

R 包 niche.kernel 手册

Handbook of R Package niche.kernel

| | |
|--|----|
| 1 总论 | 4 |
| 1.1 概念与方法 | 4 |
| 1.1.1 生态位 | 4 |
| 1.1.2 生态位宽度与生态位特化度 | 6 |
| 1.1.3 生态位重叠 | 8 |
| 1.1.5 生态位漂移与生态位差异检验 | 8 |
| 1.1.6 生态位漂移驱动因素分析 | 9 |
| 1.1.7 核概率密度函数及优势 | 10 |
| 1.2 数据 | 11 |
| 1.2.1doubts 数据集 | 11 |
| 1.2.2 ecospat.testNiche.nat 与 ecospat.testNiche.inv 数据集 | 13 |
| 1.2.3 外源数据读入 | 14 |
| 2 生态位分析 | 17 |
| 2.1 一维生态位分析 | 17 |
| 2.1.1 绘制一维物种生态位图 | 18 |
| <i>plot.niche.oned(entity,envback,pro=T,conf)</i> | 18 |
| 2.1.2 计算一维物种生态位宽度 | 20 |
| <i>breadth.niche.oned(entity,envback,seq,conf)</i> | 20 |
| 2.1.3 计算物种间一维生态位重叠 | 23 |
| <i>niche.overlap.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,conf)</i> | 23 |
| 2.1.4 绘制两物种间一维生态位重叠图 | 24 |
| <i>plot.niche.overlap.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,conf)</i> | 24 |
| 2.1.5 生态位保守假设下物种资源利用投影（一维） | 26 |
| <i>projection.niche.oned(enity1,envback1,envback2,size)</i> | 26 |
| 2.1.6 两物种间一维生态位漂移（差异）显著性检验与画图 | 28 |
| <i>plot.niche.different.test.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,combine=True,tail=1,replicate)</i> | 28 |
| 2.1.7 计算两物种间一维生态位漂移（差异）或保守的置信度 | 32 |
| <i>conf.niche.different.test.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,F,199,con=T)</i> | 32 |
| 2.1.8 计算一维生态位漂移驱动并作图 | 34 |
| <i>plot.niche.dyn.oned (entity1,entity2,envback1,envback2,conf)</i> | 34 |
| 2.1.9 计算修正的一维生态位漂移驱动并作图 | 35 |

| | |
|--|----|
| <i>plot.niche.modif_dyn.oned (entity1,entity2,envback1,envback2,conf)</i> | 35 |
| 2.2 二元生态位分析 | 36 |
| 2.2.1 绘制物种二维生态位图..... | 37 |
| <i>plot.niche.twod(entity,envback,pro=TRUE,conf)</i> | 37 |
| 2.2.2 计算物种二维生态位宽度..... | 39 |
| <i>breadth.niche.twod(entity,envback,seq,conf)</i> | 39 |
| 2.2.3 计算物种间二维生态位重叠..... | 42 |
| <i>niche.overlap.twod(entity1,entity2,envback1,envback2,conf)</i> | 42 |
| 2.2.4 绘制物种间二维生态位重叠图..... | 43 |
| <i>plot.niche.overlap.twod(entity1,entity2,envback1,envback2)</i> | 43 |
| 2.2.5 生态位保守假设下物种资源利用投影（二维） | 45 |
| <i>projection.twod(entity1,envback1,envback2,size)</i> | 45 |
| 2.2.6 两物种间二维生态位漂移（差异）显著性检验与绘图..... | 46 |
| <i>plot.niche.different.test.twod(entity1,entity2,envback1,envback2,combine=True,tail=1,replicate)</i> | 46 |
| 2.2.7 计算两物种间二维生态位漂移（差异）或保守的置信度..... | 49 |
| <i>conf.niche.different.test.twod(entity1,entity2,envback1,envback2,F,199,con=T)</i> | 49 |
| 2.2.8 计算物种二维生态位漂移驱动与作图..... | 50 |
| <i>plot.niche.dyn.twod (entity1,entity2,envback1,envback2,conf)</i> | 50 |
| 2.2.9 计算修正的二维生态位漂移驱动与作图..... | 51 |
| <i>plot.niche.modif_dyn.twod (entity1,entity2,envback1,envback2,conf)</i> | 51 |

1 总论

在 R package `niche.kernel` 中，我们以核概率密度函数为基础，建立一套了分析不同研究尺度下物种生态位的方法。具有绘制一维及二维物种生态位图；以 Levins-Shannon Wiener 指数、Levins-Simpson 指数与 Feinsinger 模型计算物种生态位宽度及生态位特异性；以计算物种间生态位重叠；判断物种生态位漂移或生态位差异显著性；分析物种生态位漂移驱动因素的功能。

该软件包可以用于群落组配机制分析、生物入侵预测与防护、农林业病虫害防治、动植物引种、绿化树种选择等科研与生产工作。

1.1 概念与方法

1.1.1 生态位

B. Olivier 等（2012）等曾给出一组公式以，物种所处的环境或资源利用状态的概率密度函数与环境或资源背景可用性的概率密度函数间的比值表征物种的生态位，即将生态位作为物种对环境或资源空间中不同位置的偏好程度，而非实际利用状况。这一思想被集成于由 Antoine Guisan 团队开发的 R package `ecospat` 中，被各国学者广泛运用。

与 R package `ecospat` 相同，我们开发的 R package `niche.kernel` 中构建生态位的方法参亦考等 B. Olivier 等(2012)的研究，但构建过程与其有些许不同。以下，我们首先展示 B. Olivier 等表征生态位的方法。

在模拟生态位的过程中，Olivier 首先将环境背景均等的划分为若干资源位（区间） v_{ij} ，并模拟物种对不同资源位的利用状态 o_{ij} 。

$$o_{ij} = \frac{\delta(n_{ij})}{\max(n_{ij})} \quad (1)$$

式中 $\delta(n_{ij})$ 是以核概率密度函数模拟的各个资源位 v_{ij} 中所研究物种的存在数量； $\max(n_{ij})$ 是现实中各个资源位中所存在的最大的物种存在数量。 o_{ij} 取值范围在 0—1 之间，其中 0 代表物种对所处的资源位没有利用，1 代表物种对所处的资源位利用程度最高。同时，其以相似方法计算环境背景的可用性 e_{ij} 。

$$e_{ij} = \frac{\delta(N_{ij})}{\max(N_{ij})} \quad (2)$$

式中 $\delta(N_{ij})$ 是处于资源位 v_{ij} 的环境背景点(site, 如中国积温分布栅格图中的栅格)的个数； $\max(N_{ij})$ 是不同资源位中所具有的最多的环境背景点的数量。 e_{ij} 的取值范围亦为 0—1。最终，Olivier 等基于 o_{ij} 与 e_{ij} 的关系计算出物种的生态位 z_{ij} 。

$$z_{ij} = \frac{o_{ij}/e_{ij}}{\max(o/e)} \quad \text{if } e_{ij} \neq 0 \quad (3)$$

$$z_{ij} = 0 \quad \text{if } e_{ij} = 0 \quad (4)$$

z_{ij} 的取值范围亦为 0—1。Olivier 等指出, z_{ij} 可以提供一种环境背景非均值条件下, 不同物种资源利用的直接与无偏估计。

我们的 R 包在构建生态位时, 方法与 R package `ecospat` 同源, 均来源于 Olivier 等的方法, 但细节与其有些许不同。在构建生态位的过程中, 首先我们在环境背景中均匀选取为若干资源情景 p_{ij} (点, 为资源位 v_{ij} 的均值), 并模拟物种对不同资源情景的利用状态 o_{ij} 。

$$o_{ij} = \frac{f(n_{ij})}{\max(f(n_{ij}))} \quad (5)$$

式中 $f(n_{ij})$ 为物种资源利用状态的核概率密度函数在资源情景点 p_{ij} 上的取值; $\max(f(n_{ij}))$ 为物种资源利用状态的核概率密度函数的最大值。之后, 我们以相同的方法计算环境背景的可用性 e_{ij} 。

