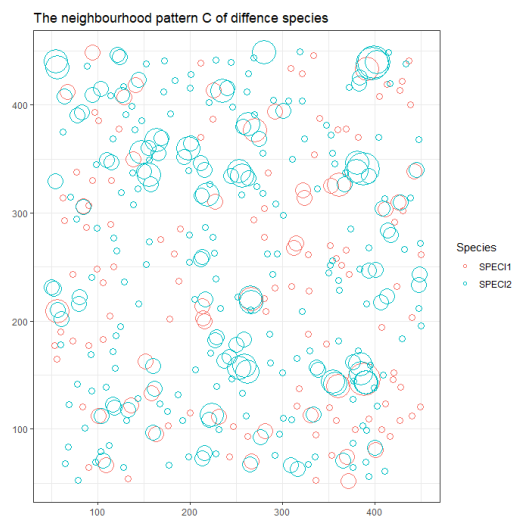


图 区分物种的全林分密集度图

2.8 加权密集度:

2.8.1 理论背景:

密集度是能反应林木竞争强度的结构指标，而若在计算密集度时考虑不同林木的水平分布格局，即以结构单元中相邻木相对于参照树的位置关系反应水平方向空间生态位空缺，则密集度的计算公式如下，可将之称为加权密集度：

$$C_{wei_i} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n y_{ij} \lambda_{w_i} \quad C_{wei_i} \in (0,1) \quad (8)$$

慧刚盈给出了选择四株相邻木构建结构单元时不同角尺度取值对应的不同格局权重因子得分，权重因子得分代表参照树周围林木竞争方向的多寡，当 $W_i$ 为0， $\lambda_{w_i}$ 为1，林木竞争来源于4个方位；当 $W_i$ 为0.25， $\lambda_{w_i}$ 为0.75，林木竞争来源于3个方位；当 $W_i$ 为0.5， $\lambda_{w_i}$ 为0.5，林木竞争来源于2个方位；当 $W_i$ 为0.75， $\lambda_{w_i}$ 为0.375，林木竞争方位>1但<2；当 $W_i$ 为1， $\lambda_{w_i}$ 为0.25，林木竞争方位为1。

角尺度 $W_i$	密集度 $C_i$					格局权重 因子 $\lambda_{w_i}$
	0	0.25	0.5	0.75	1	
0						1
0.25						0.75
0.5						0.5
0.75						0.375
1						0.25

注：该图转引自慧刚盈等（2016）

图 计算加权密集度时不同角尺度对应权重值

## 2.8.2 计算单一参照树的加权密集度：

### 2.8.2.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 100 号林木为参照树的加权密集度。将物种 1 与物种 2 的体量乘 6 作为冠幅。所用数据包含物种 1 的 100 号林木的坐标与冠幅数据及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

species1[,3]=species1[,3]\*6

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*6

####物种 1 第 100 号林木信息

species1[100,]

####输出结果

	x	y	size
100	281.05	97.91	9.6

####size 为冠幅

####全林分林木信息

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	7.56
2	2.85	193.80	7.74
3	3.01	130.90	7.92
4	3.02	172.53	7.92
5	6.38	309.77	8.34
6	6.29	379.99	1.08
7	13.31	459.11	12.00
8	18.97	295.52	6.78
9	18.28	378.22	4.14
10	22.56	372.99	4.62
...			

### 2.8.2.2 指令形式：

Neighbourhood.pattern.Wei\_C.single(a,b)

### 2.8.2.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

### 2.8.2.4 例：

####本例中，将计算物种 1 的第 100 号林木的加权密集度

```
Neighbourhood.pattern.Wei_C.single(species1[100,],species1_2)
```

```
####输出结果
```

```
$a
```

	x	y	size
100	281.05	97.91	9.6

```
$Neighbourhood
```

	x	y	distance	size
431	276.14	92.52	7.291104	7.2
445	296.53	94.98	15.754850	9.6
91	262.34	93.15	19.306002	4.8
447	300.27	110.11	22.765070	9.6

```
$C
```

```
[1] 0.25
```

```
$W
```

```
[1] 0.5
```

```
$Wei_C
```

```
[1] 0.125
```

```
####结果中，C为密集度、W为角尺度、Wei_C为加权密集度
```

### 2.8.3 绘制单一参照树的加权密集度图：

#### 2.8.2.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算物种 1 中 100、110、120 及 130 号林木为参照树的加权密集度，并绘制加权密集度图。将物种 1 与物种 2 的体量乘 6 作为冠幅。所用数据包含物种 1 的 100、110、120 及 130 号林木的坐标与冠幅及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

species1[,3]=species1[,3]\*6

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*6

####物种 1 第 100 号林木信息

species1[100,]

####输出结果

	x	y	size
100	281.05	97.91	9.6

####物种 1 第 110 号林木信息

species1[110,]

####输出结果

	x	y	size
110	314.37	271.61	7.2

####物种 1 第 120 号林木信息

species1[120,]

####输出结果

	x	y	size
120	330.29	112.84	4.8

####物种 1 第 130 号林木信息

species1[130,]

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	2.46

####全林分林木信息

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	7.56
2	2.85	193.80	7.74
3	3.01	130.90	7.92



4	3.02	172.53	7.92
5	6.38	309.77	8.34
6	6.29	379.99	1.08
7	13.31	459.11	12.00
8	18.97	295.52	6.78
9	18.28	378.22	4.14
10	22.56	372.99	4.62
...			

2.8.3.2 指令形式：

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_C.single(a,b)`

2.8.4.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

2.8.3.4 例：

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，计算物种 1 的第 100、110、120、130 号林木的加权密集度，并绘制加权密集度图

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_C.single(species1[100,],species1_2)`

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_C.single(species1[110,],species1_2)`

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_C.single(species1[120,],species1_2)`

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_C.single(species1[130,],species1_2)`

####输出结果

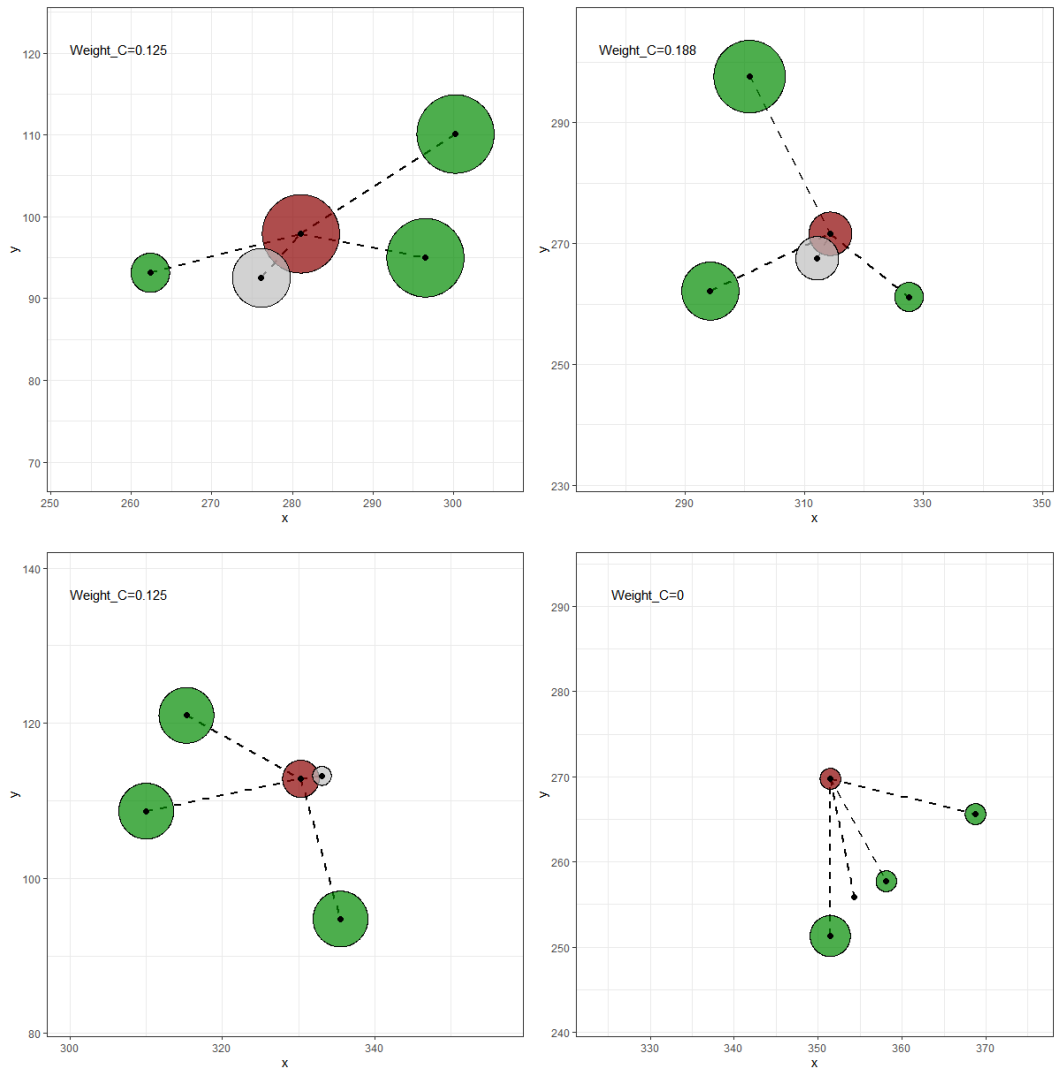


图 物种 1 第 100、110、120、130 号林木加权密集度图

## 2.8.4 计算全林分参照树的加权密集度：

### 2.8.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，将物种 1 与物种 2 的体量乘 6 作为冠幅。以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，计算林分内物种 1 的加权密集度。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标、冠幅信息及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

```
boundary.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####消除边界效应
```

```
boundary.species1[,3]= boundary.species1[,3]*6
```

```
species1_2[,3]=species1_2[,3]*6
```

####消除边界效应后物种 1 的林木信息

```
boundary.species1
```

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	2.46
21	55.47	164.89	2.46
22	56.07	209.07	9.60
23	59.36	189.68	0.06
24	61.71	313.90	7.20
25	63.85	293.29	4.80
26	66.86	412.30	12.00
27	72.66	243.34	12.00
28	73.01	181.83	2.46

...

####全林分林木信息

```
species1_2
```

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	7.56
2	2.85	193.80	7.74
3	3.01	130.90	7.92
4	3.02	172.53	7.92
5	6.38	309.77	8.34
6	6.29	379.99	1.08
7	13.31	459.11	12.00
8	18.97	295.52	6.78
9	18.28	378.22	4.14

10	22.56	372.99	4.62
----	-------	--------	------

...

2.8.4.2 指令形式:

`Neighbourhood.pattern.Wei_C.mult(a,b)`

2.7.4.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

2.8.4.4 例:

####本例中，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，我们将物种 1 各林木作为参照树，计算物种 1 各林木的加权密集度

`Neighbourhood.pattern.Wei_C.mult(boundary.species1,species1_2)`

####输出结果

	x	y	Wei_C
1	52.80	177.42	0.00000
2	55.47	164.89	0.00000
3	56.07	209.07	0.18750
4	59.36	189.68	0.00000
5	61.71	313.90	0.00000
6	63.85	293.29	0.00000
7	66.86	412.30	0.09375
8	72.66	243.34	0.00000
9	73.01	181.83	0.00000
10	76.69	337.65	0.00000

...

## 2.8.5 绘制全林分参照树的加权密集度图：

### 2.8.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，将物种 1 与物种 2 的体量乘 6 作为冠幅。以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 作为目的树种，计算林分内物种 1 的加权密集度，并绘制林分尺度的加权密集度图。所用数据包含消除边界效应后物种 1 各林木的坐标、冠幅信息及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

boundary.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####消除边界效应

boundary.species1[,3]= boundary.species1[,3]\*6

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*6

####消除边界效应后物种 1 的林木信息

boundary.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	2.46
21	55.47	164.89	2.46
22	56.07	209.07	9.60
23	59.36	189.68	0.06
24	61.71	313.90	7.20
25	63.85	293.29	4.80
26	66.86	412.30	12.00
27	72.66	243.34	12.00
28	73.01	181.83	2.46

...

####全林分林木信息

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	7.56
2	2.85	193.80	7.74
3	3.01	130.90	7.92
4	3.02	172.53	7.92
5	6.38	309.77	8.34
6	6.29	379.99	1.08
7	13.31	459.11	12.00
8	18.97	295.52	6.78

9	18.28	378.22	4.14
10	22.56	372.99	4.62
...			

2.8.5.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern. Wei_C.mult(a,b)`

2.8.5.3 参数意义:

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

2.8.5.4 例:

####本例中，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，我们将物种 1 各林木作为参照树，算物种 1 各林木的加权密集度，并绘制林分尺度加权密集度图

`plot.Neighbourhood.pattern. Wei_C.mult(boundary.species1,species1_2)`

####输出结果

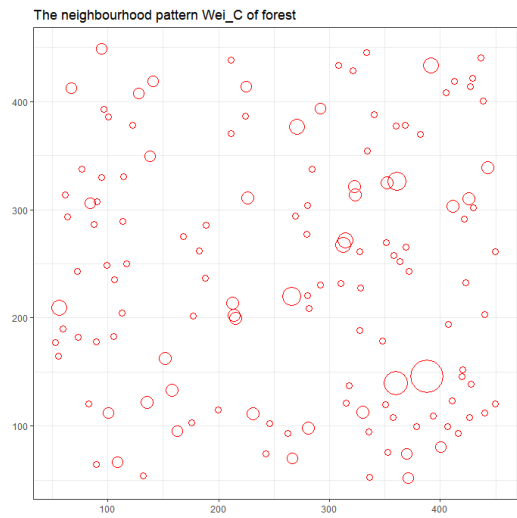


图 全林分物种 1 加权密集度图

## 2.8.6 区分物种绘制参照树的加权密集度图：

### 2.8.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，将样地中各林木的体量乘 6 作为冠幅。以 50m 为缓冲区以消除边界效应，将物种 1 与物种 2 均作为目的树种，计算林分内各林木的加权密集度，并绘制林分尺度的加权密集度图。所用数据包含消除边界效应后各林木的坐标、冠幅信息及全林分中各林木的坐标与冠幅。

####数据形式如下

dif.species1\_2[,3]=dif.species1\_2[,3]\*6

bou.dif.species1\_2=boundary.eff(dif.species1\_2,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边缘效应

####消除边界效应后的林木信息

bou.dif.species1\_2

####输出结果

	x	y	size	Species
20	52.80	177.42	2.46	SPECI1
21	55.47	164.89	2.46	SPECI1
22	56.07	209.07	9.60	SPECI1
23	59.36	189.68	0.06	SPECI1
24	61.71	313.90	7.20	SPECI1
25	63.85	293.29	4.80	SPECI1
26	66.86	412.30	12.00	SPECI1
27	72.66	243.34	12.00	SPECI1
28	73.01	181.83	2.46	SPECI1
29	76.69	337.65	9.60	SPECI1
31	83.10	120.44	9.60	SPECI1
...				
239	50.17	231.19	12.00	SPECI2
240	52.05	229.90	9.60	SPECI2
241	54.10	329.75	9.60	SPECI2
242	54.91	440.25	12.00	SPECI2
243	56.36	210.01	9.60	SPECI2
244	56.12	434.79	12.00	SPECI2
245	59.49	177.92	0.06	SPECI2
246	60.49	201.99	7.20	SPECI2
247	62.28	374.98	12.00	SPECI2
248	63.53	407.83	9.60	SPECI2
...				

####全林分林木信息

dif.species1\_2

####输出结果

	x	y	size	Species
1	1.71	117.43	7.56	SPECI1
2	2.85	193.80	7.74	SPECI1
3	3.01	130.90	7.92	SPECI1
4	3.02	172.53	7.92	SPECI1
5	6.38	309.77	8.34	SPECI1
6	6.29	379.99	1.08	SPECI1
7	13.31	459.11	12.00	SPECI1
8	18.97	295.52	6.78	SPECI1
9	18.28	378.22	4.14	SPECI1
10	22.56	372.99	4.62	SPECI1

...

201	1.32	354.59	12.00	SPECI2
202	3.59	155.33	8.04	SPECI2
203	3.04	493.46	12.00	SPECI2
204	5.49	136.48	4.80	SPECI2
205	9.76	198.88	8.94	SPECI2
206	9.11	324.34	8.94	SPECI2
207	9.31	452.13	8.94	SPECI2
208	11.39	2.14	12.00	SPECI2
209	11.19	295.86	6.24	SPECI2
210	11.12	381.54	0.48	SPECI2

...

2.8.6.2 指令形式：

plot.Neighbourhood.pattern.Wei\_C.dif\_sp(a,b)

2.8.6.3 参数意义：

a—选定参照树的坐标及冠幅

b—全林分林木的坐标及冠幅

2.8.6.4 例：

####本例中，在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，我们将物种 1 与物种 2 各林木作为参照树，计算各林木的加权密集度，并绘制林分尺加权重度密集度图

plot.Neighbourhood.pattern.Wei\_C.dif\_sp(bou.dif.species1\_2,dif.species1\_2)



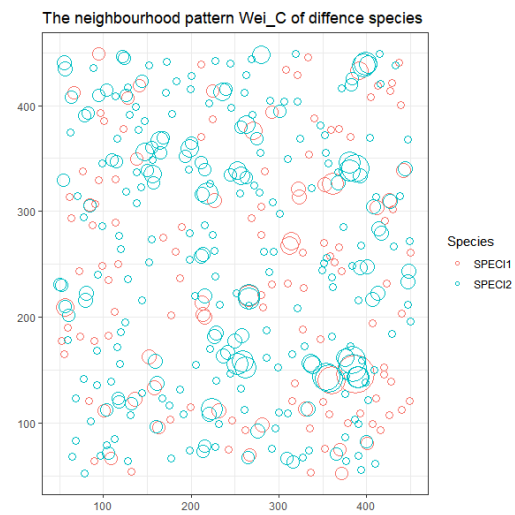


图 区分物种的全林分加权密集度图

## 2.9 邻体模式开敞度：

### 2.9.1 理论背景：

开敞度可以反应林下任意位点的光环境，其定义为从林下任意样点到以样点为中心的四个象限最近的四株相邻上层林木的水平距离与该株上层林木高度比值的累积求和。指标可以较为简单的描述林下任意位点的开阔状态与光环境，是良好的森林经理参考指标。而“结构化森林经营”体系是一种可综合多种经营目标的森林经营决策体现。笔者团队将开敞度引入“结构化森林经营”体系，以反映结构单元中参照树所处坐标或虚拟参照树所处坐标的特定高度的光环境。在此，将引入“结构化森林经营”体系的开敞度称为“邻体模式开敞度”，其定义为参照树或虚拟参照树（如模拟林冠下幼苗位置）与结构单元中上层林木的水平距离与该株上层林木和参照树间的高度差的比值标准化后的累积求和。其计算公式如下：

$$K_{nei_i} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n k_j = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n stand \left( \frac{d_j}{(h_j - h_0)} \right) \quad K_{nei_i} \in (0,1) \quad (9)$$

$$\text{if } h_j < h_0 \quad k_j = \frac{d_j / (h_j - h_0)}{d_j / (h_j - h_0) + 1} \quad k_j \in (0,1)$$

$$\text{else} \quad k_j = 1 \quad (10)$$

上式中， $K_{nei_i}$ 为邻体模式开敞度； $d_j$ 为参照树与第j株相邻木间的水平距离； $h_j$ 为第j株相邻木的树高； $h_0$ 由研究目的决定，可以为0以反映参照树所处位置地表的开阔程度、可以为特定林层的高度上限、亦可为参照树的树高，以反映参照树的受光情况。

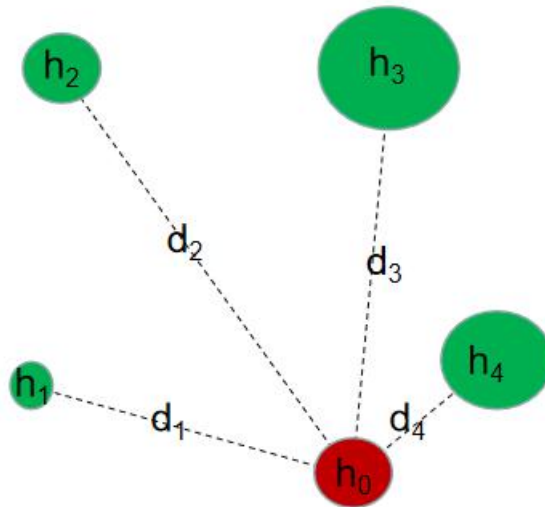


图 结构单元开敞度示意图

## 2.9.2 计算单一参照树的邻体模式开敞度：

### 2.9.2.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定参照树顶端与其所处位置地表的邻体模式开敞度。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的邻体模式开敞度。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

spl\_130top=species1[130,]

spl\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

spl\_130bottom= spl\_130top

spl\_130bottom[,3]=0

spl\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.9.2.2 指令形式：

Neighbourhood.pattern.K.single(a,b,n)

2.9.2.3 参数意义：

a—需要计算邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.9.2.4 例：

#####本例中，我们将选择 4 株相邻木，将物种 1 第 130 号林木作为参照树，计算其顶部与基部的邻体模式开敞度

#####计算顶部邻体模式开敞度

Neighbourhood.pattern.K.single(sp1\_130top,species1\_2,4)

#####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

\$Neighbourhood

	x	Y	Size	Distance	Size_dif	
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	NA	
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	NA	
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	NA	
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	7.8	

\$Neighbourhood\_pattern\_K

[1] 0.9257426

#####计算基部的邻体模式开敞度

Neighbourhood.pattern.K.single(sp1\_130bottom,species1\_2,4)

#####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

\$Neighbourhood

	x	Y	Size	Distance	Size_dif	
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	8.2	
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	0.2	
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	8.2	

479	351.44	251.31	16.0	18.46001	16.0	
-----	--------	--------	------	----------	------	--

\$Neighbourhood\_pattern\_K

[1] 0.7081502

### 2.9.3 绘制单一参照树的邻体模式开敞度图：

#### 2.9.3.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定参照树顶端与其所处位置地表的邻体模式开敞度，并绘制开敞度图。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的邻体模式开敞度，并绘制邻体模式开敞度图。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

sp1\_130top=species1[130,]

sp1\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

sp1\_130bottom= sp1\_130top

sp1\_130bottom[,3]=0

sp1\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.9.3.2 指令形式:

```
plot.Neighbourhood.pattern.K.single(a,b,n)
```

### 2.9.3.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

### 2.9.3.4 例:

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，将物种 1 第 130 号林木作为参照树，计算其顶部与基部的邻体模式开敞度，并绘制其邻体模式开敞度图

```
plot.Neighbourhood.pattern.K.single(sp1_130top,species1_2,4)
```

```
plot.Neighbourhood.pattern.K.single(sp1_130bottom,species1_2,4)
```

####输出结果

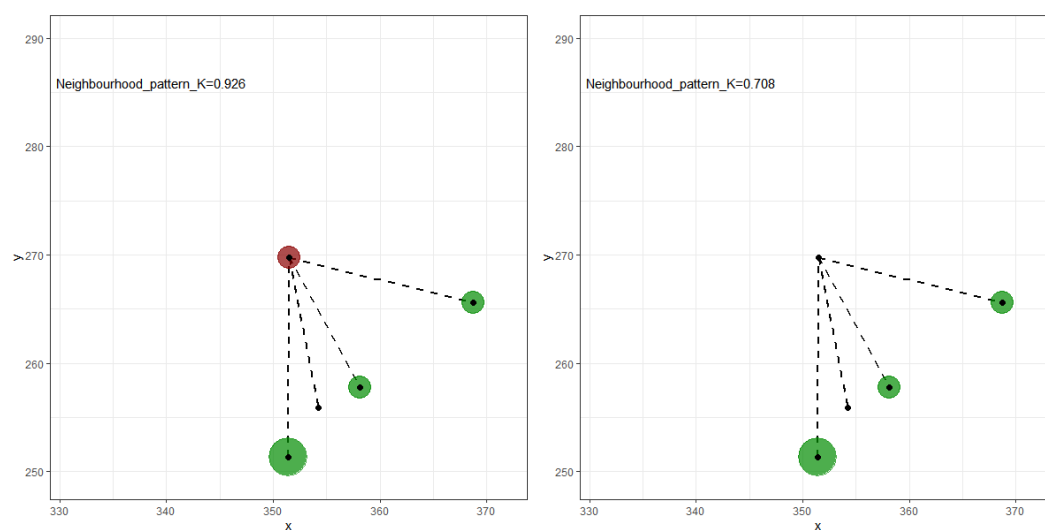


图 物种 1 第 130 号林木顶端与基部邻体模式开敞度图

## 2.9.4 计算全林分参照树的邻体模式开敞度：

### 2.9.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式开敞度。所用数据包含物种 1 的分布坐标数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=0####将物种 1 林木所在位置的高程调整为 0，代表地表

bou.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0
21	55.47	164.89	0
22	56.07	209.07	0
23	59.36	189.68	0
24	61.71	313.90	0
25	63.85	293.29	0
26	66.86	412.30	0
27	72.66	243.34	0
28	73.01	181.83	0
29	76.69	337.65	0

...

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4



...

2.9.4.2 指令形式:

Neighbourhood.pattern.K.mult (a,b,n)

2.9.4.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.9.4.4 例:

####本例中，将选择 4 株相邻木，以 50m 为缓冲区消除变界效应，计算物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式开敞度

Neighbourhood.pattern.K.mult(boundary.species1,species1\_2,4)

####输出结果

	x	y	Size	Neighbourhood_pattern_K
1	52.80	177.42	0	0.5999259
2	55.47	164.89	0	0.6447859
3	56.07	209.07	0	0.3890805
4	59.36	189.68	0	0.6524624
5	61.71	313.90	0	0.4462889
6	63.85	293.29	0	0.5408303
7	66.86	412.30	0	0.3331238
8	72.66	243.34	0	0.4121952
9	73.01	181.83	0	0.7777680
10	76.69	337.65	0	0.4722275

...

## 2.9.5 绘制全林分参照树的邻体模式开敞度图：

### 2.9.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式开敞度，并绘制林分尺度的邻体模式开敞度图。所用数据包含物种 1 的分布坐标数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=0####将物种 1 林木所在位置的高程调整为 0，代表地表

bou.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0
21	55.47	164.89	0
22	56.07	209.07	0
23	59.36	189.68	0
24	61.71	313.90	0
25	63.85	293.29	0
26	66.86	412.30	0
27	72.66	243.34	0
28	73.01	181.83	0
29	76.69	337.65	0
...			

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

2.9.5.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.K.mult(a,b,n)`

2.9.5.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.9.5.4 例:

####本例中，将选择 4 株相邻木，以 50m 为缓冲区消除变界效应，计算物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式开敞度，并绘制全林分水平邻体模式开敞度图

`plot.Neighbourhood.pattern.K.mult(boundary.species1,species1_2,4)`

####输出结果

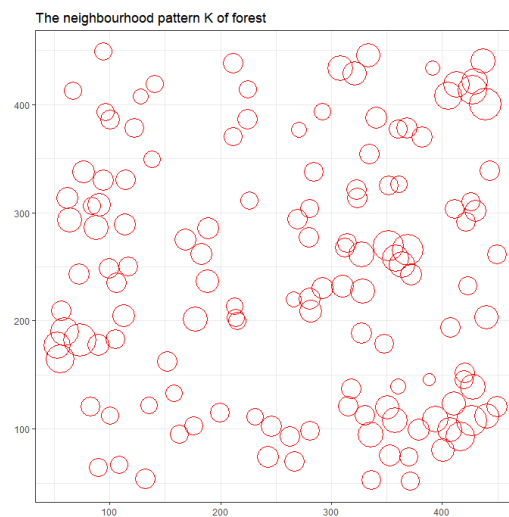


图 全林分物种 1 邻体模式开敞度图

## 2.9.6 区分物种绘制参照树的邻体模式开敞度图：

### 2.9.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 与物种 2 各林木顶端的邻体模式开敞度，并绘制林分尺度的邻体模式开敞度图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高及消除边界效应后其余林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

dif.species1\_2[,3]=dif.species1\_2[,3]\*20####将体量乘 20 作为树高

bou.dif.species1\_2= boundary.eff(dif.species1\_2,0,500,0,500,50)

bou.dif.species1\_2####消除边界效应后的林木信息

####输出结果

	x	y	size	Species
20	52.80	177.42	8.2	SPECI1
21	55.47	164.89	8.2	SPECI1
22	56.07	209.07	32.0	SPECI1
23	59.36	189.68	0.2	SPECI1
24	61.71	313.90	24.0	SPECI1
25	63.85	293.29	16.0	SPECI1
26	66.86	412.30	40.0	SPECI1
27	72.66	243.34	40.0	SPECI1
28	73.01	181.83	8.2	SPECI1
29	76.69	337.65	32.0	SPECI1
...				
239	50.17	231.19	40.0	SPECI2
240	52.05	229.90	32.0	SPECI2
241	54.10	329.75	32.0	SPECI2
242	54.91	440.25	40.0	SPECI2
243	56.36	210.01	32.0	SPECI2
244	56.12	434.79	40.0	SPECI2
245	59.49	177.92	0.2	SPECI2
246	60.49	201.99	24.0	SPECI2
247	62.28	374.98	40.0	SPECI2
248	63.53	407.83	32.0	SPECI2
...				

dif.species1\_2####林地中全部林木信息

####输出结果

	x	y	size	Species
1	1.71	117.43	25.2	SPECI1
2	2.85	193.80	25.8	SPECI1
3	3.01	130.90	26.4	SPECI1
4	3.02	172.53	26.4	SPECI1
5	6.38	309.77	27.8	SPECI1
6	6.29	379.99	3.6	SPECI1
7	13.31	459.11	40.0	SPECI1
8	18.97	295.52	22.6	SPECI1
9	18.28	378.22	13.8	SPECI1
10	22.56	372.99	15.4	SPECI1
...				
201	1.32	354.59	40.0	SPECI2
202	3.59	155.33	26.8	SPECI2
203	3.04	493.46	40.0	SPECI2
204	5.49	136.48	16.0	SPECI2
205	9.76	198.88	29.8	SPECI2
206	9.11	324.34	29.8	SPECI2
207	9.31	452.13	29.8	SPECI2
208	11.39	2.14	40.0	SPECI2
209	11.19	295.86	20.8	SPECI2
210	11.12	381.54	1.6	SPECI2
...				

2.9.6.2 指令形式：

`plot.Neighbourhood.pattern.K.dif_sp (a,b,n)`

2.9.6.3 参数意义：

a—需要计算邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.9.6.4 例：

####本例中，我们将在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，选择 4 株相邻木构建结构单元，并计算样地内各林木顶端的邻体模式开敞度，并区分物种绘制邻体模式开敞度图

`plot.Neighbourhood.pattern.K.dif_sp (bou.dif.species1_2, dif.species1_2,4)`

####输出结果

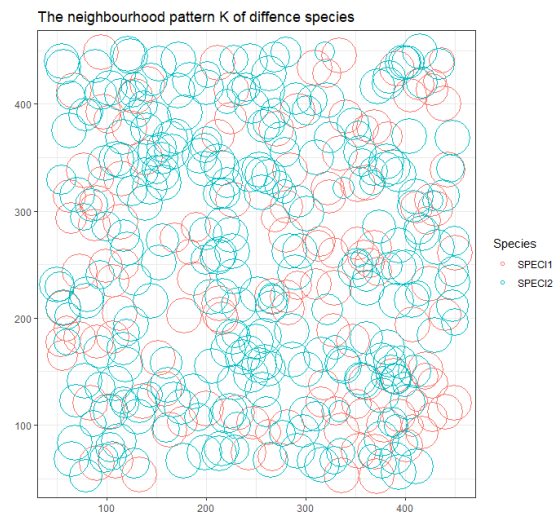


图 区分物种的全林分邻体模式开敞度图

2.9.7 计算并绘制林下的邻体模式开敞度克里金插值图：

2.9.7.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区消除边界效应后，对林下地表的邻体模式开敞度进行克里金插值，并绘制插值图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高及消除边界效应后其余林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

2.9.7.2 指令形式：

plot.Neighbourhood.pattern.K.Krig (minx,maxx,miny,maxy,b,seq,n)

2.9.7.3 参数意义：

minx—插值图 x 轴下限

maxx—插值图 x 轴上限

miny—插值图 y 轴下限

maxy—插值图 y 轴上限

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

seq—插值时所用包含抽样点的抽样密度参数

n—结构单元中相邻木的株数

2.9.7.4 例：

####本例中，将在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，以 4 株相邻木构建结构单元，以 40 为抽样分辨率抽样（抽样为均匀的棋盘式抽样结合加密抽样，均匀抽样点数为 (40+1) \* (40+1)，并以五点法在样地中心及对角线上进行加密抽样）计算林下邻体模式开敞度，并根据计算结果进行普通克里

金插值

```
plot.Neighbourhood.pattern.K.Krig(50,450,50,450,species1_2,40,4)
```

####输出结果

	model	psill	range
1	Nug	0.000000000	0.00000
2	Sph	0.008215283	55.80865

[using ordinary kriging]

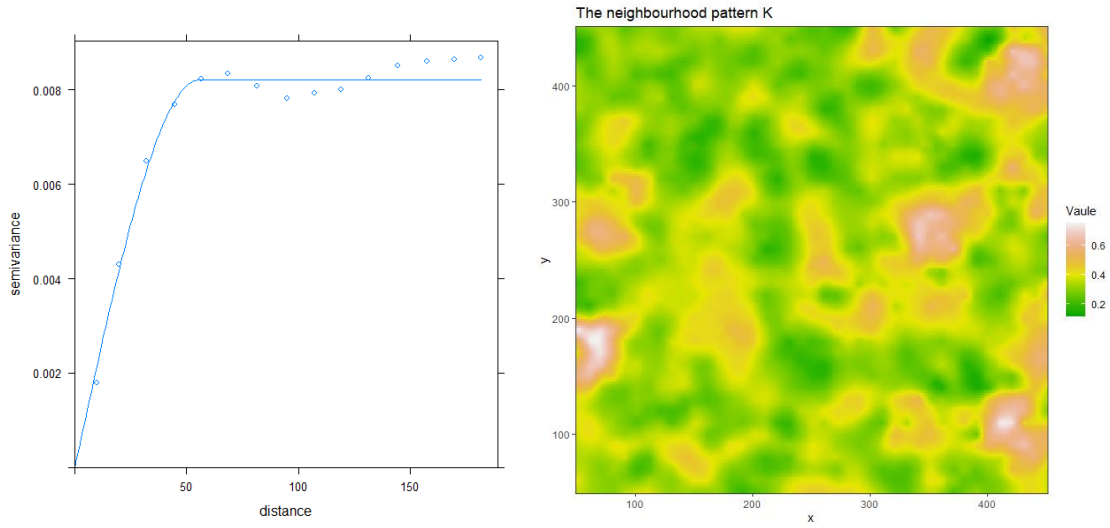


图 林下邻体模式开敞度半变异函数与克里金插值图



## 2.10 邻体模式荫蔽度:

### 2.10.1 理论背景:

敞与蔽为相对概念,而与邻体模式开敞度表征结构单元内参照树(虚拟参照树)所处位置的开阔程度相反,邻体模式荫蔽度用于表示相邻木对参照树(虚拟参照树)的遮光强度。其计算公式亦与邻体模式开敞度相反,为参照树(虚拟参照树)所处位置特定高度与结构单元中上层林木的高度差与该株上层林木和参照树间的水平距离的比值标准化后的累积求和:

$$S_{nei_i} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n s_j = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n stand \left( \frac{(h_j - h_0)}{d_j} \right) \quad S_{nei_i} \in (0,1) \quad (11)$$

$$\text{if } h_j < h_0 \quad s_j = \frac{(h_j - h_0)/d_j}{(h_j - h_0)/d_j + 1} \quad s_j \in (0,1)$$

$$\text{else} \quad s_j = 0 \quad (12)$$

虽然相较于邻体模式开敞度,邻体模式荫蔽度仅是对公式中分子与分母进行了简单对调,但笔者认为其将具有更强的理论性,符合植物生态场(Ecological field)的思想内涵,可用于计算结构单元中的光效应场(Light effective field)。生态场是生物与生物之间,以及生物与环境之间相互作用形成生态势的时空范围。而植物生态场中,植物间负相互作用的强度称为生态干涉势,其定义为生态场中任意一点一个新出生幼苗,在所有相邻植物影响下需要克服建造自身和其后生长的潜力。而生态干涉势的影响可看作是对干涉强度的贡献。生态干涉势公式为:

$$\Phi = f(r, t) = 1 - G_0(r) \quad (13)$$

式中 $G_0(r)$ 为点 $r$ 处新生幼苗的标准化原初相对生长速率(normalized initial relative growth rate),取值范围为0—1。

在邻体模式荫蔽度的计算过程中,任意一株相邻木对参照树的光因子干涉势可以看作相邻木对冠层上光照的消减作用,即相邻木对参照树生长潜能的消减;而结构单元中的总光因子干扰势是各株相邻木干扰势之和,即单株相邻木的生态场势具有叠加性:

$$\Phi = \sum_{j=1}^n \Phi_j(r) \quad (14)$$

同时,由计算公式可见邻体模式荫蔽度与相邻木的树高成正比,与相邻木和参照树间的水平距离成反比,这也符合场论的基本内涵。

## 2.10.2 计算单一参照树的邻体模式荫蔽度：

### 2.10.2.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定参照树顶端与其所处位置地表的邻体模式荫蔽度。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的邻体模式荫蔽度。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

spl\_130top=species1[130,]

spl\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

spl\_130bottom= spl\_130top

spl\_130bottom[,3]=0

spl\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.10.2.2 指令形式：

Neighbourhood.pattern.S.single(a,b,n)

2.10.2.3 参数意义：

a—需要计算邻体模式开荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.10.2.4 例：

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，将物种 1 第 130 号林木作为参照树，计算其顶部与基部的邻体模式荫蔽度

####计算顶部邻体模式荫蔽度

Neighbourhood.pattern.S.single(sp1\_130top,species1\_2,4)

####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

\$Neighbourhood

|

	x	Y	Size	Distance	Size_dif
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	NA
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	NA
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	NA
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	7.8

\$Neighbourhood\_pattern\_S

[1] 0.0742574

####计算基部邻体模式荫蔽度

Neighbourhood.pattern.S.single(sp1\_130bottom,species1\_2,4)

####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

\$Neighbourhood

	x	Y	Size	Distance	Size_dif
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	8.2
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	0.2

139	368.75	265.62	8.2	17.78107	8.2
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	16.0