$$e_{ij} = \frac{f(N_{ij})}{\max(f(N_{ij}))} \quad (6)$$

$$\text{if } e_{ij} < 0.01 \text{ then } e_{ij} = 0 \quad (7)$$

式中 $f(N_{ij})$ 为环境背景的核概率密度函数在资源情景 p_{ij} 上的取值; $\max(f(N_{ij}))$ 为环境背景的核概率密度函数的最大值。最终, 我们基于 o_{ij} 与 e_{ij} 计算物种生态位 z_{ij} 。

$$z_{ij} = \frac{o_{ij}/e_{ij}}{\sum (o_{ij}/e_{ij})} \quad \text{if } e_{ij} \neq 0 \quad (8)$$

$$z_{ij} = 0 \quad \text{if } e_{ij} = 0 \quad (9)$$

对比我们与 Olivier 等构建生态位的方法, 主要存在两点差异。其一为公式 (2) 与公式 (6)、(7) 间的差异, Olivier 等在研究环境或资源背景可利用性时, 将资源背景均匀的划分为若干资源位 (区间), 并统计数据中处于个资源位中的环境背景点的数量, 根据其公式 (2), 当资源位中没有环境背景点存在时 e_{ij} 为 0; 而我们在研究资源背景的可利用性时, 在环境背景中均匀的选取若干资源情景点, 并进一步计算各资源情景点的核概率密度函数值, 而由于核概率密度函数是连续函数, 若资源位中没有环境背景点存在时以公式 (6) 进行计算时 e_{ij} 的值并非为 0, 此后我们以公式 (7) 确定环境背景的背景。R package `niche.kernel` 中并未应用公式 (2) 的原因在于, Olivier 等的主要研究方向是大区域尺度的物种分布模型 (Species Distribution Model, SDM) 与生态位模型 (ENM), 其资源、环境背景数据常由地统计学方法获取, 数据量丰富, 缺失值较少。而我们建立 R package `niche.kernel` 的目的除了服务于大区域尺度研究外, 同时希望其可以用于局域尺度内的野外湿地调查数据的分析。相较于大区域尺度数据, 野外调查数据通常数量较小, 样本全面性较差, 需要以概率密度函数进行一定的外延与补充。不得不说, 虽然以公

式（6）、（7）替代公式（2）会在某些时刻加大分析误差，但这也在一定程度上增加了方法应对不同研究尺度生态学问题的普适性。

对比公式（2）与公式（8）可以发现我们与 Olivier 等构建生态位模型时的第二点差异，两公式中分子相同但分母有所差异，这代表了两种不同形式的标注化。Olivier 等将 $\max(o/e)$ 作为分母，使 z_{ij} 的取值范围由 0 到 1。正如其在文章中所言，其 z_{ij} 可以提供一种环境背景非均值条件下，不同物种资源利用的直接与无偏估计。而我们在运算过程中将 $\sum (o_{ij}/e_{ij})$ 作为分母，这将使函数的累加值为 1，其中隐含的含义为物种对不同资源情景的总利用率为 100%。这无疑更符合概率分布函数的内涵，也将使进一步计算物种生态位宽度或不同物种间的生态位重叠时更具理论意义。

1.1.2 生态位宽度与生态位特化度

1.1.2.1 生态位宽度

生态位宽度（niche breadth）是生态位测度的重要方向，亦称为生态位广度（niche width）或生态位大小（niche size），是物种或种群适应环境或利用资源的实际幅度或潜在能力（李志德 等,2006）。生态位宽度的计算公式众多，如 Levins-Shannon Wiener 指数、Levins-Simpson 指数、Petratis 模型、Schoener 模型、Hurlbert 模型、Feinsinger 模型、Smith 模型、Pielou 模型等。我们在 R package niche.kernel 中集成了 Levins-Shannon Wiener 指数、Levins-Simpson 指数与 Feinsinger 模型。以下对此三种生态位宽度测度模型进行介绍。

1.1.2.1.1 Levins-Simpson 指数

生态位宽度的测度最早由 R. Levins 提出,他将 Shannon Wiener 指数与 Simpson 指数的倒数作为生态位宽度的测度值（Levins 1968）。其中，Levins-Simpson 指数公式如下：

$$B = \frac{1}{\sum_{j=1}^s P_j^2} = \sum_{j=1}^s \frac{N_j^2}{N_T^2}, B \in [1, s] \quad (10)$$

式中， B 为生态位宽度； j 代表资源位，共划分 s 个资源位； P_j 为物种处于资源位 j 的概率； N_j 为资源位 j 中所研究物种的实测个数； N_T 为研究物种的总个数。当物种平均分布于各个资源位时， B 值最大，取值为 s ；而当所研究的物种分布于单一资源位中时 B 值最小，取值为 1，固有 $B/s \in [1/s, 1]$ 。

在以 package niche.kernel 计算 Levins-Simpson 指数时，我们以 z_j 替换 P_j 。同时，我们将 B/s 作为标准化的 Levins-Simpson 指数，既有：

$$B = \frac{1}{\sum_{j=1}^s z_j^2}, B \in [1, s] \quad (11)$$

$$B_{standard} = \frac{1}{s \cdot \sum_{j=1}^s P_j^2}, B \in [\frac{1}{s}, 1] \quad (12)$$

1.1.2.1.2 Levins-Shannon Wiener 指数

Levins-Shannon Wiener 指数公式如下：

$$B = -\sum_{j=1}^s P_j \cdot \ln(P_j) \quad B \in [0, \ln(s)] \quad (13)$$

式中各参数含义与 Levins-Simpson 指数公式中相同， B 在物种平均利用各资源位时达到最大值 $\ln(s)$ ，而当物种专性利用单一资源位时 B 取值为 0，因此 $B/\ln(s) \in [0,1]$ 。

R package `niche.kernel` 中，以 z_j 替换 P_j ，故有：

$$B = -\sum_{j=1}^s z_j \cdot \ln(P_j) \quad B \in [0, \ln(s)] \quad (14)$$

$$B_{standard} = (-\sum_{j=1}^s z_j \cdot \ln(P_j)) / \ln(s) \quad B \in [0,1] \quad (15)$$

1.1.2.1.3 Feinsinger 模型

该模型于 1981 年由 P. Feinsinger 等应用于生态位宽度的计算，是一种比例相似性模型，Feinsinger 等在应用该模型时将生态位宽度视为一个种群利用资源的概率分布与可利用资源的概率分布间的相似度。该方程也曾用于生态位重叠与种群相似性的测度。其形式如下：

$$PS = \sum_{j=1}^s \min(p_j, q_j) \quad PS \in [0,1] \quad (16)$$

式中， p_j 为物种处于资源位 j 的概率； q_j 是物种可利用的资源状态 j 占整个可利用资源的比例。我们将全部环境背景均作为物种潜在的可利用资源。

1.1.2.2 生态位特化度

生态位特化度（Niche Specialization）反应物种专性利用特定资源或环境的能力。泛（广）生态位种的生态位特化度较低，而狭生态位种具有较高的生态位特化度。在 R package `niche.kernel` 中，我们以 Simpson 指数的形式计算物种的生态位特化度：

$$NS = \sum_{j=1}^s P_j^2 \quad NS \in [1/s, 1] \quad (17)$$

式中， NS 为生态位特异性； j 代表第 j 个资源位； s 为资源位总数。在 package `niche.kernel` 的运算过程中，我们以 z_{ij} 代替 P_j ，以消除环境或资源背景可用性不均衡的影响，故有：

$$NS = \sum_{j=1}^s z_j^2 \quad NS \in [1/s, 1] \quad (18)$$

同时，我们对上式进行修订，将其取值范围限定在 0.1—1 之间：

$$NS_{standard} = (\sum_{j=1}^s z_j^2)^{\frac{1}{\lg(s)}} \quad NS \in [0.1,1] \quad (19)$$