\$Neighbourhood\_pattern\_S

[1] 0.2918498

### 2.10.3 绘制单一参照树的邻体模式荫蔽度图：

#### 2.10.3.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定参照树顶端与其所处位置地表的邻体模式荫蔽度，并绘制荫蔽度图。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的邻体模式荫蔽度，并绘制其邻体模式荫蔽度图。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

sp1\_130top=species1[130,]

sp1\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

sp1\_130bottom= sp1\_130top

sp1\_130bottom[,3]=0

sp1\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.10.3.2 指令形式:

```
plot.Neighbourhood.pattern.S.single(a,b,n)
```

### 2.10.3.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

### 2.10.3.4 例:

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，将物种 1 第 130 号林木作为参照树，计算其顶部与基部的邻体模式荫蔽度，并绘制其邻体模式荫蔽度图

```
plot.Neighbourhood.pattern.S.single(sp1_130top,species1_2,4)
```

```
plot.Neighbourhood.pattern.S.single(sp1_130bottom,species1_2,4)
```

####输出结果

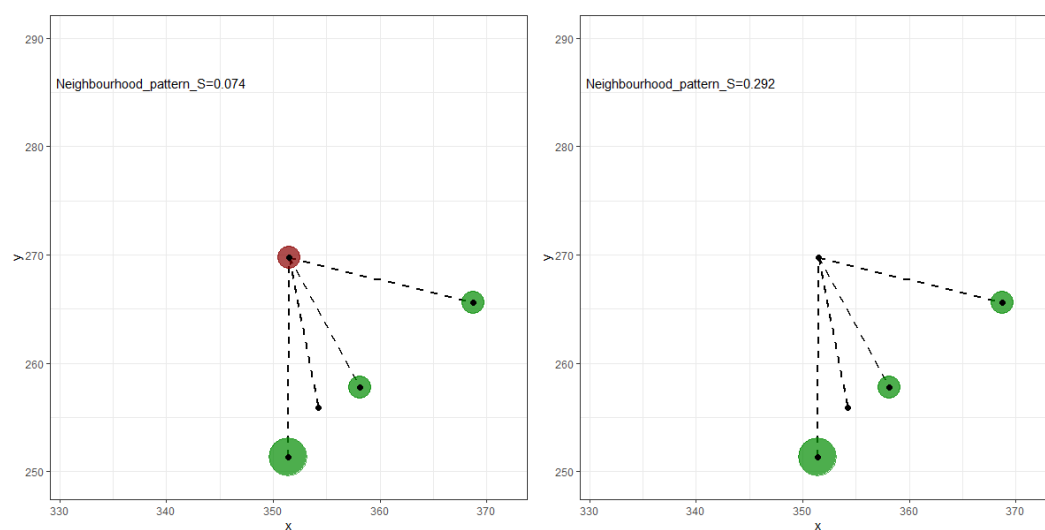


图 物种 1 第 130 号林木顶端与基部邻体模式荫蔽度图

## 2.10.4 计算全林分参照树的邻体模式荫蔽度：

### 2.10.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式荫蔽度。所用数据包含物种 1 的分布坐标数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=0####将物种 1 林木所在位置的高程调整为 0，代表地表

bou.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0
21	55.47	164.89	0
22	56.07	209.07	0
23	59.36	189.68	0
24	61.71	313.90	0
25	63.85	293.29	0
26	66.86	412.30	0
27	72.66	243.34	0
28	73.01	181.83	0
29	76.69	337.65	0

...

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

2.10.4.2 指令形式:

Neighbourhood.pattern.S.mult (a,b,n)

2.10.4.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.10.4.4 例:

####本例中，将选择 4 株相邻木，以 50m 为缓冲区消除变界效应，计算物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式荫蔽度

Neighbourhood.pattern.S.mult(boundary.species1,species1\_2,4)

####输出结果

	x	y	Size	Neighbourhood_pattern_S
1	52.80	177.42	0	0.4000741
2	55.47	164.89	0	0.3552141
3	56.07	209.07	0	0.6109195
4	59.36	189.68	0	0.3475376
5	61.71	313.90	0	0.5537111
6	63.85	293.29	0	0.4591697
7	66.86	412.30	0	0.6668762
8	72.66	243.34	0	0.5878048
9	73.01	181.83	0	0.2222320
10	76.69	337.65	0	0.5277725

...



## 2.10.5 绘制全林分参照树的邻体模式荫蔽度图：

### 2.10.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式荫蔽度，并绘制林分尺度的邻体模式荫蔽度图。所用数据包含物种 1 的分布坐标数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=0####将物种 1 林木所在位置的高程调整为 0，代表地表

bou.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0
21	55.47	164.89	0
22	56.07	209.07	0
23	59.36	189.68	0
24	61.71	313.90	0
25	63.85	293.29	0
26	66.86	412.30	0
27	72.66	243.34	0
28	73.01	181.83	0
29	76.69	337.65	0
...			

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

2.10.5.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.S.mult(a,b,n)`

2.10.5.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.10.5.4 例:

####本例中，将选择 4 株相邻木，以 50m 为缓冲区消除变界效应，计算物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式荫蔽度，并绘制全林分水平邻体模式荫蔽度图

`plot.Neighbourhood.pattern.S.mult(boundary.species1,species1_2,4)`

####输出结果

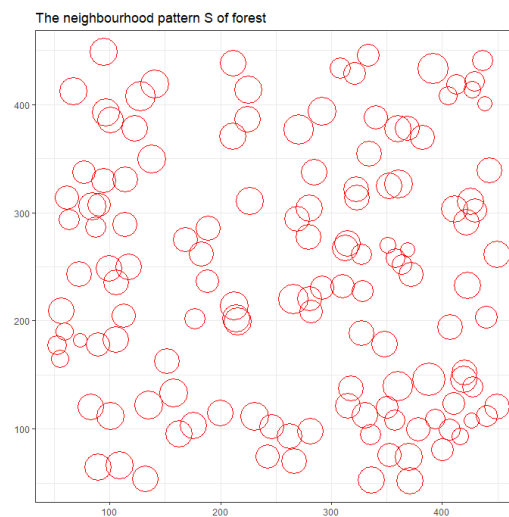


图 全林分物种 1 邻体模式荫蔽度图

## 2.10.6 区分物种绘制参照树的邻体模式荫蔽度图：

### 2.10.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 与物种 2 各林木顶端的邻体模式荫蔽度，并绘制林分尺度的邻体模式荫蔽度图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高及消除边界效应后其余林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

dif.species1\_2[,3]=dif.species1\_2[,3]\*20####将体量乘 20 作为树高

bou.dif.species1\_2= boundary.eff(dif.species1\_2,0,500,0,500,50)

bou.dif.species1\_2####消除边界效应后的林木信息

####输出结果

	x	y	size	Species
20	52.80	177.42	8.2	SPECI1
21	55.47	164.89	8.2	SPECI1
22	56.07	209.07	32.0	SPECI1
23	59.36	189.68	0.2	SPECI1
24	61.71	313.90	24.0	SPECI1
25	63.85	293.29	16.0	SPECI1
26	66.86	412.30	40.0	SPECI1
27	72.66	243.34	40.0	SPECI1
28	73.01	181.83	8.2	SPECI1
29	76.69	337.65	32.0	SPECI1
...				
239	50.17	231.19	40.0	SPECI2
240	52.05	229.90	32.0	SPECI2
241	54.10	329.75	32.0	SPECI2
242	54.91	440.25	40.0	SPECI2
243	56.36	210.01	32.0	SPECI2
244	56.12	434.79	40.0	SPECI2
245	59.49	177.92	0.2	SPECI2
246	60.49	201.99	24.0	SPECI2
247	62.28	374.98	40.0	SPECI2
248	63.53	407.83	32.0	SPECI2
...				

dif.species1\_2####林地中全部林木信息

####输出结果

	x	y	size	Species
1	1.71	117.43	25.2	SPECI1
2	2.85	193.80	25.8	SPECI1
3	3.01	130.90	26.4	SPECI1
4	3.02	172.53	26.4	SPECI1
5	6.38	309.77	27.8	SPECI1
6	6.29	379.99	3.6	SPECI1
7	13.31	459.11	40.0	SPECI1
8	18.97	295.52	22.6	SPECI1
9	18.28	378.22	13.8	SPECI1
10	22.56	372.99	15.4	SPECI1
...				
201	1.32	354.59	40.0	SPECI2
202	3.59	155.33	26.8	SPECI2
203	3.04	493.46	40.0	SPECI2
204	5.49	136.48	16.0	SPECI2
205	9.76	198.88	29.8	SPECI2
206	9.11	324.34	29.8	SPECI2
207	9.31	452.13	29.8	SPECI2
208	11.39	2.14	40.0	SPECI2
209	11.19	295.86	20.8	SPECI2
210	11.12	381.54	1.6	SPECI2
...				

2.10.6.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.S.dif_sp(a,b,n)`

2.10.6.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.10.6.4 例:

#####本例中，我们将在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，选择 4 株相邻木构建结构单元，并计算样地内各林木顶端的邻体模式荫蔽度，并区分物种绘制邻体模式荫蔽度图

`plot.Neighbourhood.pattern.S.dif_sp(bou.dif.species1_2,dif.species1_2,4)`

#####输出结果

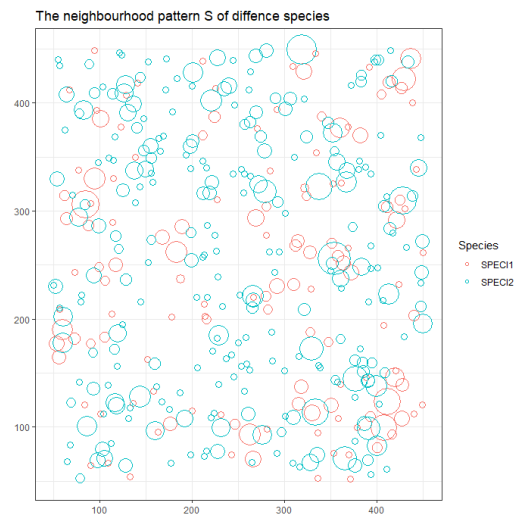


图 区分物种的全林分邻体模式荫蔽度图

2.10.7 计算并绘制林下的邻体模式荫蔽度克里金插值图：

2.10.7.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区消除边界效应后，对林下地表的邻体模式荫蔽度进行克里金插值，并绘制插值图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高及消除边界效应后其余林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

2.10.7.2 指令形式：

plot.Neighbourhood.pattern.S.Krig (minx,maxx,miny,maxy,b,seq,n)

2.10.7.3 参数意义：

minx—插值图 x 轴下限

maxx—插值图 x 轴上限

miny—插值图 y 轴下限

maxy—插值图 y 轴上限

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

seq—插值时所用包含抽样点的抽样密度参数

n—结构单元中相邻木的株数

2.10.7.4 例：

####本例中，将在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，以 4 株相邻木构建结构单元，以 40 为抽样分辨率抽样（抽样为均匀的棋盘式抽样结合加密抽样，均匀抽样点数为 (40+1) \* (40+1)，并以五点法在样地中心及对角线上进行加密抽样）计算林下邻体模式荫蔽度，并根据计算结果进行普通克里

金插值

```
plot.Neighbourhood.pattern.S.Krig(50,450,50,450,species1_2,40,4)
```

####输出结果

	model	psill	range
1	Nug	0.000000000	0.00000
2	Sph	0.008215283	55.80865

[using ordinary kriging]

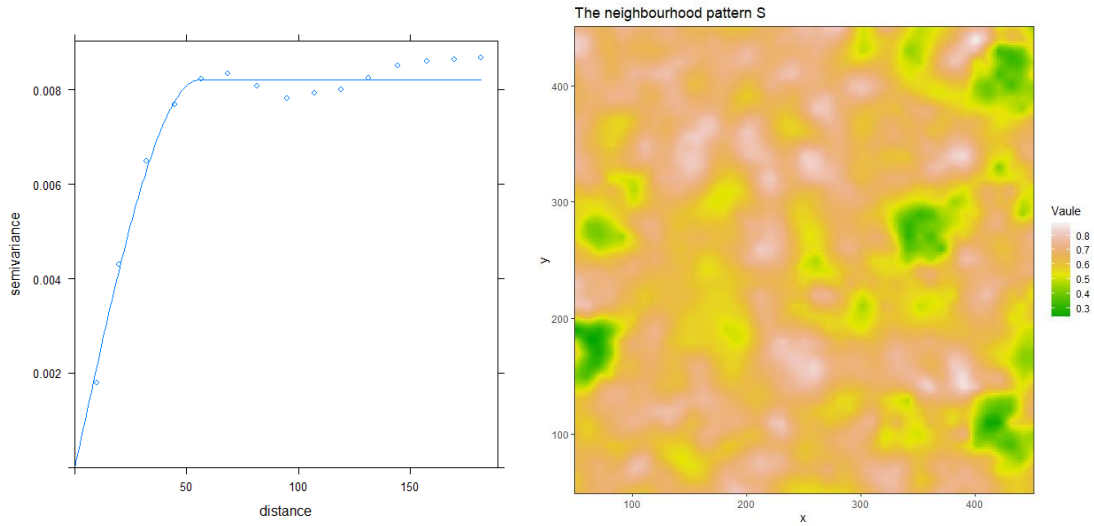


图 林下邻体模式荫蔽度半变异函数与克里金插值图

## 2.11 加权邻体模式开敞度:

### 2.11.1 理论背景:

慧刚盈等以与角尺度相关的权系数反应参照树的不同水平方向上的空间生态位空缺,对密集度进行加权,以表征参照树与相邻木间的竞争强度。启示我们以角尺度为基础构建的权系数可以反应基本结构单元中参照树竞争的方向性。基于此,我们以角尺度为核心构建了权重系数对邻体模式开敞度进行加权,称之为加权邻体模式开敞度。实际中,当参照树的邻体模式开敞度为1时,其受光条件不受相邻木水平方位的影响;而当参照树的邻体模式开敞度较小时,其受光条件受相邻木的水平方位影响强烈。因此在构建权重系数时,我们将角尺度作为底数,将1减邻体模式开敞度作为指数,因此当邻体模式开敞度为零时权重系数为角尺度本身,取值 $\leq 1$ ;而当邻体模式开敞度为1时权重系数取值为1,即角尺度对权函数的影响随着邻体模式开敞度的增加而减小。

$$K_{wei\_nei_i} = Wei \times K_{nei} \quad K_{wei\_nei_i} \in (0,1) \quad (15)$$

$$Wei = W^{(1-K_{nei})} \quad Wei \in (0,1) \quad (16)$$

$K_{nei}$ 公式中, $Wei$ 为与角尺度相关的权重系数, $W$ 为角尺度, $K_{nei}$ 为邻体模式开敞度。



## 2.11.2 计算单一参照树的加权邻体模式开敞度：

### 2.11.2.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定参照树顶端与其所处位置地表的加权邻体模式开敞度。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的加权邻体模式开敞度。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

spl\_130top=species1[130,]

spl\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

spl\_130bottom= spl\_130top

spl\_130bottom[,3]=0

spl\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.11.2.2 指令形式：

Neighbourhood.pattern.Wei\_K.single(a,b,n)

2.11.2.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.11.2.4 例:

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，将物种 1 第 130 号林木作为参照树，计算其顶部与基部的加权邻体模式开敞度

####计算顶部加权邻体模式开敞度

Neighbourhood.pattern.Wei\_K.single(sp1\_130top,species1\_2,4)

####输出结果

\$a

|

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

\$Neighbourhood

	x	Y	Size	Distance	Size_dif
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	NA
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	NA
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	NA
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	7.8

\$Neighbourhood\_pattern\_K

[1] 0.9257426

\$W

[1] 0.25

\$Neighbourhood\_pattern\_Wei\_K

[1] 0.8351853

####计算基部加权邻体模式开敞度

Neighbourhood.pattern.Wei\_K.single(sp1\_130bottom,species1\_2,4)

####输出结果

\$a

	x	y	size
--	---	---	------

130	351.46	269.77	0
-----	--------	--------	---

\$Neighbourhood

	x	Y	Size	Distance	Size_dif
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	8.2
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	0.2
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	8.2
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	16.0

\$Neighbourhood\_pattern\_K

[1] 0.7081502

\$W

[1] 0.25

\$Neighbourhood\_pattern\_Wei\_K

[1] 0.4725136

### 2.11.3 绘制单一参照树的加权邻体模式开敞度图：

#### 2.11.3.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定参照树顶端与其所处位置地表的加权邻体模式开敞度，并绘制加权邻体模式开敞度图。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的加权邻体模式开敞度，并绘制加权邻体模式开敞度图。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

sp1\_130top=species1[130,]

sp1\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

sp1\_130bottom= sp1\_130top

sp1\_130bottom[,3]=0

sp1\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.11.3.2 指令形式:

```
plot.Neighbourhood.pattern.Wei_K.single(a,b,n)
```

### 2.11.3.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

### 2.11.3.4 例:

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，将物种 1 第 130 号林木作为参照树，计算其顶部与基部的加权邻体模式开敞度，并绘制其加权邻体模式开敞度图

```
plot.Neighbourhood.pattern.Wei_K.single(sp1_130top,species1_2,4)
```

```
plot.Neighbourhood.pattern.Wei_K.single(sp1_130bottom,species1_2,4)
```

####输出结果

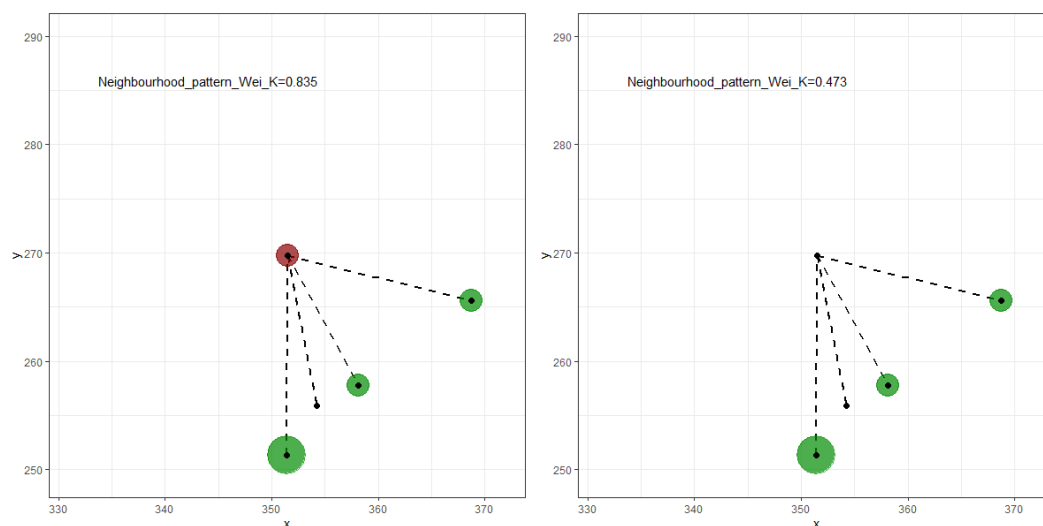


图 物种 1 第 130 号林木顶端与基部加权邻体模式开敞度图

## 2.11.4 计算全林分参照树的加权邻体模式开敞度：

### 2.11.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木所在位置地表的加权邻体模式开敞度。所用数据包含物种 1 的分布坐标数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=0####将物种 1 林木所在位置的高程调整为 0，代表地表

bou.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0
21	55.47	164.89	0
22	56.07	209.07	0
23	59.36	189.68	0
24	61.71	313.90	0
25	63.85	293.29	0
26	66.86	412.30	0
27	72.66	243.34	0
28	73.01	181.83	0
29	76.69	337.65	0

...

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

2.11.4.2 指令形式:

Neighbourhood.pattern.Wei\_K.mult(a,b,n)

2.11.4.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.11.4.4 例:

####本例中，将选择 4 株相邻木，以 50m 为缓冲区消除变界效应，计算物种 1 各林木所在位置地表的加权邻体模式开敞度

Neighbourhood.pattern.Wei\_K.mult(boundary.species1,species1\_2,4)

####输出结果

	x	y	Neighbourhood_pattern_Wei_K
1	52.80	177.42	0.59992588
2	55.47	164.89	0.58215088
3	56.07	209.07	0.32637133
4	59.36	189.68	0.59038401
5	61.71	313.90	0.38057139
6	63.85	293.29	0.47390682
7	66.86	412.30	0.27497105
8	72.66	243.34	0.34806743
9	73.01	181.83	0.66673241
10	76.69	337.65	0.40570656

...

## 2.11.5 绘制全林分参照树的加权邻体模式开敞度图：

### 2.11.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木所在位置地表的加权邻体模式开敞度，并绘制林分尺度的加权邻体模式开敞度图。所用数据包含物种 1 的分布坐标数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=0####将物种 1 林木所在位置的高程调整为 0，代表地表

bou.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0
21	55.47	164.89	0
22	56.07	209.07	0
23	59.36	189.68	0
24	61.71	313.90	0
25	63.85	293.29	0
26	66.86	412.30	0
27	72.66	243.34	0
28	73.01	181.83	0
29	76.69	337.65	0
...			

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4



...

2.11.5.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_K.mult(a,b,n)`

2.9.5.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.11.5.4 例:

####本例中，将选择 4 株相邻木，以 50m 为缓冲区消除变界效应，计算物种 1 各林木所在位置地表的加权邻体模式开敞度，并绘制全林分水平加权邻体模式开敞度图

`plot.Neighbourhood.pattern.K.mult(boundary.species1,species1_2,4)`

####输出结果

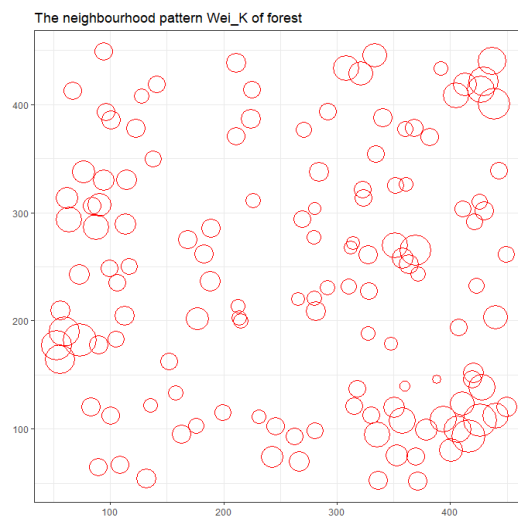


图 全林分物种 1 加权邻体模式开敞度图

## 2.11.6 区分物种绘制参照树的加权邻体模式开敞度图：

### 2.11.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 与物种 2 各林木顶端的加权邻体模式开敞度，并绘制林分尺度的加权邻体模式开敞度图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高及消除边界效应后其余林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

dif.species1\_2[,3]=dif.species1\_2[,3]\*20####将体量乘 20 作为树高

bou.dif.species1\_2= boundary.eff(dif.species1\_2,0,500,0,500,50)

bou.dif.species1\_2####消除边界效应后的林木信息

####输出结果

	x	y	size	Species
20	52.80	177.42	8.2	SPECI1
21	55.47	164.89	8.2	SPECI1
22	56.07	209.07	32.0	SPECI1
23	59.36	189.68	0.2	SPECI1
24	61.71	313.90	24.0	SPECI1
25	63.85	293.29	16.0	SPECI1
26	66.86	412.30	40.0	SPECI1
27	72.66	243.34	40.0	SPECI1
28	73.01	181.83	8.2	SPECI1
29	76.69	337.65	32.0	SPECI1
...				
239	50.17	231.19	40.0	SPECI2
240	52.05	229.90	32.0	SPECI2
241	54.10	329.75	32.0	SPECI2
242	54.91	440.25	40.0	SPECI2
243	56.36	210.01	32.0	SPECI2
244	56.12	434.79	40.0	SPECI2
245	59.49	177.92	0.2	SPECI2
246	60.49	201.99	24.0	SPECI2
247	62.28	374.98	40.0	SPECI2
248	63.53	407.83	32.0	SPECI2
...				

dif.species1\_2####林地中全部林木信息

####输出结果

	x	y	size	Species
1	1.71	117.43	25.2	SPECI1
2	2.85	193.80	25.8	SPECI1
3	3.01	130.90	26.4	SPECI1
4	3.02	172.53	26.4	SPECI1
5	6.38	309.77	27.8	SPECI1
6	6.29	379.99	3.6	SPECI1
7	13.31	459.11	40.0	SPECI1
8	18.97	295.52	22.6	SPECI1
9	18.28	378.22	13.8	SPECI1
10	22.56	372.99	15.4	SPECI1
...				
201	1.32	354.59	40.0	SPECI2
202	3.59	155.33	26.8	SPECI2
203	3.04	493.46	40.0	SPECI2
204	5.49	136.48	16.0	SPECI2
205	9.76	198.88	29.8	SPECI2
206	9.11	324.34	29.8	SPECI2
207	9.31	452.13	29.8	SPECI2
208	11.39	2.14	40.0	SPECI2
209	11.19	295.86	20.8	SPECI2
210	11.12	381.54	1.6	SPECI2
...				

2.11.6.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_K.dif_sp(a,b,n)`

2.11.6.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式开敞度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.11.6.4 例:

####本例中，我们将在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，选择 4 株相邻木构建结构单元，并计算样地内各林木顶端的加权邻体模式开敞度，并区分物种绘制加权邻体模式开敞度图

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_K.dif_sp(bou.dif.species1_2,dif.species1_2,4)`

####输出结果

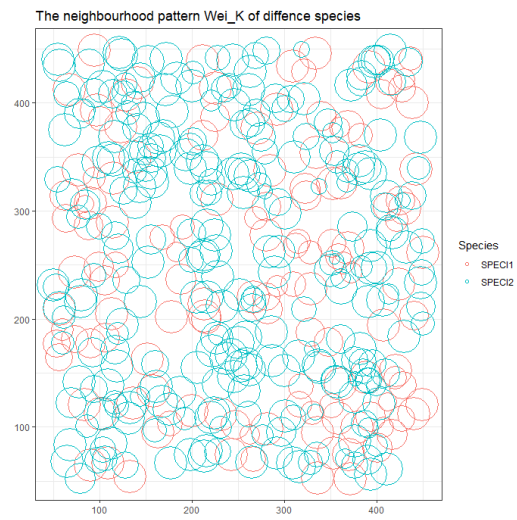


图 区分物种的全林分加权邻体模式开敞度图

2.11.7 计算并绘制林下的加权邻体模式开敞度克里金插值图：

2.11.7.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区消除边界效应后，对林下地表的加权邻体模式开敞度进行克里金插值，并绘制插值图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

2.11.7.2 指令形式：

plot.Neighbourhood.pattern.Wei\_K.Krig (minx,maxx,miny,maxy,b,seq,n)

2.9.7.3 参数意义：

minx—插值图 x 轴下限

maxx—插值图 x 轴上限

miny—插值图 y 轴下限

maxy—插值图 y 轴上限

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

seq—插值时所用包含抽样点的抽样密度参数

n—结构单元中相邻木的株数

2.9.7.4 例：

####本例中，将在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，以 4 株相邻木构建结构单元，以 40 为抽样分辨率抽样（抽样为均匀的棋盘式抽样结合加密抽样，均匀抽样点数为（40+1）\*（40+1），并以五点法在样地中心及对角线上进行加密抽样）计算林下加权邻体模式开敞度，并根据计算结果进行普通

克里金插值

```
plot.Neighbourhood.pattern.Wei_K.Krig(50,450,50,450,species1_2,40,4)
```

####输出结果

	model	psill	range
1	Nug	0.000000000	0.00000
2	Sph	0.007909257	63.73813

[using ordinary kriging]

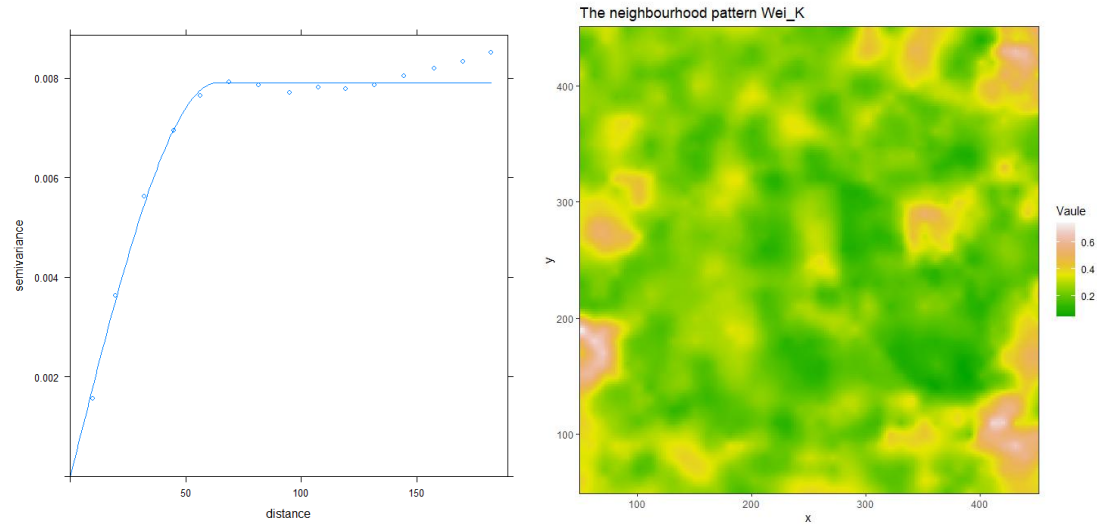


图 林下加权邻体模式开敞度半变异函数与克里金插值图

####以下代码可以为克里金插值图添加缓冲区并在插值图上添加样地中各立木，立木树高以黑点直径表示

```
p=plot.Neighbourhood.pattern.Wei_K.Krig(50,450,50,450,species1_2,40,4)
p1=p+geom_vline(xintercept = c(50,450),linetype=2)+geom_hline(yintercept =c(50,450),linetype=2)
p1=p+scale_x_continuous(expand= c(0, 50))+scale_y_continuous(expand= c(0, 50))
p2=p1+geom_point(data=species1_2,aes(x=x,y=y),size=species1_2$size/8,col="grey4",alpha=0.2)+scale_x_continuous(expand= c(0, 0))+scale_y_continuous(expand= c(0, 0))p1
p1
p2
```

####输出结果

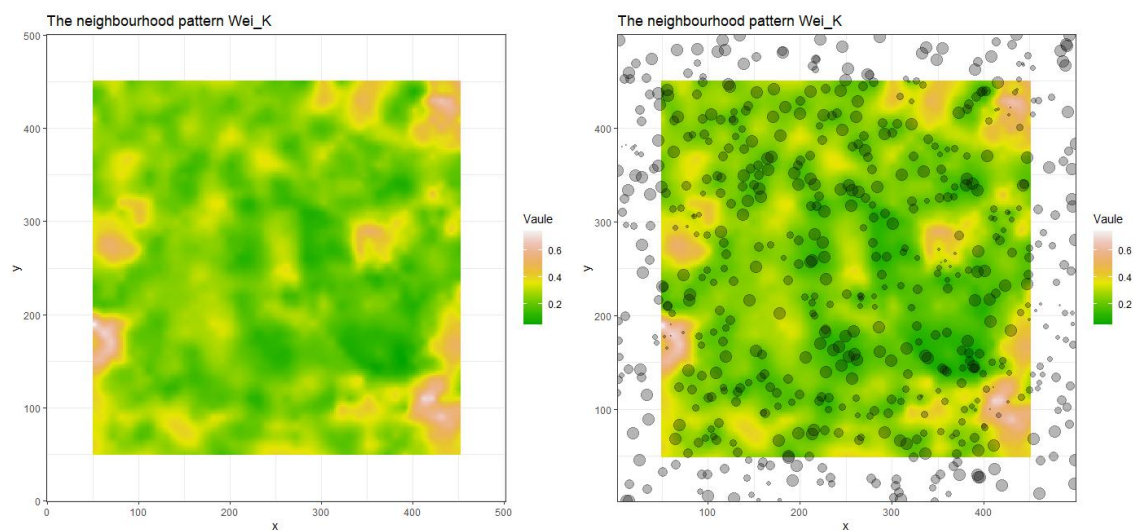


图 添加缓冲区与立木坐标的林下加权邻体模式开敞度克里金插值图

2.12 加权邻体模式荫蔽度：

2.12.1 理论背景：

慧刚盈等在加权密集度的计算过程中，以角尺度大小表示参照树的邻体竞争方向的多寡，并给出了相邻木株数为 4 时不同角尺度取值对应的权重值与权重值的内涵意义。我们参考慧刚盈等的加权方式，以权重值表示结构单元内相邻木对参照树遮光方向的多寡，对邻体模式荫蔽度进行加权，称加权邻体模式荫蔽度。在此，我们给出一种以角尺度计算权重值的经验公式：

$$Wei = (1/n)^W \quad Wei \in (1/n, 1) \quad (17)$$

上式中，*n*为结构单元中相邻木株数，*W*为角尺度。我们将当*n*分别为 3、4、5 时以经验公式求得的权重系数与根据慧刚盈方法求得的权重系数对比，结果如下表所示：

表 不同计算方法的权重值对照表

n	指标	取值					
3	角尺度	0	0.333	0.667	1	—	—
	经验公式权重值	1	0.694	0.481	0.333	—	—
	慧刚盈法权重值	1	0.667	0.5	0.333	—	—
4	角尺度	0	0.25	0.5	0.75	1	—
	经验公式权重值	1	0.71	0.5	0.354	0.25	—
	慧刚盈法权重值	1	0.75	0.5	0.375	0.25	—
5	角尺度	0	0.2	0.4	0.6	0.8	1
	经验公式权重值	1	0.725	0.525	0.381	0.276	0.2
	慧刚盈法权重值	1	0.8	0.6	0.4	0.3	0.2

由上表可知，即使以慧刚盈等方法计算的权重为标准，经验公式计算权重值亦可接受。而上表中慧刚盈等的权重值代表参照树的邻体竞争来源于小于 *n* 的正整数个方向，如当*n*为 4 时，慧刚盈计算权重值为 0.75 代表参照树与相邻木间的竞争来源于参照树周围 4 个水平方向中的 3 个；而实际中由于最小α角处于 0°—72°之间均可使角尺度的计算结果为 0.25，因此参照树与相邻木的竞争方向为 2 到 3 之间，经验公式计算权重值 0.71，为 0.5 到 0.75 之间，或更符合真实情况。因此，加权邻体模式荫蔽度计算公式为：

$$S_{wei\_nei_i} = Wei \times S_{nei} = (1/n)^W \times S_{nei} \quad S_{wei\_nei_i} \in (0,1) \quad (18)$$

笔者在论述邻体模式荫蔽度时曾指出，其符合植物生态场的思想内涵。生态场的定义为生物与生物之间，及生物与环境之间相互作用形成生态势的时空范围，即生态场具有空间与时间的双重属性，而依据生态场是否随时间变化可将其分为时变场与稳定场。时变场中的干涉势随生态场中的位置与时间变化，即：



$$\Phi = f(r, t) = 1 - G_0(r, t) \quad (19)$$

式中， $\Phi$ 为植物生态场中任意时刻，任意点的生态干涉势； $G_0(r, t)$ 为时间 $t$ 时，处于点 $r$ 处新出生幼苗的标准化原初相对生长速率，其取值范围为0—1。设特定时段内生态干涉势对 $r$ 点新出生幼苗生长量的累积影响为 $W_\Phi$ ，则其可写做时变生态场内 $r$ 点生态干涉势在特定时长的定积分：

$$W_\Phi = \int_{t_0}^{t_1} f(r, t) dt \quad (20)$$

若将植物生态场干扰势视为研究植株的各相邻植株干扰势之矢量和则有：

$$W_\Phi = \int_{t_0}^{t_1} f(r, t) dt = \int_{t_0}^{t_1} \sum_{j=1}^n \Phi_j(r_j, t) dt \quad (21)$$

上式中 $r_j$ 为矢量，即不同植物个体的作用和影响在任何一个方向上是有区别的，即各植物生态势的分布是非均匀性的。单株乔木的光效应场是典型的时变生态场，其场中特定位置的干扰势由太阳与乔木的相对位置（时间因素）决定；而角尺度能表征参照树与相邻木的相对位置关系，当多株相邻木分布在参照树的单一方向时角尺度较大，而当相邻木均匀的分布于参照树周围时角尺度较小。因此，角尺度较大时不同相邻木作用于参照树的光效应场干扰势的强度变化趋势相似度较高，而角尺度较小时各相邻木光效应场对参照树干扰势的差异性更高。由此，不难推导我么基于角尺度构建的权系数 $Wei$ 反比于固定时长内参照树所处位置植物光补偿点之上光通量的定积分。因此，笔者认为加权邻体荫蔽度可视为光效应场函数，而权重系数 $Wei$ 可以视为光效应场函数中的矢量性因子。

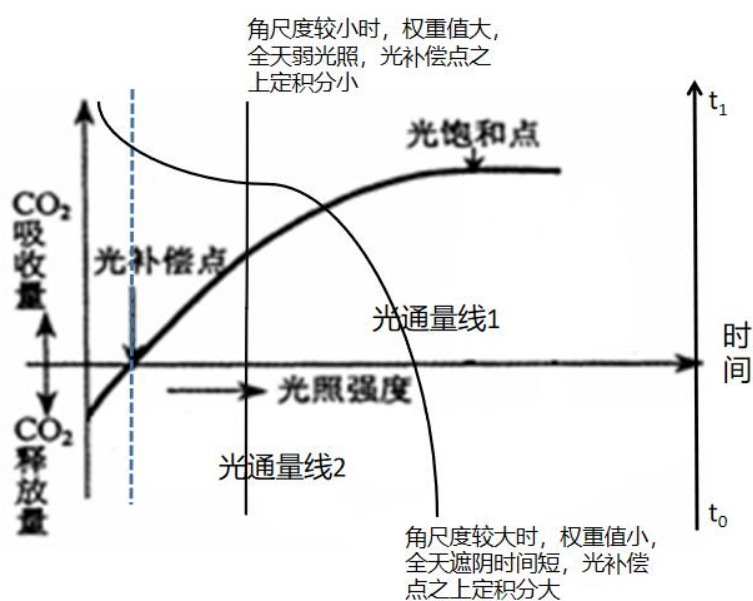


图 权重系数  $Wei$  作用示意图

## 2.12.2 计算单一参照树的加权邻体模式荫蔽度：

### 2.12.2.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定参照树顶端与其所处位置地表的加权邻体模式荫蔽度。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的加权邻体模式荫蔽度。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

spl\_130top=species1[130,]

spl\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

spl\_130bottom= spl\_130top

spl\_130bottom[,3]=0

spl\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.12.2.2 指令形式：

Neighbourhood.pattern.Wei\_S.single(a,b,n)