1.1.3 生态位重叠

在 R package niche.kernel 中，我们基于 Schoener 模型计算物种间生态位重叠（T.W Schoener.1970, B. Olivier et al.2012）。Schoener 模型与 Feinsinger 生态位宽度模型具有相同的形式，亦是比例相似模型，可用于计算两物种资源利用状态的相似性。Schoener 模型公式如下：

$$D = \sum_{j=1}^s \min(P_{1j}, P_{2j}) = 1 - \frac{1}{2} (\sum_{j=1}^s |P_{1j} - P_{2j}|) \quad D \in [0,1] \quad (20)$$

式中， D 为两物种间的生态位重叠程度。 P_{1j} 为物种 1 处于资源位 j 的频率； P_{2j} 为物种 2 处于资源位 j 的频率。在 R package niche.kernel 中，我们以物种 1 的生态位 z_{1ij} 和物种 2 的生态位 z_{2ij} 分别替换 P_{1j} 与 P_{2j} 以求得两物种间的生态位重叠。

1.1.5 生态位漂移与生态位差异检验

当分析两物种间生态位差异问题时，首先应明确研究问题属于生态位漂移或单纯的生态位差异。

生态位漂移 (niche shift) 可定义为由于一定的内在与外部原因，物种（广义，包括种、亚种、功能群、系统发育种等）的生态位（空间生态位、资源-环境生态位、功能生态位等）相较于其原始状态或参比系发生了显著的改变。不同的研究者基于不同的研究目的对生态位漂移的概念具有不同的应用。如物种由其生长的原生生境入侵到新生境，由于外部环境条件与种内、种间关系发生改变，其生态位发生快速变化，可称为生态位漂移；由于种间竞争造成生态位压缩（niche compress）与生态位分离（niche separation），由于竞争关系减弱造成生态位释放（niche release），可称为生态位漂移；动、植物在不同发育阶段中，对环境、资源利用状态的改变可称为个体发育生态位漂移(ontogenetic niche shift)；生物种群在不同的季节或时间的资源利用状态差异可称为时间生态位漂移（temporal niche shift）；生物群落中物种作用和地位的转变可称为功能生态位漂移（functional niche shift）等。

物种的生态位是否具有原始状态或参比系是研究问题是否属于生态位漂移问题的最终判别因素。在判别生态位漂移是否具有显著性应判别发生漂移后的生态位是否显著区别于原始生态位的随机变化。而判断一般的种间生态位差异问题显著性时，则可通过两物种间生态位相似性是否显著不同于合并总体后随机抽样产生的虚拟种间的生态位相似性确定。

相对于物种生态位本身，物种的空间分布状态与资源利用状态更为直观，其数据是各类生态学调查中说获取的一手数据。在该 R 包中，我们基于物种的分布或资源利用状态数据，建立两种零模型以分别检验生态位漂移显著性与生态位差异显著性。为了便于陈述两种零模型，我们使用物种 1 与物种 2 的称谓方式，在研究的科学问题不属于生态位漂移问题时，物种 1 与物种 2 的含义没有本质区别，即代表两个不同的种（广义包括物种、功能群、系统发育种等）。而当分析的科学问题属于生态位漂移范畴时，

我们将物种 1 规定为具有发生潜在生态位漂移前原始生态位的种，例如分布于原生生境的物种；将物种 2 规定为发生了潜在可能发生生态位漂移的种，例如入侵到新大陆的物种。

当研究问题不属于生态位漂移时，在零模型中，我们将物种 1 与物种 2 的资源或环境利用数据与两者的资源或环境背景数据分别合并。之后，根据物种 1 与物种 2 的种群规模在合并的资源利用数据中抽样作为虚拟物种的资源利用状态，并以合并的资源或环境背景数据作为背景环境，计算两虚拟物种的生态位重叠。将上述过程重复多次，以蒙特卡洛法构建假设检验置信区间，将该区间与物种 1 和物种 2 间真实生态位重叠相比较以判断二者生态位是否具有显著性差异。

当研究问题属于生态位漂移问题时，零模型的零假设为相较于物种 1，物种 2 的生态位未发生显著漂移。我们基于物种 1 生态位保守的原则，在物种 2 所处的资源或环境可用性背景中以物种 2 的种群规模投射出虚拟物种的资源或环境利用状态，并计算出其与物种 1 的生态位重叠值。将以上过程重复多次以蒙特卡洛法构建假设检验的置信区间，并将该区间与物种 1 和物种 2 的真实生态位重叠值比较，以判断两物种间是否发生了显著的生态位漂移。

1.1.6 生态位漂移驱动因素分析

1.1.6.1 Petitpierre 生态位漂移驱动分析

B. Petitpierre 等（2012）建立了 Stability、Unfilling、Expansion 体系以定量分析引起生态位漂移的驱动因素。其中：

Stability 为原生种的生态位和入侵种的生态位之间共享的区域。这个区域是生态位保守性的估计(S, 入侵生态位中与原生生态位重叠的比例)

Unfilling 为原生种的生态位空间中不与入侵种的生态位共享的部分，表示入侵种的生态位未占据的潜在生态空间。(U, 原生种生态位空间中未被入侵生态占据概率密度的与原生生态位的总概率密度的比例)

Expansion 为入侵种的生态位空间中不与原生种的生态位共享的区域。这个区域反应生态位漂移的程度，它表示物种在入侵新生境后占据了新的气候环境(E, 入侵种生态位空间中，为被原生种生态位占据的概率密度与入侵生态位的总概率密度的比例)。

下图为 Petitpierre 生态位漂移驱动分析示意图：

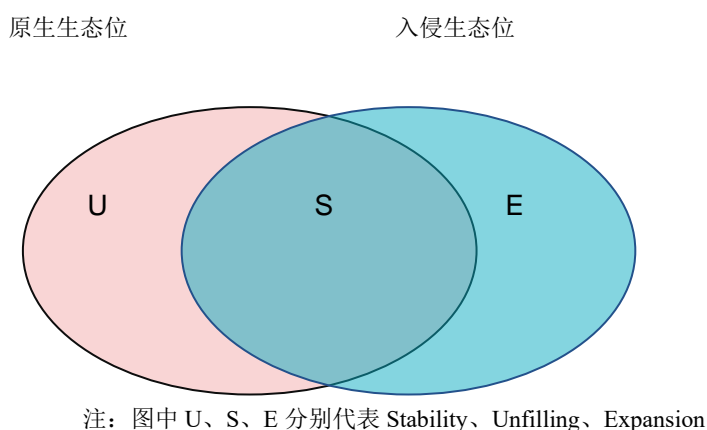


图 1 Petitpierre 生态位漂移驱动分析示意图

1.1.6.2 修正生态位漂移驱动分析

当物种入侵发生，即使入侵种生态位未发生漂移，其与原生种生态位间的差异也可能由于原生大陆与入侵大陆间环境背景涵盖范围的差异而产生。Petitpierre 生态位漂移驱动分析中的 Unfilling 可能来源于不同大陆环境背景涵盖范围的差异。

因此，我们对 B. Petitpierre 生态位漂移驱动分析进行了修正，首先将本地种的生态位以生态位保守的原则投影到入侵种所处的环境背景中，并将投影后所产生的生态位作为入侵生态位的原始参比状态，并以之计算 Stability、Unfilling、Expansion 三项指标。如此，可以消除本地种与入侵种所处环境背景的涵盖范围不同对二者生态位相似性造成的影响。与 Petitpierre 生态位漂移驱动分析中的 Unfilling 相比，以修正方法计算的 Unfilling 可以排除环境背景可用性的影响从而更明确的反应由于扩散限制、滞后效应等引起的生态位差异。

1.1.7 核概率密度函数及优势

根据样本推测总体分布问题是密度估计的基本问题。密度估计分为参数密度估计和非参数密度估计。参数估计根据样本统计量，假设已知样本总体分布形式，根据预先定义的分布函数，采用参数估计的方法确定总体分布函数。但经验表明，参数估计的这种基本假定与实际分布之间常常存在较大的偏差。非参数密度估计不需要已知分布函数形式，分布估计完全由样本数据决定，相比参数密度估计能精确地描述连续变量的密度函数，并能给出准确的密度估计结果。

相较于其他学科，生态学以自然界为研究主体，由于各类生态效应的综合作用使研究数据的分布形式更为复杂多变。以核概率密度函数分析生态学问题可以更好的反应真实自然规律，体现各类生态效应的影响。

核概率密度估计是非参数概率密度估计中常用的方法，有着广泛的应用和良好的理论基础。我们将在 R package niche.kernel 中将核概率密度函数用于不同研究尺度下物种生态位的分析，以期提供一种灵活、准确的物种——资源、环境关系分析方法，为群落组配机制分析、生物入侵预测与防护、动植物引种、绿化树种选择等科研与生产工作提供有效、便捷的工具。

1.1.7.1 一维核概率密度估计

在此，首先介绍一维核概率密度估计。

若 x_1, x_2, \dots, x_n 取至连续分布函数 $p(x)$ ，在任意 x 处的核密度估计为：

$$\widehat{p(x)} = \frac{1}{n \cdot h} \sum_{i=1}^n w_i = \frac{1}{n \cdot h} \sum_{i=1}^n K\left(\frac{x-x_i}{h}\right), \int \widehat{p(x)} dx = 1 \text{ and } \widehat{p(x)} \geq 0 \quad (21)$$

式中， $K(\cdot)$ 称为核函数（kernel function），在 package niche.kernel 中，我们所用的核函数为高斯核（Gauss kernel），其形式为标准正太分布函数：

$$K(u) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \cdot \exp\left(-\frac{1}{2}u^2\right) \quad (22)$$

式中 h 为带宽，在 `package niche.kernel` 中，我们以标准带宽公式（B.W Silverman,1986）计算带宽。

$$h = \frac{0.9 \min [sd, \frac{IQR}{1.34}]}{n^{\frac{1}{5}}} \quad (23)$$

其中， sd 为标准差， IQR 为内四份位数范围。

1.1.7.2 二维核概率密度估计

在二维核密度估计中，我们假设 x_1, x_2, \dots, x_n 是二维向量，并取至连续分布函数 $p_{(x)}$ ，在任意 x 处的核密度估计为：

$$\widehat{p_{(x)}} = \frac{1}{n \cdot h_1 \cdot h_2} \sum_{i=1}^n w_i = \frac{1}{n \cdot h_1 \cdot h_2} \sum_{i=1}^n K\left(\frac{x-x_i}{h}\right), \int \widehat{p_{(x)}} dx = 1 \text{ and } \widehat{p_{(x)}} \geq 0 \quad (24)$$

上式中 h_1 与 h_2 分别为第一维与第二维的带宽， $K(\cdot)$ 为二维核函数，我们应用二维高斯核函数作为核函数，其形式如下：

$$K(u) = \frac{\exp(-x^T x/2)}{2\pi} \quad (25)$$

1.2 数据

软件包中包含两类示例数据集，其中第一类为区域研究尺度内物种分布—环境数据集，为引自 R 包 `ade4` 中的 `doubs` 数据集；第二类为全球尺度的物种分布—环境数据集，为引自 R 包 `ecospat` 中的 `ecospat.testNiche.nat` 与 `ecospat.testNiche.inv` 数据集。我们将以我们将以不同研究尺度的物种分布—环境数据为例子，对 R 包 `niche.kernel` 的应用进行详细介绍，以利于不同目的研究者对软件包的应用。

1.2.1doubs 数据集

Verneaux 在其博士论文中建议使用淡水鱼类类指示水体质量，并基于指示鱼种将法国与瑞士边境 Jura 山脉 Doubs 河分为不同生态区。`doubs` 数据为 Verneaux 以鱼种划分 Doubs 河生活区时所用的数据，该数据集包含 Doubs 河中 30 个取样点的地理位置与 10 项水体环境数据，并包含各样点中 27 种鱼种的丰富度。本包中我们截取 `doubs` 数据集中褐鳟鱼和鲃鱼的部分数据用做实例分析。`doubs` 数据集在 R 包 `ade4` 中可以获取。

在分析区域尺度一维环境梯度中的物种生态位时，我们以 Doubs 河中 30 个样点中褐鳟鱼和鲃鱼的丰富度与各样点的水体含氧量数据作为示例，提取数据代码如下。

####加载 `doubs` 数据集

```

data("doubts",package="ade4")
####从 doubts 数据集中调取褐鳟鱼生活环境的水体含氧量
Satr.oxy=matrix(rep(doubts$env$oxy[1],doubts$fish$Satr[1]))
for (i in 2:30) {
  Satr.oxy=rbind(Satr.oxy,matrix(rep(doubts$env$oxy[i],doubts$fish$Satr[i])))
  Satr.oxy
}
####调取鲃鱼生活环境的水体含氧量
Baba.oxy=matrix(rep(doubts$env$oxy[1],doubts$fish$Baba[1]))
for (i in 2:30) {
  Baba.oxy=rbind(Baba.oxy,matrix(rep(doubts$env$oxy[i],doubts$fish$Baba[i])))
  Baba.oxy
}
####调取 doubts 河全流域的水体含氧量数据作为环境背景数据
env.oxy=matrix(doubts$env$oxy)
#####将上述数据捆绑打包
niche.oned.test_1=list(Satr.oxy=Satr.oxy, Baba.oxy=Baba.oxy, env.oxy=env.oxy)

```

而在分析区域尺度二维环境梯度中的物种生态位时，我们以 Doubs 河中 30 个样点中褐鳟鱼和鲃鱼的丰富度与各样点的水体含氧量—水体硝酸盐浓度二元数据作为示例，提取数据代码如下。

```

####加载 doubts 数据集
data("doubts",package="ade4")
####调取 doubts 河流域的水体硝酸盐浓度与水体含氧量数据
env.nit_oxy=doubts$env[,c(8,10)]
####将 doubts 河流域的水体硝酸盐浓度与水体含氧量数据转换为矩阵形式
env.nit_oxy=cbind(as.matrix( env.nit_oxy[,1]),as.matrix( env.nit_oxy[,2]))
####调取褐鳟鱼生活区域的水体硝酸盐浓度与水体含氧量数据
Satr.nit_oxy=matrix(rep(env.nit_oxy[1,],each=doubts$fish$Satr[1]),,2)
for (i in 2:30) {
  Satr.nit_oxy=rbind(Satr.nit_oxy,matrix(rep(env.nit_oxy[i,],each=doubts$fish$Satr[i]),,2))
  Satr.nit_oxy
}
####调取鲃鱼生活区域的水体硝酸盐浓度与水体含氧量数据
Baba.nit_oxy=matrix(rep(env.nit_oxy[1,],each=doubts$fish$Baba[1]),,2)
for (i in 2:30) {
  Baba.nit_oxy=rbind(Baba.nit_oxy,matrix(rep(env.nit_oxy[i,],each=doubts$fish$Baba[i]),,2))
  Baba.nit_oxy
}

```

```
####将上述数据捆绑打包
```

```
niche.twod.test_1=list(Satr.nit_oxy=Satr.nit_oxy, Baba.nit_oxy= Baba.nit_oxy, env.nit_oxy= env.nit_oxy)
```