2.12.2.3 参数意义：

a—需要计算加权邻体模式开荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.12.2.4 例：

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，将物种 1 第 130 号林木作为参照树，计算其顶部与基部的加权邻体模式荫蔽度

####计算顶部加权邻体模式荫蔽度

Neighbourhood.pattern.Wei\_S.single(sp1\_130top,species1\_2,4)

####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

\$Neighbourhood

	x	y	Size	Distance	Size_dif
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	NA
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	NA
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	NA
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	7.8

\$Neighbourhood\_pattern\_S

[1] 0.0742574

\$W

[1] 0.25

\$Neighbourhood\_pattern\_Wei\_S

[1] 0.05250791

####计算基部加权邻体模式荫蔽度

Neighbourhood.pattern.Wei\_S.single(sp1\_130bottom,species1\_2,4)

####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

\$Neighbourhood

	x	y	Size	Distance	Size_dif
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	8.2
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	0.2
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	8.2
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	16.0

\$Neighbourhood\_pattern\_S

[1] 0.2918498

\$W

[1] 0.25

\$Neighbourhood\_pattern\_Wei\_S

[1] 0.206369

### 2.12.3 绘制单一参照树的加权邻体模式荫蔽度图：

#### 2.12.3.1 示例数据：

本例中将忽略林地内的地表高程差异，计算选定参照树顶端与其所处位置地表的加权邻体模式荫蔽度，并绘制加权邻体模式荫蔽度图。完成计算过程需要两部分数据，其一为选定林木的位置坐标与树高；其二为样地中全部林木的位置坐标与树高。

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的加权邻体模式荫蔽度，并绘制其加权邻体模式荫蔽度图。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

sp1\_130top=species1[130,]

sp1\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

sp1\_130bottom= sp1\_130top

sp1\_130bottom[,3]=0

sp1\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.12.3.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.single(a,b,n)`

### 2.12.3.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

### 2.12.3.4 例:

####本例中，我们将选择 4 株相邻木，将物种 1 第 130 号林木作为参照树，计算其顶部与基部的加权邻体模式荫蔽度，并绘制其加权邻体模式荫蔽度图

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.single(sp1_130top,species1_2,4)`

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.single(sp1_130bottom,species1_2,4)`

####输出结果

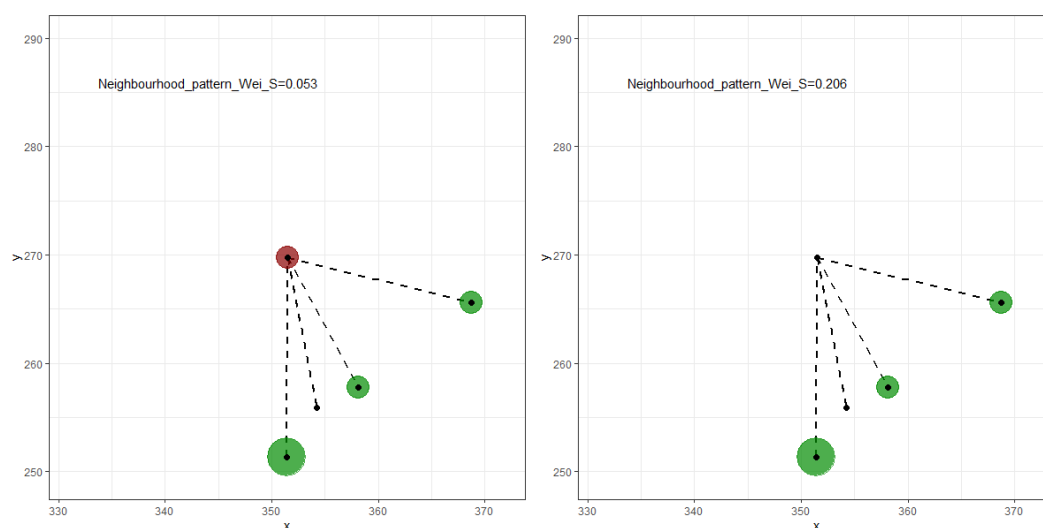


图 物种 1 第 130 号林木顶端与基部加权邻体模式荫蔽度图

## 2.12.4 计算全林分参照树的加权邻体模式荫蔽度：

### 2.12.4.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木所在位置地表的加权邻体模式荫蔽度。所用数据包含物种 1 的分布坐标数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=0####将物种 1 林木所在位置的高程调整为 0，代表地表

bou.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0
21	55.47	164.89	0
22	56.07	209.07	0
23	59.36	189.68	0
24	61.71	313.90	0
25	63.85	293.29	0
26	66.86	412.30	0
27	72.66	243.34	0
28	73.01	181.83	0
29	76.69	337.65	0
...			

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

2.10.4.2 指令形式:

Neighbourhood.pattern.Wei\_S.mult(a,b,n)

2.12.4.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.12.4.4 例:

####本例中，将选择 4 株相邻木，以 50m 为缓冲区消除变界效应，计算物种 1 各林木所在位置地表的加权邻体模式荫蔽度

Neighbourhood.pattern.Wei\_S.mult(boundary.species1,species1\_2,4)

####输出结果

	x	y	Neighbourhood_pattern_Wei_S
1	52.80	177.42	0.10001853
2	55.47	164.89	0.12558714
3	56.07	209.07	0.21599265
4	59.36	189.68	0.12287309
5	61.71	313.90	0.19576643
6	63.85	293.29	0.16234099
7	66.86	412.30	0.23577635
8	72.66	243.34	0.20782037
9	73.01	181.83	0.11111600
10	76.69	337.65	0.18659576

...



## 2.12.5 绘制全林分参照树的加权邻体模式荫蔽度图：

### 2.12.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 各林木所在位置地表的加权邻体模式荫蔽度，并绘制林分尺度的加权邻体模式荫蔽度图。所用数据包含物种 1 的分布坐标数据及全林分中各林木的坐标与树高。

####数据形式如下

species1[,3]=0####将物种 1 林木所在位置的高程调整为 0，代表地表

bou.species1=boundary.eff(species1,0,500,0,500,50)####设置缓冲区，消除边界效应

bou.species1

####输出结果

	x	y	size
20	52.80	177.42	0
21	55.47	164.89	0
22	56.07	209.07	0
23	59.36	189.68	0
24	61.71	313.90	0
25	63.85	293.29	0
26	66.86	412.30	0
27	72.66	243.34	0
28	73.01	181.83	0
29	76.69	337.65	0
...			

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

2.12.5.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.mult(a,b,n)`

2.12.5.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.12.5.4 例:

####本例中，将选择 4 株相邻木，以 50m 为缓冲区消除变界效应，计算物种 1 各林木所在位置地表的邻体模式荫蔽度，并绘制全林分水平邻体模式荫蔽度图

`plot.Neighbourhood.pattern.S.mult(boundary.species1,species1_2,4)`

####输出结果

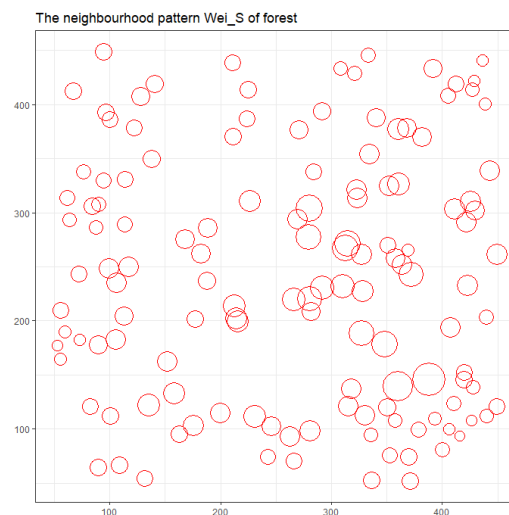


图 全林分物种 1 加权邻体模式荫蔽度图

2.12.6 区分物种绘制参照树的加权邻体模式荫蔽度图：

2.12.6.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，计算以 50m 为缓冲区消除边界效应后物种 1 与物种 2 各林木顶端的加权邻体模式荫蔽度，并绘制林分尺度的加权邻体模式荫蔽度图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高及消除边界效应后其余林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

```
####数据形式如下
dif.species1_2[,3]=dif.species1_2[,3]*20####将体量乘 20 作为树高
bou.dif.species1_2= boundary.eff(dif.species1_2,0,500,0,500,50)
bou.dif.species1_2####消除边界效应后的林木信息
####输出结果
```

	x	y	size	Species
20	52.80	177.42	8.2	SPECI1
21	55.47	164.89	8.2	SPECI1
22	56.07	209.07	32.0	SPECI1
23	59.36	189.68	0.2	SPECI1
24	61.71	313.90	24.0	SPECI1
25	63.85	293.29	16.0	SPECI1
26	66.86	412.30	40.0	SPECI1
27	72.66	243.34	40.0	SPECI1
28	73.01	181.83	8.2	SPECI1
29	76.69	337.65	32.0	SPECI1
...				
239	50.17	231.19	40.0	SPECI2
240	52.05	229.90	32.0	SPECI2
241	54.10	329.75	32.0	SPECI2
242	54.91	440.25	40.0	SPECI2
243	56.36	210.01	32.0	SPECI2
244	56.12	434.79	40.0	SPECI2
245	59.49	177.92	0.2	SPECI2
246	60.49	201.99	24.0	SPECI2
247	62.28	374.98	40.0	SPECI2
248	63.53	407.83	32.0	SPECI2
...				

```
dif.species1_2####林地中全部林木信息
####输出结果
```

	x	y	size	Species
1	1.71	117.43	25.2	SPECI1
2	2.85	193.80	25.8	SPECI1
3	3.01	130.90	26.4	SPECI1
4	3.02	172.53	26.4	SPECI1
5	6.38	309.77	27.8	SPECI1
6	6.29	379.99	3.6	SPECI1
7	13.31	459.11	40.0	SPECI1
8	18.97	295.52	22.6	SPECI1
9	18.28	378.22	13.8	SPECI1
10	22.56	372.99	15.4	SPECI1
...				
201	1.32	354.59	40.0	SPECI2
202	3.59	155.33	26.8	SPECI2
203	3.04	493.46	40.0	SPECI2
204	5.49	136.48	16.0	SPECI2
205	9.76	198.88	29.8	SPECI2
206	9.11	324.34	29.8	SPECI2
207	9.31	452.13	29.8	SPECI2
208	11.39	2.14	40.0	SPECI2
209	11.19	295.86	20.8	SPECI2
210	11.12	381.54	1.6	SPECI2
...				

2.12.6.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.dif_sp(a,b,n)`

2.12.6.3 参数意义:

a—需要计算加权邻体模式荫蔽度的林木的坐标与选择高度

b—调查样地中全部林木的坐标与树高

n—结构单元中相邻木的株数

2.12.6.4 例:

####本例中，我们将在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，选择 4 株相邻木构建结构单元，并计算样地内各林木顶端的加权邻体模式荫蔽度，并区分物种绘制加权邻体模式荫蔽度图

`plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.dif_sp(bou.dif.species1_2,dif.species1_2,4)`

####输出结果

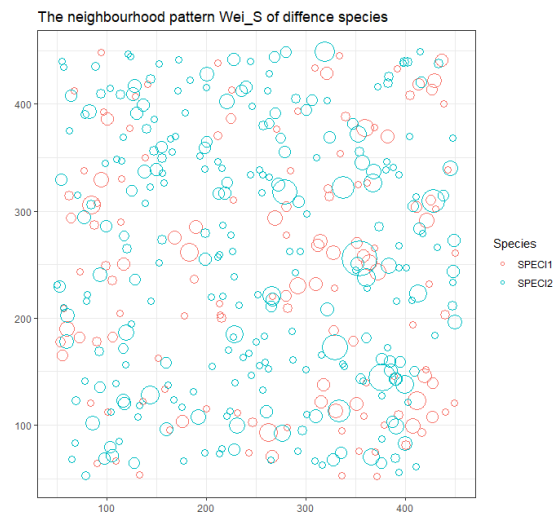


图 区分物种的全林分加权邻体模式荫蔽度图

2.12.7 计算并绘制林下的加权邻体模式荫蔽度克里金插值图：

2.12.7.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区消除边界效应后，对林下地表的加权邻体模式荫蔽度进行克里金插值，并绘制插值图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

```
####数据形式如下
species1_2[,3]=species1_2[,3]*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高
species1_2
####输出结果
```

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

2.12.7.2 指令形式：

```
plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.Krig (minx,maxx,miny,maxy,b,seq,n)
```

2.12.7.3 参数意义：

- minx—插值图 x 轴下限
- maxx—插值图 x 轴上限
- miny—插值图 y 轴下限
- maxy—插值图 y 轴上限
- b—调查样地中全部林木的坐标与树高
- seq—插值时所用包含抽样点的抽样密度参数
- n—结构单元中相邻木的株数

2.12.7.4 例：

####本例中，将在以 50m 为缓冲区消除边界效应后，以 4 株相邻木构建结构单元，以 40 为抽样分辨率抽样（抽样为均匀的棋盘式抽样结合加密抽样，均匀抽样点数为 (40+1) \* (40+1)，并以五点法在样地中心及对角线上进行加密抽样）计算林下加权邻体模式荫蔽度，并根据计算结果进行普通

克里金插值

```
plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.Krig(50,450,50,450,species1_2,40,4)
```

####输出结果

	model	psill	range
1	Nug	0.000000000	0.0000
2	Sph	0.006249466	105.5915

[using ordinary kriging]

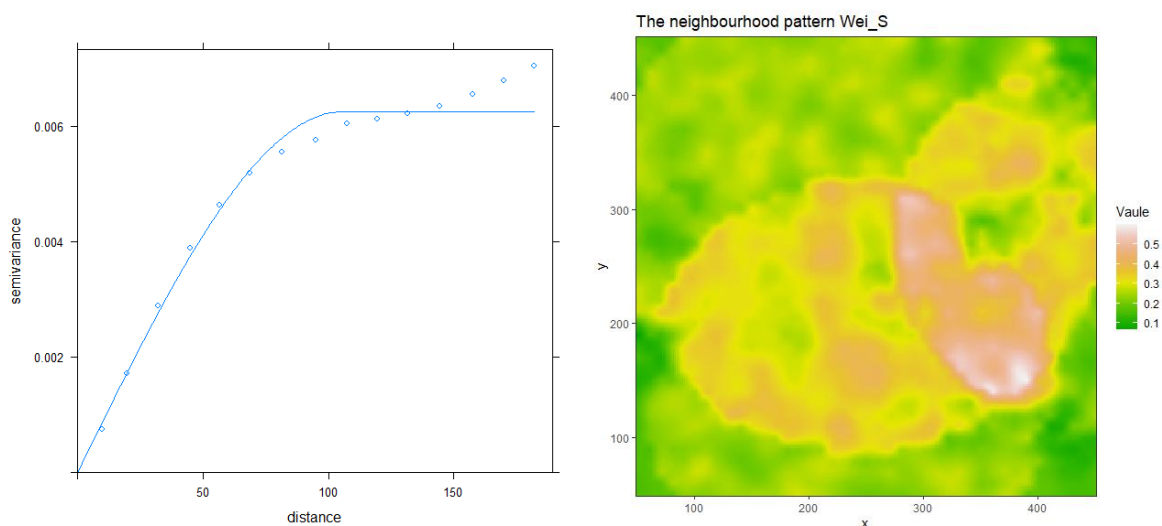


图 林下加权邻体模式荫蔽度半变异函数与克里金插值图

####以下代码可以为克里金插值图添加缓冲区并在插值图上添加样地中各立木，立木树高以黑点直径表示

```
p=plot.Neighbourhood.pattern.Wei_S.Krig(50,450,50,450,species1_2,40,4)
```

```
p1=p+geom_vline(xintercept = c(50,450),linetype=2)+geom_hline(yintercept =c(50,450),linetype=2)
```

```
p1=p+scale_x_continuous(expand= c(0, 50))+scale_y_continuous(expand= c(0, 50))
```

```
p2=p1+geom_point(data=
```

```
species1_2,aes(x=x,y=y),size=species1_2$size/8,col="grey4",alpha=0.2))+scale_x_continuous(expand= c(0, 0))+scale_y_continuous(expand= c(0, 0))p1
```

```
p1
```

```
p2
```

####输出结果

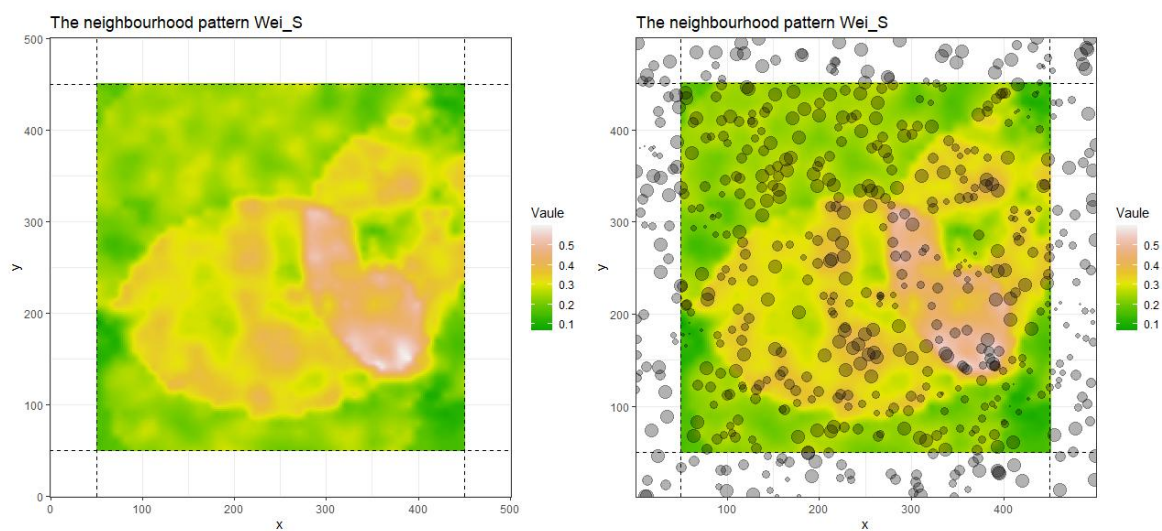


图 添加缓冲区与立木坐标的林下加权邻体模式荫蔽度克里金插值图



## 2.13 邻体模式系统发育（功能性状）丰富度：

### 2.13.1 理论背景：

在混交度的计算过程中，仅考虑参照树与相邻木是否为相同树种，即为每个物种赋予了相同的不相似性。我们在此基础上将物种间的生态相异性纳入混交度的计算过程中，构建了一类新的林分结构参数，而根据所选择的物种间的生态相异性的类型该类林分结构参数可具有不同的命名与内涵。如在林分结构参数的计算过程在使用的生态距离为系统发育距离，则参数称邻体模式系统发育多样性；若所选生态距离为功能性状距离，则林分结构参数称为邻体模式功能性状多样性，该类林分结构参数计算公式如下：

$$P_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n stand(d(i,j)) \quad P_i \in (0,1) \quad (18)$$

$$stand(d(i,j)) = \frac{d(i,j)}{\max(d_{com})} \quad stand(d(i,j)) \in (0,1) \quad (19)$$

上式中， $d(i,j)$ 为参照树*i*与相邻木*j*间的系统发育距离、功能性状距离或其他生态距离； $\max(d_{com})$ 为研究林分中任意选择的两株林木间的潜在最大生态距离。林分中，若某一树种的邻体模式系统发育（功能性状）多样性较低，即分布于系统发育多样性谷（valley），该物种称为排斥种（repeller）；若某一树种的邻体模式系统发育（功能性状）多样性较高，即分布于系统发育多样性脊（ridge），该物种称为聚集种（accumulators）。同时林分中，某一树种的邻体模式系统发育多样性可以反应以该树种为参数树的结构单元的生态构建机制，若邻体模式系统发育多样性较高则以该树种为参照树的结构单元的构建机制倾向于限制相似性假说（Limiting similarity hypothesis）；若邻体模式系统发育多样性较低则以该树种为参照树的结构单元的构建机制倾向于生境过滤假说（Habitat filtering hypothesis）。

在日常的森林经营，抚育过程中，可参照邻体模式系统发育（功能性状）多样性选择采伐对象；同时，邻体模式系统发育多样性在造林时结构单元中树种配置上亦具有参考价值。

2.13.2 计算单一参照树的邻体模式系统发育丰富度：

2.13.2.1 示例数据：

示例数据来源于 programita 软件的 DataType3\_Com18.dat 数据与 Competition\_18.txt 数据。其中，DataType3\_Com18.dat 数据包含了 300 m×300 m 样地中 10 个物种共 14473 株林木的坐标信息；而 Competition\_18.txt 数据包含了 10 个物种间两两配对的系统发育距离。由于数据量过大，我们在 300 m×300 m 的样地中截取 50 m×50 m 的范围作为研究区域。

在此，我们将计算 50 m×50 m 样地中第 20 号与第 50 号林木的邻体模式系统发育多样性。

####数据形式如下

	A	B	C
1	x	y	Species
2	294.61	0	SPECI3
3	137.59	0.01	SPECI9
4	287.48	0.03	SPECI8
5	62.41	0.1	SPECI9
6	235.8	0.12	SPECI1
7	20.08	0.17	SPECI3
8	110.91	0.19	SPECI10
9	52.74	0.2	SPECI2
10	223.35	0.2	SPECI3

图 样地内物种分布与树种数据

	A	B	C
1	species1	species2	distance
2	SPECI1	SPECI2	0.0892793
3	SPECI1	SPECI3	0.5710116
4	SPECI1	SPECI4	0.2302502
5	SPECI1	SPECI5	0.4659457
6	SPECI1	SPECI6	0.0799056
7	SPECI1	SPECI7	0.4373834
8	SPECI1	SPECI8	0.3786321
9	SPECI1	SPECI9	0.658042
10	SPECI1	SPECI10	0.4468821

图 配对物种间系统发育距离

####截取 50 m×50 m 样地

spe\_dist=subset(spe\_dist,x<50&y<50)

####输出结果

	x	y	Species
6	20.08	0.17	SPECI3
18	8.40	0.33	SPECI2

23	13.91	0.45	SPECI3
29	28.18	0.51	SPECI5
30	43.80	0.56	SPECI4
31	35.62	0.60	SPECI2
34	32.86	0.65	SPECI7
35	13.82	0.66	SPECI8
47	36.36	1.02	SPECI9
61	34.75	1.47	SPECI9
...			