1.2.2 ecospat.testNiche.nat 与 ecospat.testNiche.inv 数据集

ecospat.testNiche.nat 与 ecospat.testNiche.inv 数据集集成于 R 包 ecospat 中，该包由物种分布模型领军人物 Antoine Guisan 及团队成员开发。ecospat.testNiche.nat 数据集包含北美不同空间位置（经纬度）的潜在蒸散量、大于 5°C 积温、年降水量、年均气温、极端高温与极端低温等环境背景值以及原产于北美的虚拟物种的空间分布位置；ecospat.testNiche.inv 数据集数据包含澳大利亚的环境背景数与虚拟物种由北美入侵澳大利亚后的分布位置的地理坐标。

在分析一维环境梯度上全球尺度的生物气候生态位时，我们以 ecospat.testNiche.nat 与 ecospat.testNiche.inv 数据集中的年均温度数据为示例，以下代码可提取年均温度数据。

```
####加载 ecospat.testNiche.nat 数据集，该数据为原始生境中生物所处位置的环境条件与环境背景
```

```
data("ecospat.testNiche.nat",package="ecospat")
```

```
####调取原始生境中物种的年均温度环境背景
```

```
tmp.nichebackgorund.nat=ecospat.testNiche.nat[,10]
```

```
####调取原始生境中，具有物种分布地区的年均温度
```

```
tmp.niche.nat=ecospat.testNiche.nat[which(ecospat.testNiche.nat[,11] ==1),10]
```

```
####加载 ecospat.testNiche.inv 数据集，该数据为入侵生物所处位置的环境条件与环境背景
```

```
data("ecospat.testNiche.inv",package="ecospat")
```

```
####调取入侵物种的年均温度环境背景
```

```
tmp.nichebackgorund.inv=ecospat.testNiche.inv[,10]
```

```
####调取具有入侵种分布地区的年均温度值
```

```
tmp.niche.inv=ecospat.testNiche.inv[which(ecospat.testNiche.inv[,11]==1),10]
```

```
#####将上述数据捆绑打包
```

```
niche.oned.test_2=list(tmp.nichebackgorund.nat=tmp.nichebackgorund.nat,tmp.niche.nat=tmp.niche.nat,tmp.nichebackgorund.inv=tmp.nichebackgorund.inv,tmp.niche.inv=tmp.niche.inv)
```

而在分析全球尺度二维环境梯度上的生物气候生态位时，我们以 ecospat.testNiche.nat 与 ecospat.testNiche.inv 数据集中的年均温度—年降水量二元数据为示例，数据可由下列代码提取。

```
####加载 ecospat.testNiche.nat 数据集，该数据为原始生境中生物所处位置的环境条件与环境背景
```

```
data("ecospat.testNiche.nat",package="ecospat")
```

```
####调取原始生境中物种的年降水量与年均温度环境背景
```

```
pandtmp.nichebackgorund.nat=ecospat.testNiche.nat[,c(5,10)]
```

```
####调取原始生境中，具有物种分布地区的年降水量值
```

```
pandtmp.niche.nat=ecospat.testNiche.nat[which(ecospat.testNiche.nat[,11] ==1),c(5,10)]
```

```
####加载 ecospat.testNiche.inv 数据集，该数据为入侵生物所处位置的环境条件与环境背景
data("ecospat.testNiche.inv",package="ecospat")
####调取入侵物种的年降水量与年均温度环境背景
pandtmp.nichebackgorund.inv=ecospat.testNiche.inv[,c(5,10)]
####调取具有入侵种分布地区的年降水量与年均温度值
pandtmp.niche.inv=ecospat.testNiche.inv[which(ecospat.testNiche.inv[,11]==1),c(5,10)]
####将上述数据转换为矩阵形式
pandtmp.niche.nat=cbind(matrix(pandtmp.niche.nat[,1]),matrix(pandtmp.niche.nat[,2]))
pandtmp.niche.inv=cbind(matrix(pandtmp.niche.inv[,1]),matrix(pandtmp.niche.inv[,2]))
pandtmp.nichebackgorund.nat=cbind(matrix(pandtmp.nichebackgorund.nat[,1]),matrix(pandtmp.nichebackgorund.nat[,2]))
pandtmp.nichebackgorund.inv=cbind(matrix(pandtmp.nichebackgorund.inv[,1]),matrix(pandtmp.nichebackgorund.inv[,2]))
####将上述数据捆绑打包
niche.twod.test_2=list(pandtmp.niche.nat=pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv=pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.nat=pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv=pandtmp.nichebackgorund.inv,1)
```

1.2.3 外源数据读入

在此，以.csv 格式数据为例，介绍输入外源数据格式。

在一维生态位分析时读入 entity1、entity2、envback1、envback2 的格式如下图。

| | | | | | | |
|----|-------|-----------|---------|---|--|--|
| 1 | 219.1 | -6.208333 | | | | |
| 2 | 165.9 | -6.791667 | | | | |
| 3 | 164.8 | -6.991666 | | | | |
| 4 | 309 | -6.041667 | | | | |
| 5 | 244.3 | -4.683333 | | | | |
| 6 | 322.2 | -7.050001 | | | | |
| 7 | 312.8 | -6.85 | | | | |
| 8 | 313.2 | -7.316667 | | | | |
| 9 | 314.2 | -4.683334 | | | | |
| 10 | 302.2 | -5.225 | | | | |
| 11 | 238.7 | -5.95 | | | | |
| 12 | 143.1 | -7.241667 | | | | |
| 13 | 152.3 | -6.6 | | | | |
| 14 | 323.5 | -6.058333 | | | | |
| 15 | 333.4 | -7.591666 | | | | |
| 16 | 286.2 | -2.708333 | | | | |
| 17 | 286.5 | -3.05 | | | | |
| 18 | 301.2 | -2.975 | | | | |
| 19 | 329.1 | -2.866666 | | | | |
| 20 | 353.1 | -3.458333 | | | | |
| 21 | 233.3 | -5.966667 | | | | |
| 22 | 333.5 | -7.741668 | | | | |
| 23 | 322.8 | -3.1 | | | | |
| 24 | 310.7 | -3.158334 | | | | |
| 25 | 172.3 | -6.441667 | | | | |
| 26 | 343.9 | -7.649999 | | | | |
| 27 | 355.9 | -5.891667 | | | | |
| 28 | 347.7 | -6.308333 | | | | |
| 29 | 245.1 | -5.508334 | | | | |
| 30 | 269.8 | -5.5 | | | | |
| 31 | 281.6 | -6.831666 | | | | |
| | | | entity1 | + | | |

图 3 二维生态位分析数据示意图

2 生态位分析

2.1 一维生态位分析

2.1.1 绘制一维物种生态位图

`plot.niche.oned(entity,envback,pro=T,conf)`

2.1.1.1 功能概述：

该功能用于绘制一维物种生态位图。

2.1.1.2 参数意义：

`entity`—物种的资源利用状态（捕食猎物大小等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布，如分布位置的年降水）。

`envback`—物种的可利用资源背景或环境背景。

`pro`—判定物种是否为优先种（如入侵物种在原始生境的分布、基因突变或生态位释放前的物种），并选择不同颜色绘图。

`conf`—用于以特定范围的物种分布或资源利用包络绘图。

2.1.1.3 例：

例 1：

####本例中，我们以 Doubs 河的全流域水体含氧量为环境背景，绘制褐鳟鱼的水体含氧量生态位图。我们将分别绘制 100%包络的褐鳟鱼的水体含氧量生态位图与 50%包络的褐鳟鱼的水体含氧量生态位图。