#####20 号林木

spe\_dist[20,]

#####输出结果

	x	y	Species
97	25.89	2.19	SPECI7

#####50 号林木

spe\_dist[50,]

#####输出结果

	x	y	Species
269	37.19	5.71	SPECI3

2.13.2.2 指令形式：

Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.single(a,b,eco\_distance,n)

2.13.3.3 参数意义：

a—需要计算邻体模式系统发育多样性的林木的坐标与树种

b—调查样地中全部林木坐标与树种

eco\_distance—两物配对种间的生态距离

n—结构单元中相邻木的株数

2.13.3.4 例：

#####本例中，将计算 50 m×50 m 样地中 20 号与 50 号林木的邻体模式系统发育多样性

Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.single(spe\_dist[20,],spe\_dist,eco\_distance,4)

Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.single(spe\_dist[50,],spe\_dist,eco\_distance,4)

#####输出结果

#####20 号林木

\$a

	x	y	Species
97	25.89	2.19	SPECI7

### \$Neighbourhood

	x	Y	Species	Fun Phy_Distance
1	26.07	1.66	SPECI8	0.07278225
2	26.57	3.60	SPECI4	0.24095679
3	24.39	3.10	SPECI9	0.99145668
4	24.75	3.98	SPECI1	0.43738342

### \$Neighbourhood\_pattern\_Fun.phy\_Richness

[1] 0.4356448

####50 号林木

\$a

	x	y	Species
269	37.19	5.71	SPECI3

### \$Neighbourhood

	x	Y	Species	Fun Phy_Distance
1	36.09	7.14	SPECI10	0.9138406
2	37.96	7.58	SPECI4	0.7358717
3	39.63	5.14	SPECI3	0.0000000
4	39.98	5.85	SPECI10	0.9138406

### \$Neighbourhood\_pattern\_Fun.phy\_Richness

[1] 0.6408883

### 2.13.3 绘制单一参照树的邻体模式系统发育丰富度图：

#### 2.13.3.1 示例数据：

示例数据来源于 programita 软件的 DataType3\_Com18.dat 数据与 Competition\_18.txt 数据。其中，DataType3\_Com18.dat 数据包含了 300 m×300 m 样地中 10 个物种共 14473 株林木的坐标信息；而 Competition\_18.txt 数据包含了 10 个物种间两两配对的系统发育距离。由于数据量过大，我们在 300 m×300 m 的样地中截取 50 m×50 m 的范围作为研究区域。

在此，我们将计算 50 m×50 m 样地中第 20 号与第 50 号林木的邻体模式系统发育多样性，并绘制邻体模式系统发育丰富度图。

####数据形式如下

####截取 50 m×50 m 样地

```
spe_dist=subset(spe_dist,x<50&y<50)
```

####输出结果

	x	y	Species
6	20.08	0.17	SPECI3
18	8.40	0.33	SPECI2
23	13.91	0.45	SPECI3
29	28.18	0.51	SPECI5
30	43.80	0.56	SPECI4
31	35.62	0.60	SPECI2
34	32.86	0.65	SPECI7
35	13.82	0.66	SPECI8
47	36.36	1.02	SPECI9
61	34.75	1.47	SPECI9
...			

####20 号林木

```
spe_dist[20,]
```

####输出结果

	x	y	Species
97	25.89	2.19	SPECI7

####50 号林木

```
spe_dist[50,]
```

####输出结果

	x	y	Species
269	37.19	5.71	SPECI3

####系统发育距离

```
spe_dist
```

####输出结果

	species1	species2	distance
1	SPECI1	SPECI2	0.089279338
2	SPECI1	SPECI3	0.571011647
3	SPECI1	SPECI4	0.230250171
4	SPECI1	SPECI5	0.465945682
5	SPECI1	SPECI6	0.079905603
6	SPECI1	SPECI7	0.437383422
7	SPECI1	SPECI8	0.378632059
8	SPECI1	SPECI9	0.658041976
9	SPECI1	SPECI10	0.446882062
10	SPECI2	SPECI3	0.501372390
...			

2.13.3.2 指令形式:

`plot.Neighbourhood.pattern.Fun_Phy.single(a,b,eco_distance,n)`

2.13.3.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式系统发育多样性的林木的坐标与树种

b—调查样地中全部林木坐标与树种

eco\_distance—两物配对种间的生态距离

n—结构单元中相邻木的株数

2.13.3.4 例:

#####本例中，将计算 50 m×50 m 样地中 20 号与 50 号林木的邻体模式系统发育多样性,并绘制邻体模式系统发育丰富度图

`plot.Neighbourhood.pattern.Fun_Phy.single(spe_dist[20,],spe_dist,eco_distance,4)`

`plot.Neighbourhood.pattern.Fun_Phy.single(spe_dist[50,],spe_dist,eco_distance,4)`

####输出结果

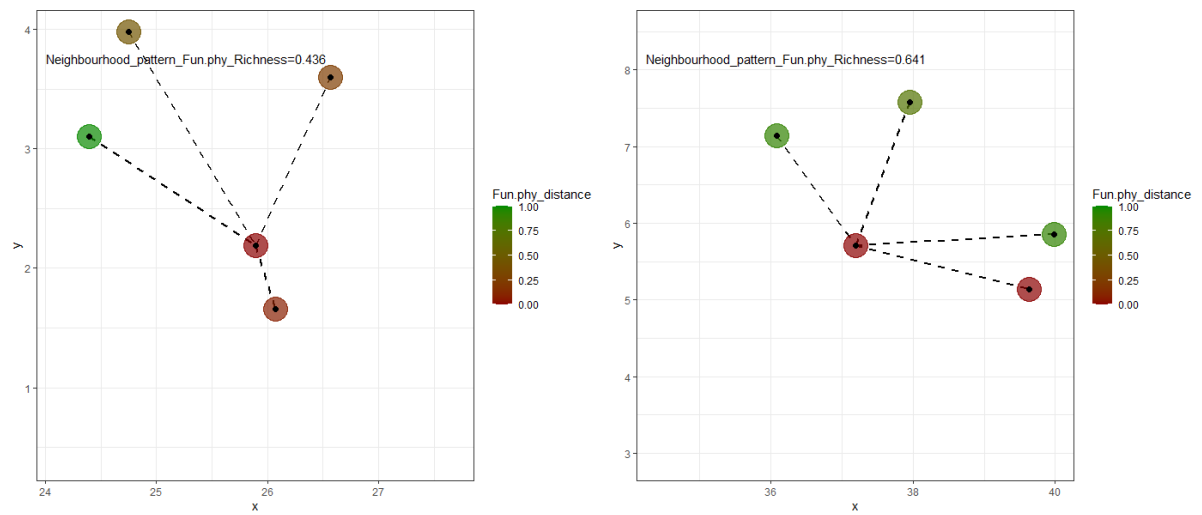


图 20 号林木与 50 号林木的邻体模式系统发育多样性图

## 2.13.4 计算全林分参照树的邻体模式系统发育丰富度：

### 2.13.4.1 示例数据：

示例数据来源于 programita 软件的 DataType3\_Com18.dat 数据与 Competition\_18.txt 数据。其中，DataType3\_Com18.dat 数据包含了 300 m×300 m 样地中 10 个物种共 14473 株林木的坐标信息；而 Competition\_18.txt 数据包含了 10 个物种间两两配对的系统发育距离。由于数据量过大，我们在 300 m×300 m 的样地中截取 50 m×50 m 的范围作为研究区域。并以 5 m 为缓冲区消除边界效应后计算全林分的邻体模式系统发育多样性。

####数据形式如下

####截取 50 m×50 m 样地

```
spe_dist=subset(spe_dist,x<50&y<50)
```

####输出结果

	x	y	Species
6	20.08	0.17	SPECI3
18	8.40	0.33	SPECI2
23	13.91	0.45	SPECI3
29	28.18	0.51	SPECI5
30	43.80	0.56	SPECI4
31	35.62	0.60	SPECI2
34	32.86	0.65	SPECI7
35	13.82	0.66	SPECI8
47	36.36	1.02	SPECI9
61	34.75	1.47	SPECI9

...

####消除边界效应

```
boun.spe_dist=boundary.eff(spe_dist,0,50,0,50,5)
```

```
boun.spe_dist
```

####输出结果

	x	y	Species
231	23.46	5.08	SPECI5
235	39.63	5.14	SPECI3
238	23.74	5.17	SPECI5
254	31.26	5.41	SPECI5
262	18.56	5.57	SPECI9
269	37.19	5.71	SPECI3
276	39.98	5.85	SPECI10
284	32.38	5.97	SPECI9



298	7.84	6.26	SPECI5
300	32.76	6.29	SPECI1
...			

####系统发育距离

spe\_dist

####输出结果

	species1	species2	distance
1	SPECI1	SPECI2	0.089279338
2	SPECI1	SPECI3	0.571011647
3	SPECI1	SPECI4	0.230250171
4	SPECI1	SPECI5	0.465945682
5	SPECI1	SPECI6	0.079905603
6	SPECI1	SPECI7	0.437383422
7	SPECI1	SPECI8	0.378632059
8	SPECI1	SPECI9	0.658041976
9	SPECI1	SPECI10	0.446882062
10	SPECI2	SPECI3	0.501372390
...			

2.13.4.2 指令形式:

Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.mult(a,b,eco\_distance,n)

2.13.4.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式系统发育多样性的林木的坐标与树种

b—调查样地中全部林木坐标与树种

eco\_distance—两物配对种间的生态距离

n—结构单元中相邻木的株数

2.13.4.4 例:

#####本例中, 将以 5 m 为缓冲区消除边界效应, 并计算全林分邻体模式系统发育多样性

Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.mult(boun.spe\_dist,spe\_dist,eco\_distance,4)

####输出结果

	x	y	Neighbourhood_pattern_Fun.phy_Richness
1	23.46	5.08	0.24682198
2	39.63	5.14	0.41242809
3	23.74	5.17	0.24682198
4	31.26	5.41	0.38869304
5	18.56	5.57	0.73092768
6	37.19	5.71	0.64088825

7	39.98	5.85	0.74806389
8	32.38	5.97	0.54271023
9	7.84	6.26	0.67746570
10	32.76	6.29	0.50920385

...

## 2.13.5 绘制全林分参照树的邻体模式系统发育丰富度图：

### 2.13.5.1 示例数据：

示例数据来源于 programita 软件的 DataType3\_Com18.dat 数据与 Competition\_18.txt 数据。其中，DataType3\_Com18.dat 数据包含了 300 m×300 m 样地中 10 个物种共 14473 株林木的坐标信息；而 Competition\_18.txt 数据包含了 10 个物种间两两配对的系统发育距离。由于数据量过大，我们在 300 m×300 m 的样地中截取 50 m×50 m 的范围作为研究区域，以 5 m 为缓冲区消除边界效应后计算全林分的邻体模式系统发育多样性，并绘制林分尺度邻体模式系统发育多样性图。

####数据形式如下

####截取 50 m×50 m 样地

```
spe_dist=subset(spe_dist,x<50&y<50)
```

####输出结果

	x	y	Species
6	20.08	0.17	SPECI3
18	8.40	0.33	SPECI2
23	13.91	0.45	SPECI3
29	28.18	0.51	SPECI5
30	43.80	0.56	SPECI4
31	35.62	0.60	SPECI2
34	32.86	0.65	SPECI7
35	13.82	0.66	SPECI8
47	36.36	1.02	SPECI9
61	34.75	1.47	SPECI9

...

####消除边界效应

```
boun.spe_dist=boundary.eff(spe_dist,0,50,0,50,5)
```

```
boun.spe_dist
```

####输出结果

	x	y	Species
231	23.46	5.08	SPECI5
235	39.63	5.14	SPECI3
238	23.74	5.17	SPECI5
254	31.26	5.41	SPECI5
262	18.56	5.57	SPECI9
269	37.19	5.71	SPECI3
276	39.98	5.85	SPECI10
284	32.38	5.97	SPECI9

298	7.84	6.26	SPECI5
300	32.76	6.29	SPECI1
...			

####系统发育距离

spe\_dist

####输出结果

	species1	species2	distance
1	SPECI1	SPECI2	0.089279338
2	SPECI1	SPECI3	0.571011647
3	SPECI1	SPECI4	0.230250171
4	SPECI1	SPECI5	0.465945682
5	SPECI1	SPECI6	0.079905603
6	SPECI1	SPECI7	0.437383422
7	SPECI1	SPECI8	0.378632059
8	SPECI1	SPECI9	0.658041976
9	SPECI1	SPECI10	0.446882062
10	SPECI2	SPECI3	0.501372390
...			

2.13.5.2 指令形式:

plot.Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.mult(a,b,eco\_distance,n)

2.13.5.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式系统发育多样性的林木的坐标与树种

b—调查样地中全部林木坐标与树种

eco\_distance—两物配对种间的生态距离

n—结构单元中相邻木的株数

2.13.5.4 例:

#####本例中，将以 5 m 为缓冲区消除边界效应，并计算全林分邻体模式系统发育多样性，并绘制全林分各参照树邻体模型系统发育多样性图

Plot.Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.mult(boun.spe\_dist,spe\_dist,eco\_distance,4)

####输出结果

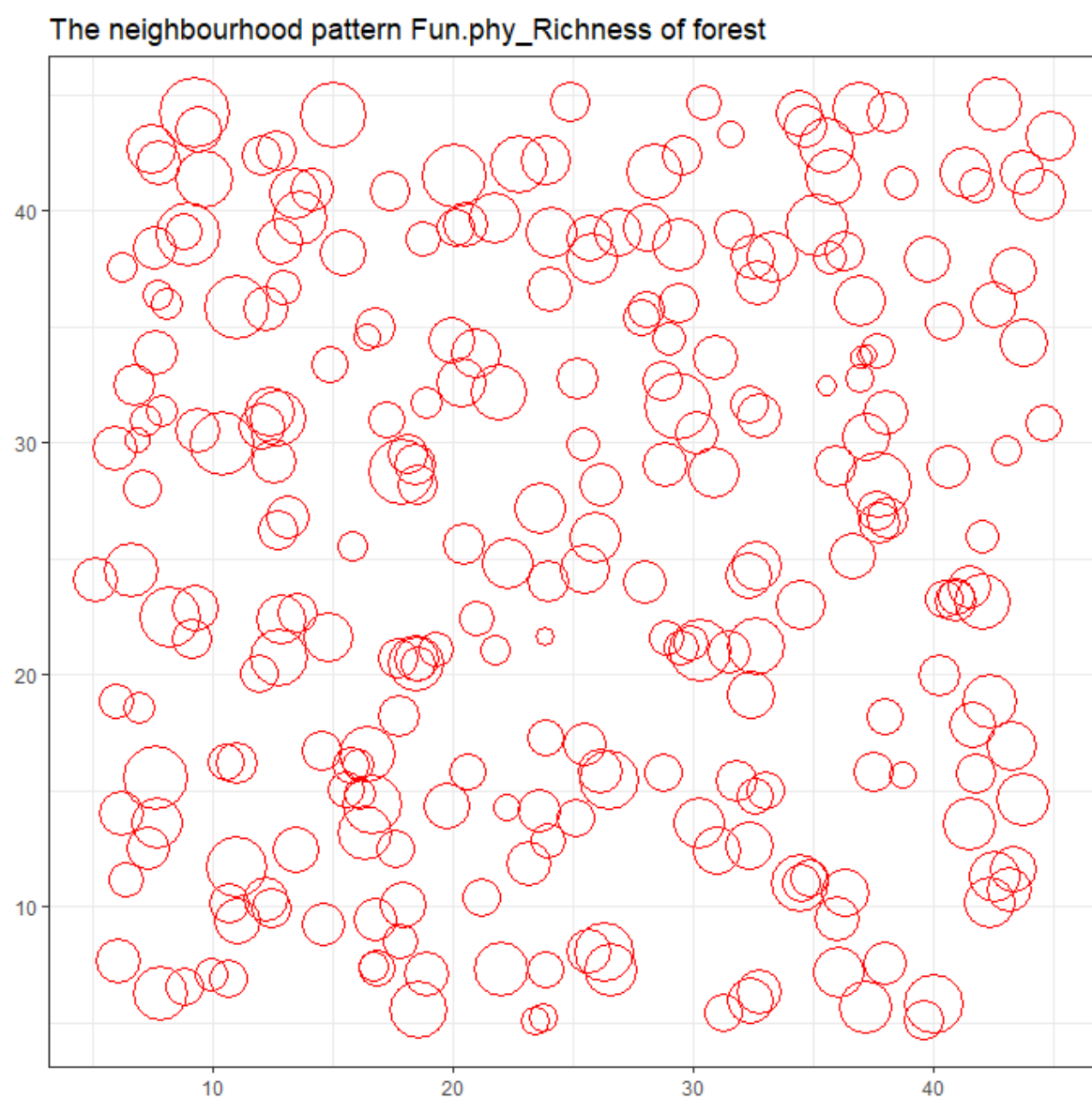


图 全林分参照树邻体模式系统发育多样性图

## 2.13.6 区分物种绘制全林分参照树的邻体模式系统发育丰富度图：

### 2.13.6.1 示例数据：

示例数据来源于 programita 软件的 DataType3\_Com18.dat 数据与 Competition\_18.txt 数据。其中，DataType3\_Com18.dat 数据包含了 300 m×300 m 样地中 10 个物种共 14473 株林木的坐标信息；而 Competition\_18.txt 数据包含了 10 个物种间两两配对的系统发育距离。由于数据量过大，我们在 300 m×300 m 的样地中截取 50 m×50 m 的范围作为研究区域，以 5 m 为缓冲区消除边界效应后计算全林分的邻体模式系统发育多样性，并区分物种绘制林分尺度邻体模式系统发育多样性图。

####数据形式如下

####截取 50 m×50 m 样地

```
spe_dist=subset(spe_dist,x<50&y<50)
```

####输出结果

	x	y	Species
6	20.08	0.17	SPECI3
18	8.40	0.33	SPECI2
23	13.91	0.45	SPECI3
29	28.18	0.51	SPECI5
30	43.80	0.56	SPECI4
31	35.62	0.60	SPECI2
34	32.86	0.65	SPECI7
35	13.82	0.66	SPECI8
47	36.36	1.02	SPECI9
61	34.75	1.47	SPECI9

...

####消除边界效应

```
boun.spe_dist=boundary.eff(spe_dist,0,50,0,50,5)
```

```
boun.spe_dist
```

####输出结果

	x	y	Species
231	23.46	5.08	SPECI5
235	39.63	5.14	SPECI3
238	23.74	5.17	SPECI5
254	31.26	5.41	SPECI5
262	18.56	5.57	SPECI9
269	37.19	5.71	SPECI3
276	39.98	5.85	SPECI10
284	32.38	5.97	SPECI9

298	7.84	6.26	SPECI5
300	32.76	6.29	SPECI1
...			

####系统发育距离

spe\_dist

####输出结果

	species1	species2	distance
1	SPECI1	SPECI2	0.089279338
2	SPECI1	SPECI3	0.571011647
3	SPECI1	SPECI4	0.230250171
4	SPECI1	SPECI5	0.465945682
5	SPECI1	SPECI6	0.079905603
6	SPECI1	SPECI7	0.437383422
7	SPECI1	SPECI8	0.378632059
8	SPECI1	SPECI9	0.658041976
9	SPECI1	SPECI10	0.446882062
10	SPECI2	SPECI3	0.501372390
...			

2.13.6.2 指令形式:

plot.Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.dif\_sp(a,b,eco\_distance,n)

2.13.6.3 参数意义:

a—需要计算邻体模式系统发育多样性的林木的坐标与树种

b—调查样地中全部林木坐标与树种

eco\_distance—两物配对种间的生态距离

n—结构单元中相邻木的株数

2.13.6.4 例:

#####本例中，将以 5 m 为缓冲区消除边界效应，并计算全林分邻体模式系统发育多样性，并区分物种绘制全林分各参照树邻体模型系统发育多样性图

Plot.Neighbourhood.pattern.Fun\_Phy.dif\_sp(boun.spe\_dist,spe\_dist,eco\_distance,4)

####输出结果

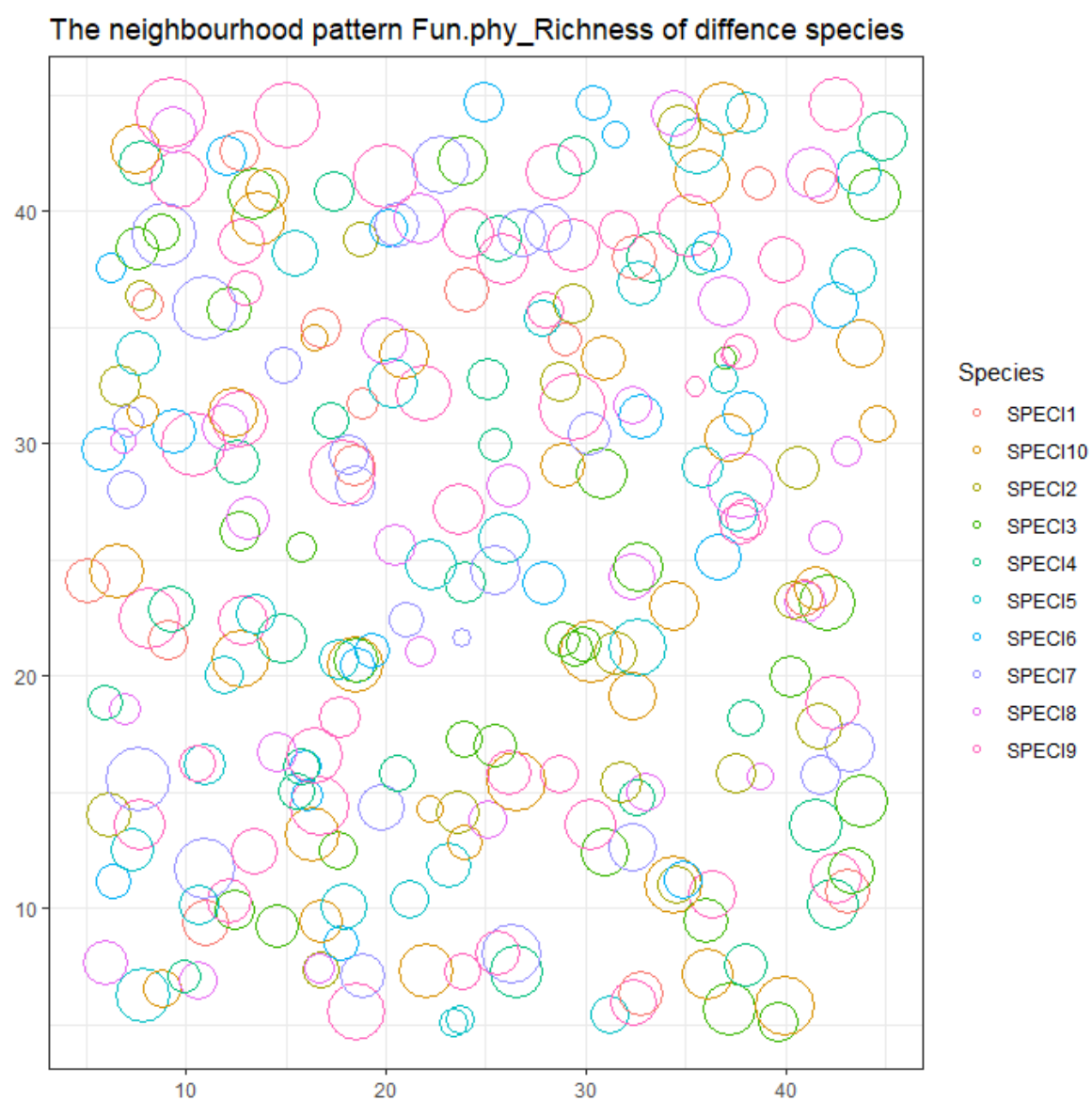


图 区分物种的全林分参照树邻体模式系统发育多样性图



## 2.14 基于研究尺度的加权荫蔽度:

### 2.14.1 理论背景:

在以加权邻体模式荫蔽度计算参照树的光资源可获取性时,不同参照树与相邻木间的最远距离差异性较大,即结构单元的表现面积具有较强变异。为了统一林分中以不同参照树为中心的结构单元的研究尺度,笔者团队设计了基于研究尺度的加权荫蔽度,称“尺度化加权荫蔽度”。该指标为以参照树为中心的一定距离内的相邻木对参照树的遮阴强度与参照树周围相可遮阴邻木分布均匀程度的乘积。其中遮阴强度以树高高于参照树的相邻木与参照树树高的差值与相邻木和参照树间的水平距离的比值的累加表示,通过反正切函数将其值域投射 0—1 的范围上;而为表示具有遮光能力的相邻木分布的均匀程度,以参照树为中心划分 4 个象限,以 *Levins* 生态位宽度指数表示四个象限中具有遮阴效力相邻木株高分布的均匀程度。故其公式为:

$$Nei_{scale} \subseteq Nei \quad \text{and} \quad d(Nei_{scale}) > scale \quad (20)$$

$$S_{scale\_wei_i} = stand(S) \times Wei \quad S_{scale\_wei_i} \in (0,1) \quad (21)$$

$$S = \sum_{j=1}^n \left( \frac{(h_j - h_0)}{d_j} \right) \quad S \in (0, \infty) \quad (22)$$

$$stand(S) = 2 \times \frac{\arctan\left(\frac{S}{a \times \pi}\right)}{\pi} \quad stand(S) \in (0,1) \quad (23)$$

$$Wei = \frac{0.25}{Levins\_Simpson} \quad Wei \in (0.25,1) \quad (24)$$

$$Levins\_Simpson = \sum_{i=1}^4 \left( \frac{(h_j - h_0)_i}{\sum (h_j - h_0)} \right)^2 \quad Levins\_Simpson \in (0.25,1) \quad (25)$$

在以反正切函数修正遮阴强度时,方程中 *a* 为修正系数,应通过抽样计算林分中多个样点的未经修正的遮光强度,对未经修正的遮光强度值进行排序得出其秩,调整修正系数 *a* 使修正后的遮光强度与未经修正的遮光强度的秩具有良好的线性关系,从而使修正的遮光强度能准确反映林分内实际光照情况。

## 2.14.2 确定修正系数:

### 2.14.2.1 示例数据:

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据, 以 50m 为缓冲区消除边界效应后, 在样地中抽样计算未修正荫蔽度, 并通过调整修正系数 $a$ 计算修正荫蔽度。我们间修正荫蔽度与未修正荫蔽度的秩进行线性回归, 通过试算选取回归方程决定系数最高的修正系数取值。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高, 其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

### 2.14.2.2 指令形式:

MI.Scale.S (minx,maxx,miny,maxy,b,seq,scale,MI)

### 2.14.2.3 参数意义:

minx—抽样范围横坐标最小值

maxx—抽样范围横坐标最大值

miny—抽样范围纵坐标最小值

maxy—抽样范围纵坐标最大值

b—样地中林木分布坐标与树高

scale—研究尺度

MI—需试算的修正系数

### 2.14.2.4 例:

####本例中, 将以 50 m 为缓冲区消除边界效应, 并以 25m 为研究尺度, 试算适宜的修正系数

####试算修正系数为 1

```
MI.Scale.S(50,450,50,450, species1_2,seq=10,scale=25,MI=1)
```

####输出结果

```
integer(0)
```

Call:

```
lm(formula = data ~ x)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-30.641	-20.792	-4.391	18.304	105.617

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	-104.617	9.367	-11.17	<2e-16 ***
x	235.504	12.034	19.57	<2e-16 ***

---

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 22.81 on 147 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.7226, Adjusted R-squared: 0.7207

F-statistic: 383 on 1 and 147 DF, p-value: < 2.2e-16

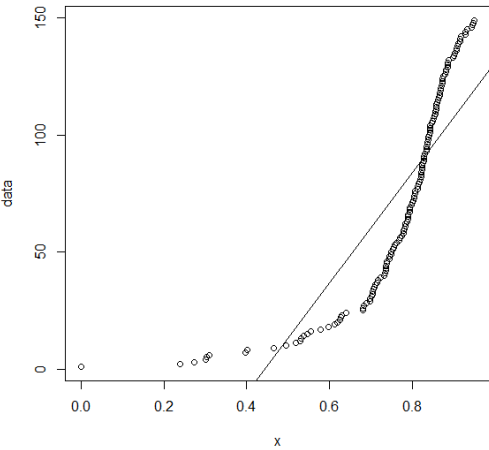


图 修正系数为 1 时未修正荫蔽度秩与修正荫蔽度线性回归图

####试算修正系数为 4

```
MI.Scale.S(50,450,50,450, species1_2,seq=10,scale=25,MI=4)
```

####输出结果

```
integer(0)
```

Call:

`lm(formula = data ~ x)`

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-22.752	-6.381	-1.059	8.022	31.411

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	-30.411	1.927	-15.79	<2e-16 ***
x	249.655	4.237	58.92	<2e-16 ***

---

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 8.728 on 147 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.9594, Adjusted R-squared: 0.9591

F-statistic: 3472 on 1 and 147 DF, p-value: < 2.2e-16

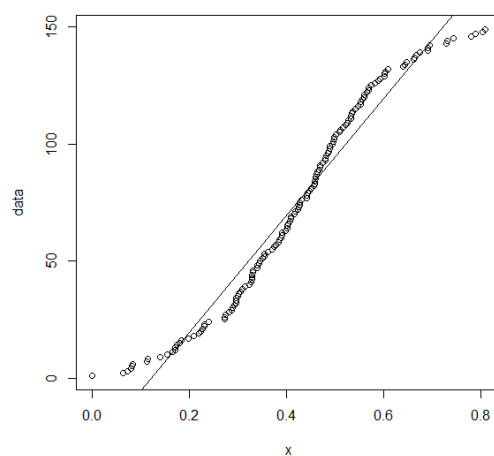


图 修正系数为 4 时未修正荫蔽度秩与修正荫蔽度线性回归图

### 2.14.3 计算单一参照树的尺度化加权荫蔽度：

#### 2.14.3.1 示例数据：

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种 1 第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的尺度化加权荫蔽度。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

spl\_130top=species1[130,]

spl\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

spl\_130bottom= spl\_130top

spl\_130bottom[,3]=0

spl\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

#### 2.14.3.2 指令形式：

Scale.dependence.Weighted.single (a,b,scale,MI)

#### 2.14.3.3 参数意义：

a—需要计算尺度化加权荫蔽度的位置与高程

b—样地中林木分布坐标与树高

scale—研究尺度

MI—修正系数

2.14.3.4 例：

####本例中，将以 25 m 为研究尺度，计算物种 1 第 130 号林木顶端与基部的尺度化加权荫蔽度，修正系数选择 4

####计算基部的尺度化加权荫蔽度

```
Scale.dependence.Wei_S.single(sp1_130bottom,species1_2,25,4)
```

####输出结果

```
$a
```

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

```
$Neighbourhood
```

	x	Y	Size	Distance	Size_dif
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	8.2
138	363.45	251.84	8.2	21.56954	8.2
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	8.2
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	16.0
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	0.2

```
$Scale_dependence_S
```

```
[1] 0.1161513
```

```
$Levins_Simpson
```

```
[1] 0.5232603
```

```
$Scale_dependence_Wei_S
```

```
[1] 0.05549401
```

####计算顶部的尺度化加权荫蔽度

```
Scale.dependence.Wei_S.single(sp1_130top,species1_2,25,4)
```

####输出结果

```
$a
```

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

\$Neighbourhood

	x	Y	Size	Distance	Size_dif
134	358.12	257.74	8.2	13.75051	NA
138	363.45	251.84	8.2	21.56954	NA
139	368.75	265.62	8.2	17.78107	NA
479	351.44	251.31	16.0	18.46001	7.8
484	354.25	255.87	0.2	14.17724	NA

\$Scale\_dependence\_S

[1] 0.02139781

\$Levins\_Simpson

[1] 1

\$Scale\_dependence\_Wei\_S

[1] 0.005349452

## 2.14.4 绘制单一参照树的尺度化加权荫蔽度图：

### 2.14.4.1 示例数据：

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种 1 第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的尺度化加权荫蔽度，并绘制尺度化加权荫蔽度图。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

sp1\_130top=species1[130,]

sp1\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

sp1\_130bottom= sp1\_130top

sp1\_130bottom[,3]=0

sp1\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

### 2.14.4.2 指令形式：

plot.Scale.dependence.Wei\_S.single (a,b,scale,MI)

### 2.14.4.3 参数意义：



a—需要计算尺度化加权荫蔽度的位置与高程

b—样地中林木分布坐标与树高

scale—研究尺度

MI—修正系数

2.14.3.4 例：

####本例中，将以 25 m 为研究尺度，修正系数选择 4，计算物种 1 第 130 号林木顶端与基部的尺度化加权荫蔽度，并绘制尺度化加权荫蔽度图

```
plot.Scale.dependence.Wei_S.single(sp1_130top,species1_2,25,4)
```

```
plot.Scale.dependence.Wei_S.single(sp1_130bottom,species1_2,25,4)
```

####输出结果

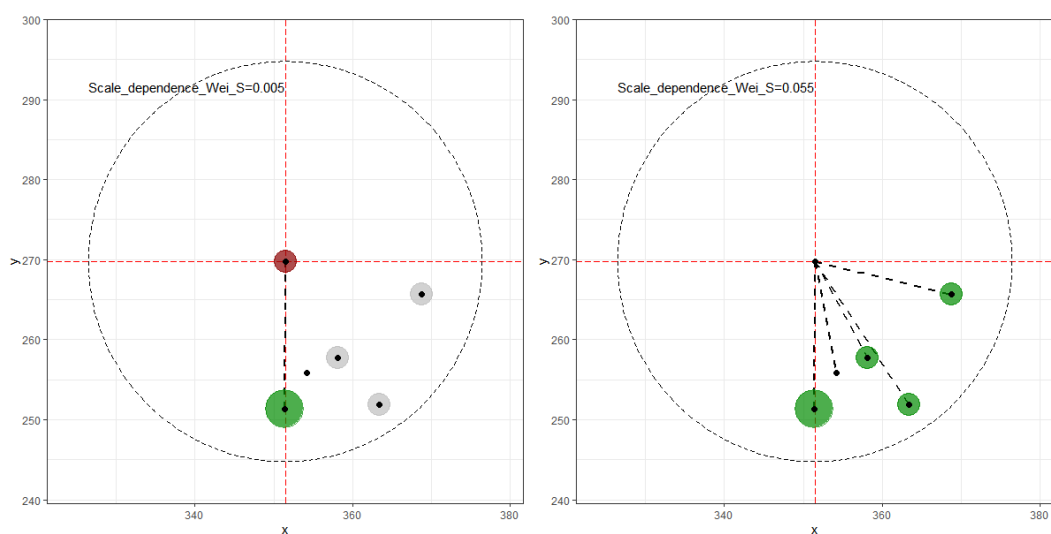


图 物种 1 第 130 号林木顶端与基部尺度化加权荫蔽度图

## 2.14.5 计算并绘制林下的尺度化加权荫蔽度克里金插值图：

### 2.14.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50 m 为缓冲区消除边界效应后，对林下地表的尺度化加权荫蔽度进行克里金插值，并绘制插值图。所用数据包含全林分中各林木的坐标。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

### 2.14.5.2 指令形式：

plot.Scale.dependence.Wei\_S.Krig(minx,maxx,miny,maxy,b,seq,scale,MI)

### 2.14.5.3 参数意义：

minx—抽样范围横坐标最小值

maxx—抽样范围横坐标最大值

miny—抽样范围纵坐标最小值

maxy—抽样范围纵坐标最大值

b—样地中林木分布坐标与树高

scale—研究尺度

MI—修正系数

### 2.14.5.4 例：

####本例中将以 50 m 为缓冲区消除边界效应后，对林下地表的尺度化加权荫蔽度进行克里金插值，并绘制插值图。修正系数选择 4；研究尺度选择 25

plot.Scale.dependence.Wei\_S.Krig(50,450,50,450, species1\_2,40,25,4)

####输出结果

	model	psill	range
1	Nug	0.001098941	0.00000
2	Sph	0.024329718	49.75631

[using ordinary kriging]

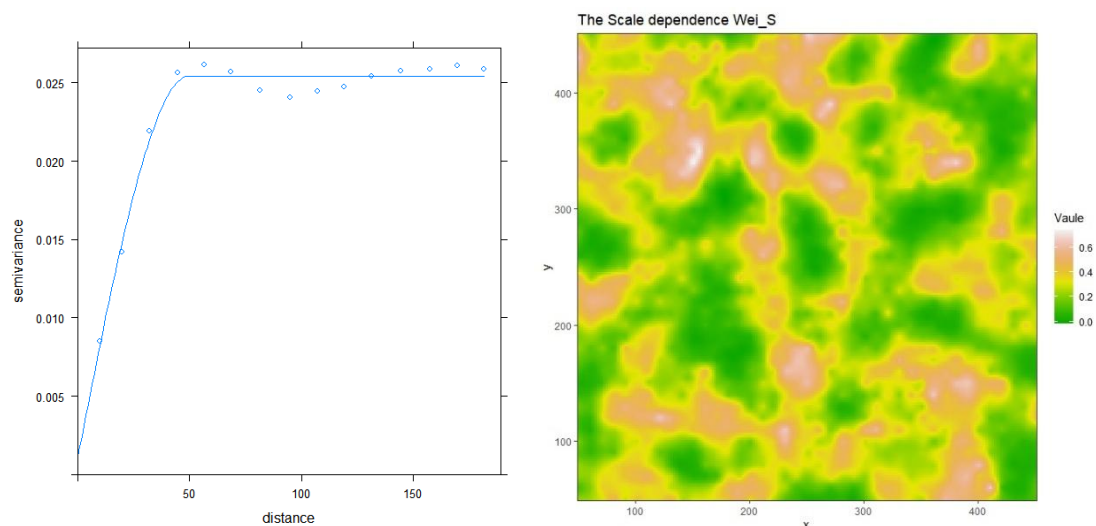


图 林下尺度化加权荫蔽度半变异函数与克里金插值图

###为插值图添加立木分布、树高信息与缓冲区