（50%代表包络临界值为核概率密度函数最大取值的 50%）

`plot.niche.oned(Satr.oxy, env.oxy,pro=T,1)`

`plot.niche.oned(Satr.oxy, env.oxy,pro=F,0.5)`

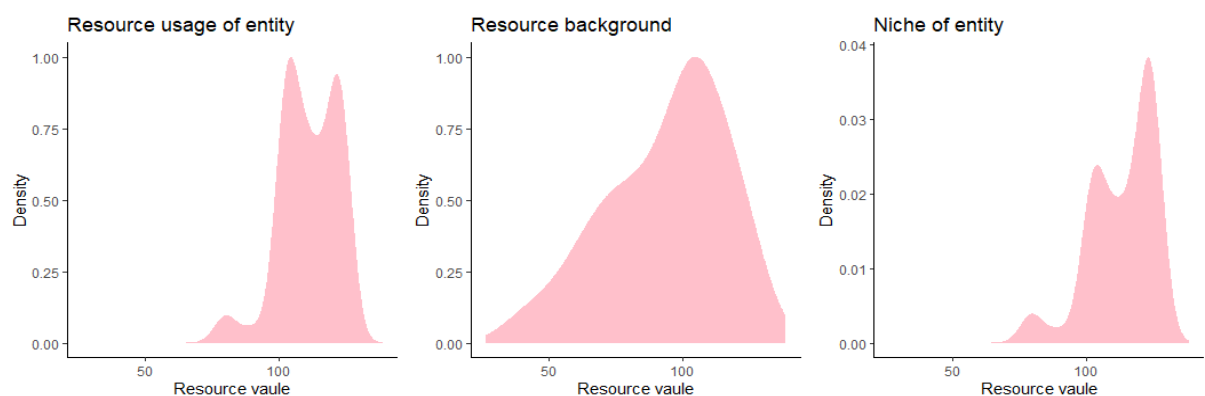


图 4 100%包络的褐鳟鱼的水体含氧量生态位图

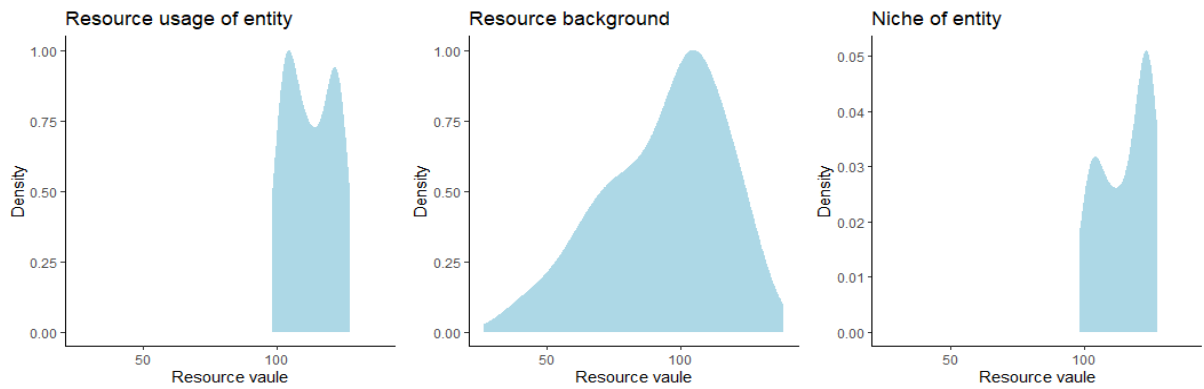


图 5 50%包络的褐鳟鱼的水体含氧量生态位图

图 4 图 5 中由左到右分别褐鳟鱼种群所处水体含氧量环境的概率分布，Doubs 河水体含氧量的概率密度分布及褐鳟鱼的水体含氧量生态位图。

例 2:

####本例中，我们将基于 Antione Guisan 团队的虚拟数据，分别绘制年均温度环境梯度下原生种与入侵种的生态位图。

`plot.niche.oned(tmp.niche.nat,tmp.nichebackgorund.nat,pro=T,1)`

`plot.niche.oned(tmp.niche.inv,tmp.nichebackgorund.inv,pro=F,1)`

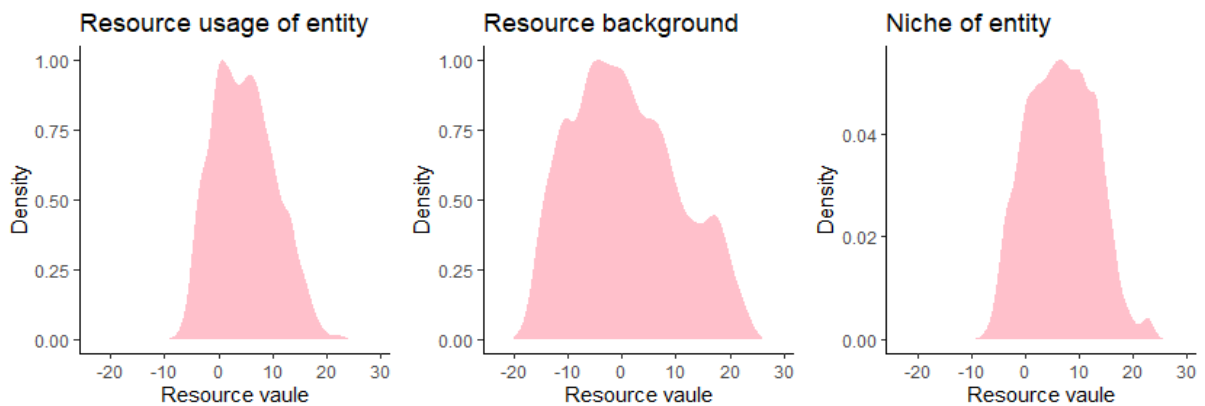


图 6 原生大陆中物种年均温度生态位图

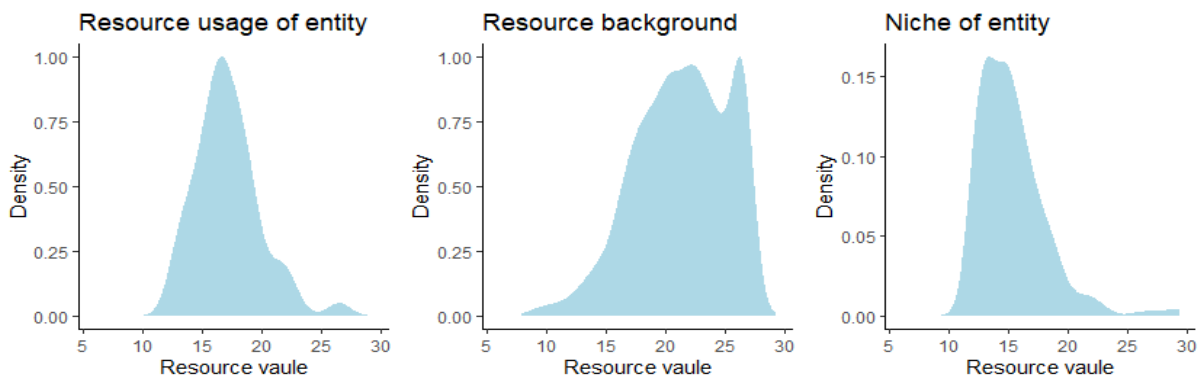


图 7 入侵大陆中物种年均温度生态位图

2.1.2 计算一维物种生态位宽度

breadth.niche.oned(entity,envback,seq,conf)

2.1.2.1 功能概述:

该功能可用于计算一维环境梯度上物种的 Levins、Feinsinger 生态位宽度以及生态位特化度。

2.1.2.2 参数意义:

entity—物种的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback—物种的可利用资源背景或环境背景。

seq—将环境背景最小值到最大值等间距分成多份。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）计算生态位宽度。

2.1.2.3 例:

####本例将计算 Doubs 河中水体含氧量环境梯度上，褐鳟鱼与鲃鱼的生态位宽度。我们将在 100%包络与 50%包络上分别计算二者的生态位宽度。

####计算 100%包络上褐鳟鱼的生态位宽度

```
breadth.niche.oned(Satr.oxy,env.oxy,1000,1)
```

####输出结果

```
$s
```

```
[1] 1000
```

```
$Lev.SIM
```

```
$Lev.SIM$Levins_Simpson
```

```
[1] 349.015
```

```
$Lev.SIM$Stand_Levins_Simpson
```

```
[1] 0.349
```

```
$Lev.SH.W
```

```
$Lev.SH.W$Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 6.015
```

```
$Lev.SH.W$Stand_Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 0.871
```

```
$Feinsinger
```

```
[1] 0.569
```

```
$N.S
```

```
$N.S$Niche.Specialization
```

```
[1] 0.003
```

```
$N.S$Modif_Niche.Specialization
```

```
[1] 0.142
```