```
P=plot.Scale.dependence.Wei_S.Krig(50,450,50,450, species1_2,40,25,4)
p1=p+geom_vline(xintercept = c(50,450),linetype=2)+geom_hline(yintercept =c(50,450),linetype=2)
p2=p1+scale_x_continuous(expand= c(0,50))+scale_y_continuous(expand= c(0, 50))
p3=p2+geom_point(data=species1_2,aes(x=x,y=y),size=species1_2$size/8,col="green4",alpha=0.6)+scale
_x_continuous(expand= c(0, 0))+scale_y_continuous(expand= c(0, 0))
p3
```

####输出结果

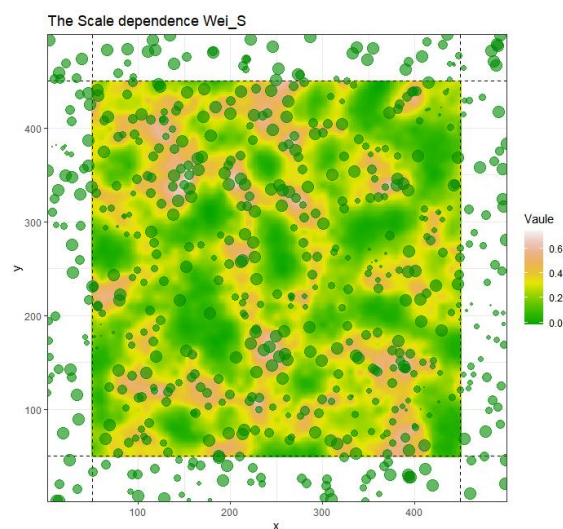


图 添加缓冲区与立木坐标的林下尺度化加权荫蔽度克里金插值图

## 2.15 基于相邻木生态干扰势的加权荫蔽度:

### 2.15.1 理论背景:

林分（群落）中任意位点的光效应场可视为林分中各林木（个体）的光效应场的叠加。可假设林木光效应场中不同位点地表的光因子生态干扰势与林木的个体大小成正比，并与林木与位点间的水平距离成反比。如以林木树高表示林木个体大小，则林木对其光生态场中位点的光因子干扰势可写做 $\frac{h}{d}$ ；对位点坐标高度 $h_0$ 位置的光因子干扰势可写做 $\frac{h-h_0}{d}$ 。由此可见，林木个体生态场中位点的光因子干扰势由林木个体大小与距离共同决定。因此，在划定结构单元(选择以参照树或某一位点为中心相邻木)并进而计算参照树光资源可获取性时，仅依赖相邻林木到参照树的距离远近作为结构单元中相邻木的选取标准并不十分准确。基于此，笔者团队设计了一种依赖林木光因子干扰势强度选择结构单元中相邻木的方法，即通过设定一定的阈值 $\tan$ ，当参照树周围林木的光因子干扰势 $\frac{h-h_0}{d}$ 大于阈值便将其作为相邻木，将此类相邻木称为进界相邻木（inside boundary neighbour）。在此基础上，笔者团队以参照树为中心划分 4 个象限，以 $Levins$ 生态位宽度指数表示四个象限中进界相邻木有效株高分布的均匀程度，并将均匀程度作为权重与有效相邻木的遮光强度相乘称加权进界邻体荫蔽度。其计算公式为:

$$Nei_{inside} \subseteq Nei \quad \text{and} \quad \Phi (Nei_{inside}) > \tan \quad (26)$$

$$S_{ins\_wei_i} = stand(S) \times Wei \quad S_{ins\_wei_i} \in (0,1) \quad (27)$$

$$S = \sum_{j=1}^n \left( \frac{(h_j - h_0)}{d_j} \right) \quad S \in (0, \infty) \quad (28)$$

$$stand(S) = 2 \times \frac{\arctan\left(\frac{S}{\alpha \pi}\right)}{\pi} \quad stand(S) \in (0,1) \quad (29)$$

$$Wei = \frac{0.25}{Levins\_Simpson} \quad Wei \in (0.25,1) \quad (30)$$

2.15.2 确定修正系数：

2.15.2.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区消除边界效应后，在样地中抽样计算未修正荫蔽度，并通过调整修正系数 $a$ 计算修正荫蔽度。我们间修正荫蔽度与未修正荫蔽度的秩进行线性回归，通过试算选取回归方程决定系数最高的修正系数取值。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高，其中各林木树高为林木体量乘以 20。

```
####数据形式如下
species1_2[,3]=species1_2[,3]*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高
species1_2
####输出结果
```

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

2.15.2.2 指令形式：

```
MI.Tan.S (minx,maxx,miny,maxy,b,seq,tan,MI)
```

2.15.2.3 参数意义：

- minx—抽样范围横坐标最小值
- maxx—抽样范围横坐标最大值
- miny—抽样范围纵坐标最小值
- maxy—抽样范围纵坐标最大值
- b—样地中林木分布坐标与树高
- tan—光因子干扰势临界值
- MI—需试算的修正系数

2.15.2.4 例：

```
####本例中，将以 50 m 为缓冲区消除边界效应，并以 0.8 为干扰势临界值，试算适宜的修正系数
####试算修正系数为 0.3
```

MI.Tan.S(50,450,50,450,species1\_2,10,0.8,MI=0.3)

####输出结果

integer(0)

Call:

lm(formula = data ~ x)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-23.1833	-4.0833	-0.5506	4.3505	22.0777

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	-37.767	1.675	-22.54	<2e-16 ***
x	213.793	2.973	71.91	<2e-16 ***

---

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 7.199 on 147 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.9724, Adjusted R-squared: 0.9722

F-statistic: 5171 on 1 and 147 DF, p-value: < 2.2e-16

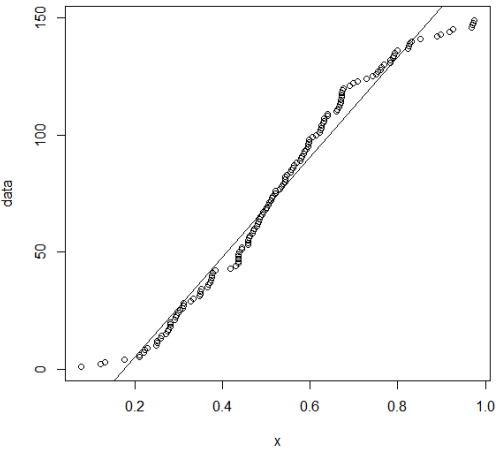


图 修正系数为 0.3 时未修正荫蔽度秩与修正荫蔽度线性回归图

### 2.15.3 计算单一参照树的加权进界邻体荫蔽度：

#### 2.14.3.1 示例数据：

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的加权进界邻体荫蔽度。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

spl\_130top=species1[130,]

spl\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

spl\_130bottom= spl\_130top

spl\_130bottom[,3]=0

spl\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

#### 2.15.3.2 指令形式：

Tan.dependence.Wei\_S.single (a,b,scale,MI)

#### 2.15.3.3 参数意义：

a—需要计算加权进界邻体荫蔽度的位置与高程

b—样地中林木分布坐标与树高

Tan—光因子干扰势临界值

MI—修正系数

2.15.3.4 例：

####本例中，将以 0.8 为临界值，计算物种 1 第 130 号林木顶端与基部的加权进界邻体荫蔽度，修正系数选择 0.3

####顶端

Tan.dependence.Wei\_S.single(sp1\_130top,species1\_2,0.8,0.3)

####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

\$Neighbourhood

	x	Y	Size	Distance	tangent
499	373.23	285.02	32	26.57998	0.8954107

\$Tan\_dependence\_S

[1] 0.02274531

\$Levins\_Simpson

[1] 1

\$Tan\_dependence\_Wei\_S

[1] 0.005686326

####基部

Tan.dependence.Wei\_S.single(sp1\_130bottom,species1\_2,0.8,0.3)

####输出结果

\$a

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

\$Neighbourhood

|

	x	Y	Size	Distance	tangent
478	349.71	244.54	24	25.29062	0.9489685



479	351.44	251.31	16	18.46001	0.8667384
499	373.23	285.02	32	26.57998	1.2039136
522	392.85	247.01	40	47.23505	0.8468288
524	393.39	267.97	40	41.96862	0.9530931

\$Tan\_dependence\_S

[1] 0.1138749

\$Levins\_Simpson

[1] 0.3905817

\$Tan\_dependence\_Wei\_S

[1] 0.07288803

## 2.15.4 绘制单一参照树的加权进界邻体荫蔽度图：

### 2.15.4.1 示例数据：

示例数据来源于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf，我们将样地内各林木体量数据乘以 20 作为树高。同时，我们将在选择物种 1 第 130 号作为参照树计算其顶端与基部的加权进界邻体荫蔽度，并绘制加权进界邻体荫蔽度图。

####数据如下所示

species1[,3]=species1[,3]\*20####将物种 1 的体量乘以 20 代表树高

sp1\_130top=species1[130,]

sp1\_130top####展示物种 1 的 130 号林木的信息

####输出结果，可见 130 号林木的横、纵坐标分别为 351.46 m 与 269.77 m，树高为 8.2 m。

	x	y	size
130	351.46	269.77	8.2

sp1\_130bottom= sp1\_130top

sp1\_130bottom[,3]=0

sp1\_130bottom####物种 1 第 130 林木所处位置地表信息

####输出结果

	x	y	size
130	351.46	269.77	0

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4
...			

### 2.15.4.2 指令形式：

plot.Tan.dependence.Weig\_S.single (a,b,scale,MI)

### 2.15.4.3 参数意义：

a—需要计算加权进界邻体荫蔽度的位置与高程

b—样地中林木分布坐标与树高

Tan—光因子干扰势临界值

MI—修正系数

2.15.4.4 例：

####本例中，将以 0.8 为临界值，0.3 为修正系数，计算物种 1 第 130 号林木顶端与基部的加权进界邻体荫蔽度，并绘图

```
plot.Tan.dependence.Wei_S.single(sp1_130top,species1_2,0.8,0.3)
```

```
plot.Tan.dependence.Wei_S.single(sp1_130bottom,species1_2,0.8,0.3)
```

####输出结果

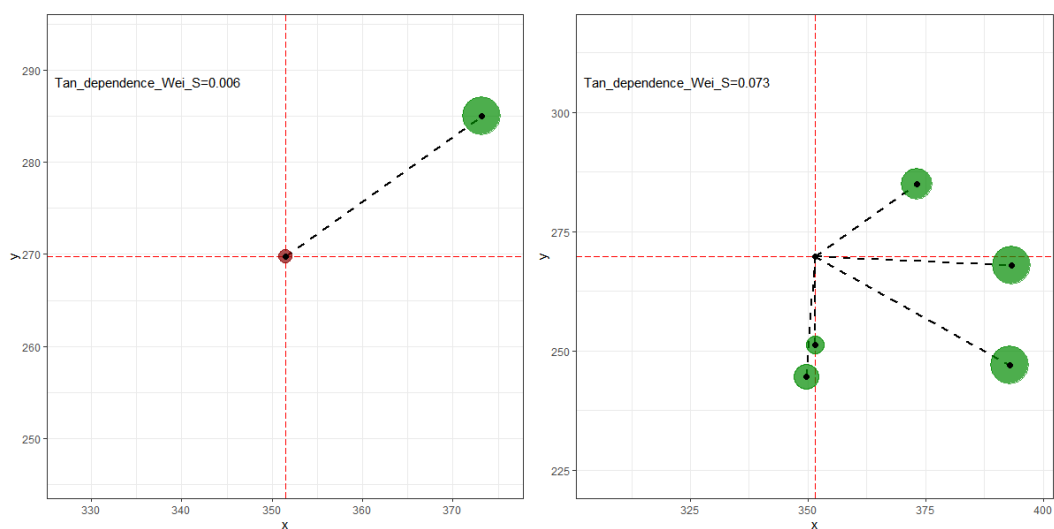


图 物种 1 第 130 号林木顶端与基部加权进界邻体荫蔽度图

## 2.15.5 计算并绘制林下的加权进界邻体荫蔽度克里金插值图：

### 2.15.5.1 示例数据：

我们将基于 Programita\_2018 中的 DataType9.mcf 数据，以 50m 为缓冲区消除边界效应后，对林下地表的加权进界邻体荫蔽度进行克里金插值，并绘制插值图。所用数据包含全林分中各林木的坐标与树高。其中各林木树高为林木体量乘以 20。

####数据形式如下

species1\_2[,3]=species1\_2[,3]\*20####将林地内全部林木体量乘以 20 作为树高

species1\_2

####输出结果

	x	y	size
1	1.71	117.43	25.2
2	2.85	193.80	25.8
3	3.01	130.90	26.4
4	3.02	172.53	26.4
5	6.38	309.77	27.8
6	6.29	379.99	3.6
7	13.31	459.11	40.0
8	18.97	295.52	22.6
9	18.28	378.22	13.8
10	22.56	372.99	15.4

...

### 2.15.5.2 指令形式：

plot.Tan.dependence.Weig\_S.Krig(minx,maxx,miny,maxy,b,seq,tan,MI)

### 2.15.5.3 参数意义：

a—需要计算加权进界邻体荫蔽度的位置与高程

b—样地中林木分布坐标与树高

Tan—光因子干扰势临界值

MI—修正系数

### 2.15.5.4 例：

####本例中，将以 0.8 为临界值，0.3 为修正系数，以 50 m 为缓冲区，对林下地表的加权进界邻体荫蔽度进行克里金插值，并绘制插值图。

plot.Tan.dependence.Weig\_S.Krig(50,450,50,450,species1\_2,40,0.8,0.3)

####输出结果

	model	psill	range
1	Nug	0.005876023	0.00000
2	Sph	0.028887065	47.80766

[using ordinary kriging]

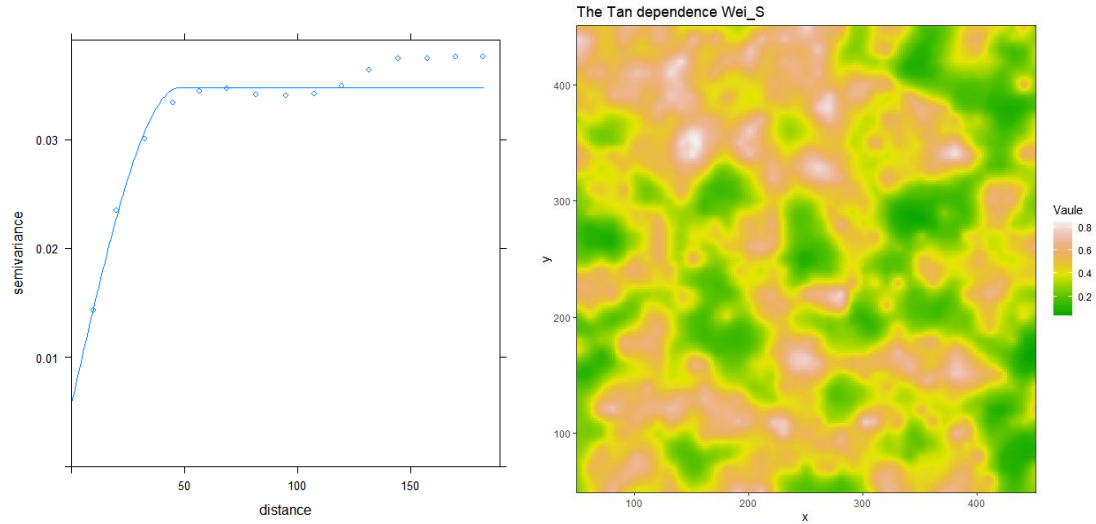


图 林下加权进界邻体荫蔽度半变异函数与克里金插值图

```
###为插值图添加立木分布、树高信息与缓冲区
P=plot.Tan.dependence.Wei_S.Krig(50,450,50,450,species1_2,40,0.8,0.3)
p1=p+geom_vline(xintercept = c(50,450),linetype=2)+geom_hline(yintercept =c(50,450),linetype=2)
p2=p1+scale_x_continuous(expand= c(0,50))+scale_y_continuous(expand= c(0, 50))
p3=p2+geom_point(data=species1_2,aes(x=x,y=y),size=species1_2$size/8,col="green4",alpha=0.6)+scale
_x_continuous(expand= c(0, 0))+scale_y_continuous(expand= c(0, 0))
p3
####输出结果
```

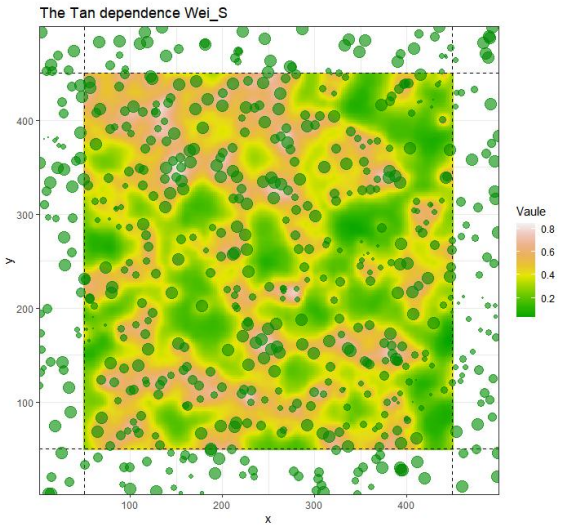


图 添加缓冲区与立木坐标的林下加权进界邻体荫蔽度克里金插值图