####将水体含氧量环境背景切分为 1000 份，计算 100%包络上鲃鱼的生态位宽度

```
breadth.niche.oned(Baba.oxy,env.oxy,1000,1)
```

####输出结果

```
$s
```

```
[1] 1000
```

```
$Lev.SIM
```

```
$Lev.SIM$Levins_Simpson
```

```
[1] 532.645
```

```
$Lev.SIM$Stand_Levins_Simpson
```

```
[1] 0.533
```

```
$Lev.SH.W
```

```
$Lev.SH.W$Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 6.424
```

```
$Lev.SH.W$Stand_Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 0.93
```

```
$Feinsinger
```

```
[1] 0.731
```

```
$N.S
```

```
$N.S$Niche.Specialization
```

```
[1] 0.002
```

```
$N.S$Modif_Niche.Specialization
```

```
[1] 0.123
```

####将环境背景切分为 500 份,计算 50%包络上褐鳉鱼的生态位宽度

```
breadth.niche.oned(Satr.oxy,env.oxy,500,0.5)
```

####输出结果

```
$s
```

```
[1] 500
```

```
$Lev.SIM
```

```
$Lev.SIM$Levins_Simpson
```

```
[1] 120.514
```

```
$Lev.SIM$Stand_Levins_Simpson
```

```
[1] 0.241
```

```
$Lev.SH.W
```

```
$Lev.SH.W$Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 4.826
```

```
$Lev.SH.W$Stand_Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 0.777
```

```
$Feinsinger
```

```
[1] 0.435
```

```
$N.S
```

```
$N.S$Niche.Specialization
```

```
[1] 0.008
```

```
$N.S$Modif_Niche.Specialization
```

```
[1] 0.169
```

```
####将环境背景切分为 500 份,计算 50% 包络上鲃鱼的生态位宽度
```

```
breadth.niche.oned(Baba.oxy,env.oxy,500,0.5)
```

```
####输出结果
```

```
$s
```

```
[1] 500
```

```
$Lev.SIM
```

```
$Lev.SIM$Levins_Simpson
```

```
[1] 136.743
```

```
$Lev.SIM$Stand_Levins_Simpson
```

```
[1] 0.273
```

```
$Lev.SH.W
```

```
$Lev.SH.W$Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 4.942
```

```
$Lev.SH.W$Stand_Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 0.795
```

```
$Feinsinger
```

```
[1] 0.474
```

```
$N.S
```

```
$N.S$Niche.Specialization
```

```
[1] 0.007
```

```
$N.S$Modif_Niche.Specialization
```

```
[1] 0.162
```

上述计算结果中,s 为资源位数量;Lev.SIM\$Levins_Simpson 为对应于 s 个资源位的 Levins-Simpson 生态位宽度,公式(11); Lev.SIM\$Stand_Levins_Simpson 为标准化的 Levins-Simpson 生态位宽度,公式(12); Lev.SH.W\$Levins_Shannon.Wiener 为 Levins-Shannon Wiener 指数,公式(14); Lev.SH.W\$Stand_Levins_Shannon.Wiener 为标准化的 Levins-Shannon Wiener 指数,公式(15);Feinsinger 为 Feinsinger 模型计算结果,公式(16); N.S\$Niche.Specialization 为生态位特异性指数,公式(18); N.S\$Modif_Niche.Specialization 为标准化生态位特异性指数,公式(19)。

2.1.3 计算物种间一维生态位重叠

niche.overlap.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,conf)

2.1.3.1 功能概述:

该功能用于计算单一环境梯度上两物种（物种、亚种、变种、功能群等）间的生态位重叠。

2.1.3.2 参数意义:

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 2 的可利用资源背景或环境背景。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）计算生态位重叠。

2.1.3.3 例:

例 1:

####本例将计算 Doubs 河中水体含氧量环境梯度上，褐鳟鱼与鲃鱼的生态位重叠。我们将在 100%包络与 50%包络上分别计算二者的生态位重叠。

```
niche.overlap.oned(Satr.oxy, Baba.oxy, env.oxy, env.oxy,1)
```

```
niche.overlap.oned(Satr.oxy, Baba.oxy, env.oxy, env.oxy,0.5)
```

####输出结果

```
0.395
```

```
0.266
```

例 2:

####本例将基于 Antione Guisan 团队虚拟的数据，研究年均温度环境梯度上物种在原生大陆上生态位与物种入侵到新大陆后生态位间的重叠。我们将计算 100%包络上的生态位重叠。

```
niche.overlap.oned(tmp.niche.nat,tmp.niche.inv,tmp.nichebackgorund.nat,tmp.nichebackgorund.inv,1)
```

####输出结果

```
0.278
```

2.1.4 绘制两物种间一维生态位重叠图

`plot.niche.overlap.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,conf)`

2.1.4.1 功能概述：

该功能用于绘制一元环境梯度上的两物种生态位重叠。

2.1.4.2 参数意义：

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 2 的可利用资源背景或环境背景。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）绘制生态位重叠。

2.1.4.3 例：

例 1：

####本例将绘制 Doubs 河中水体含氧量环境梯度上，褐鳟鱼与鲃鱼的生态位重叠图。我们将在 100% 包络与 50% 包络上分别绘制二者的生态位重叠图。

`plot.niche.overlap.oned(Satr.oxy, Baba.oxy, env.oxy, env.oxy,1)`

`plot.niche.overlap.oned(Satr.oxy, Baba.oxy, env.oxy, env.oxy,0.5)`

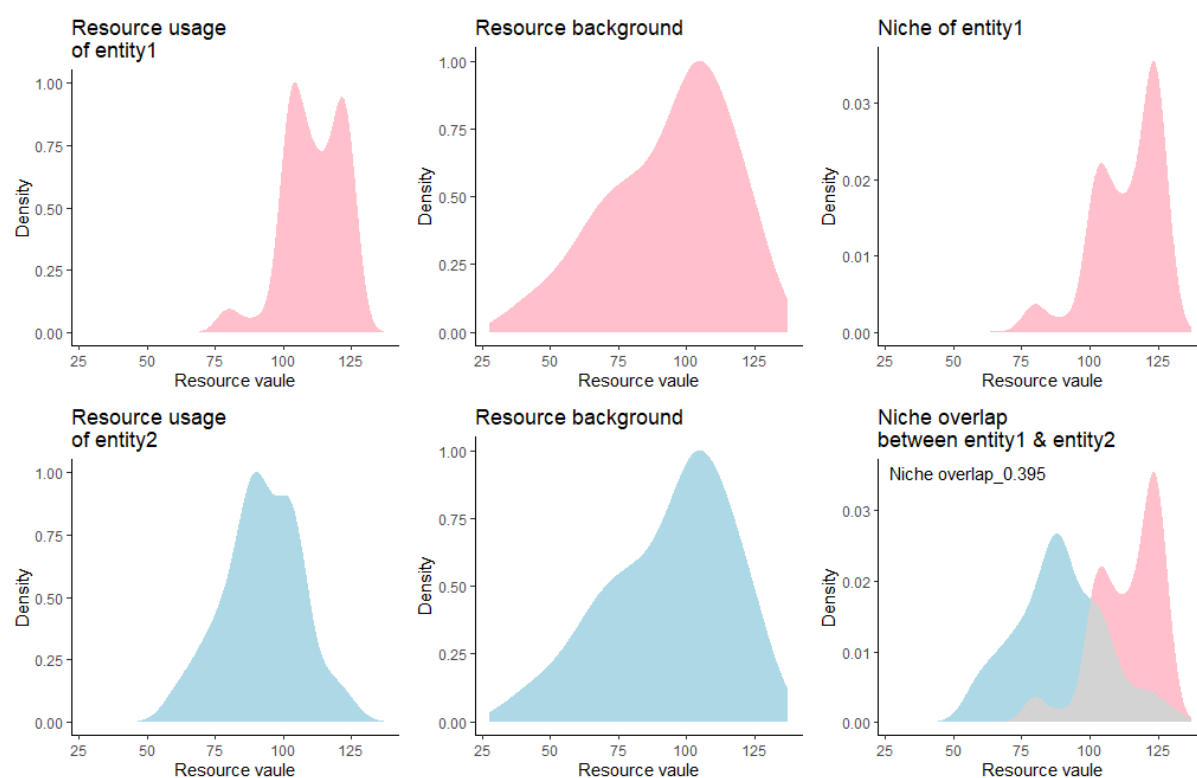


图 8 100%包络的鲃鱼与褐鳟鱼的水体含氧量生态位重叠图

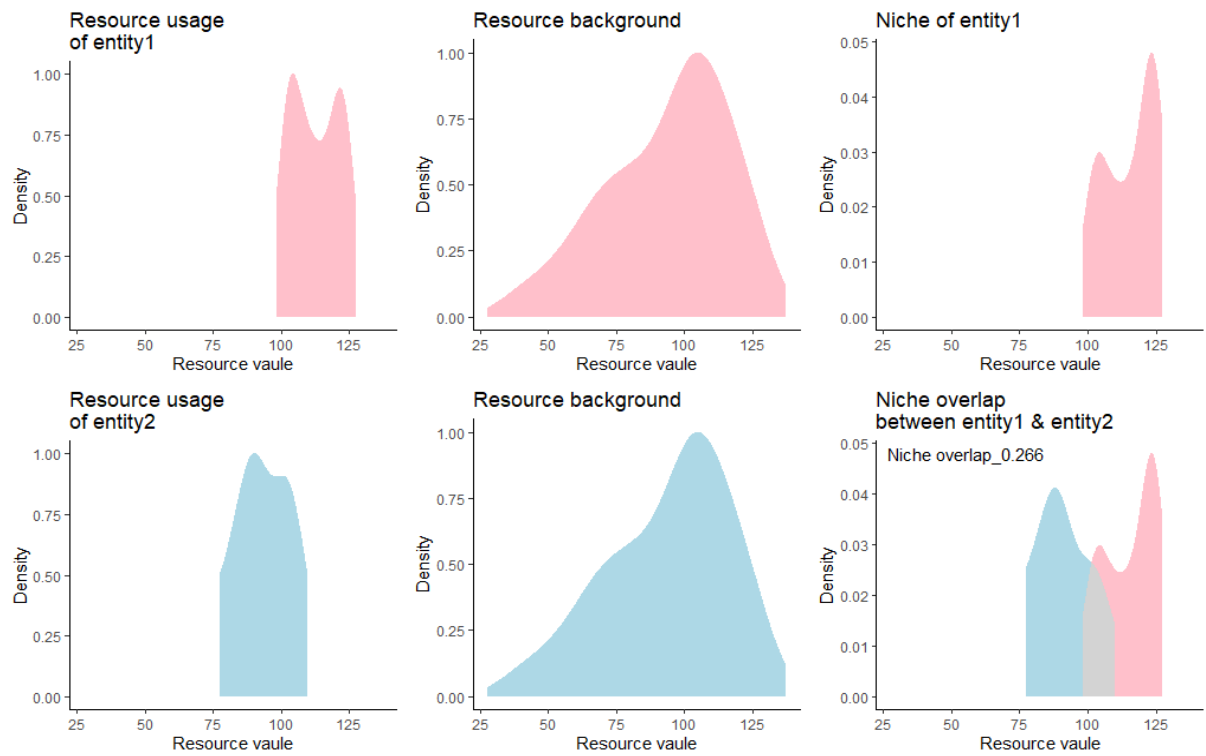


图 9 50%包络的鲃鱼与褐鳟鱼的水体含氧量生态位重叠图

例 2:

####本例将基于 Antione Guisan 团队虚拟的数据，绘制年均温度环境梯度上物种在原生大陆上生态位与物种入侵到新大陆后生态位间的重叠图。我们将绘制算 100%包络上的生态位重叠图。

`plot.niche.overlap.oned(tmp.niche.nat,tmp.niche.inv,tmp.nichebackgorund.nat,tmp.nichebackgorund.inv,1)`

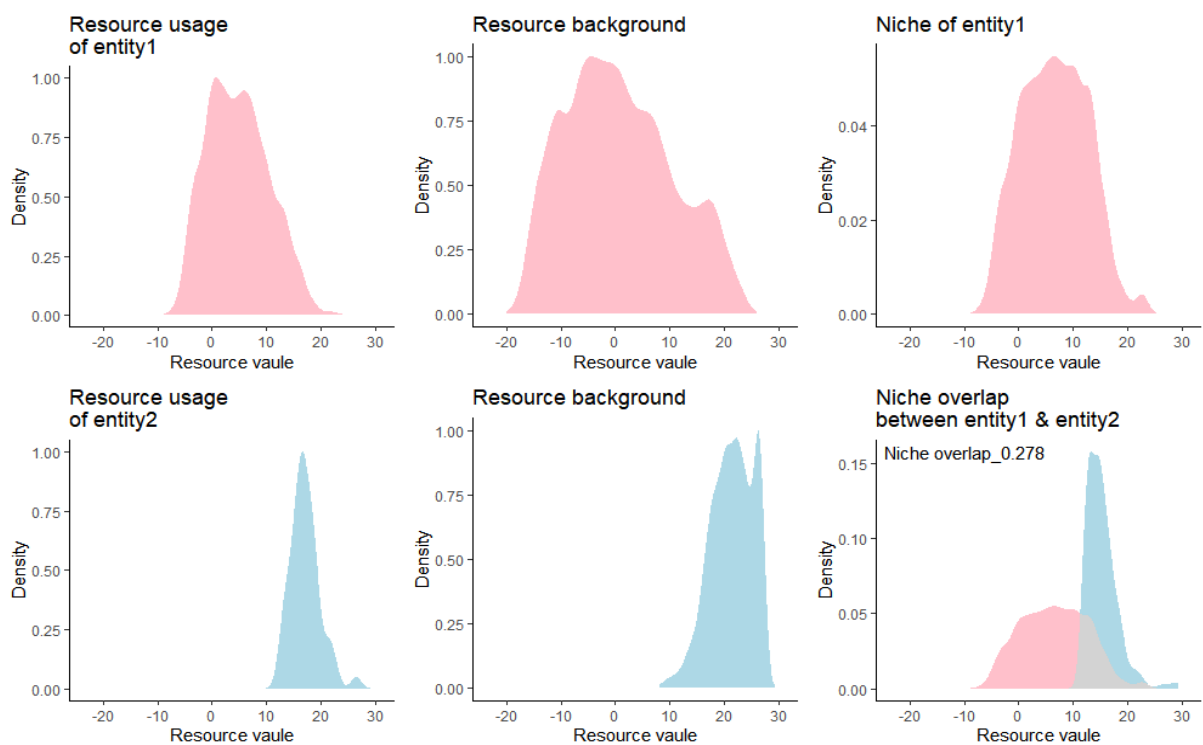


图 10 同物种在原生大陆与入侵大陆上的年均温度生态位重叠图

2.1.5 生态位保守假设下物种资源利用投影（一维）

`projection.niche.oned(entity1,envback1,envback2,size)`

2.1.5.1 功能概述：

当物种所处的环境背景发生变化,如物种由一个大陆入侵到另一个大陆。此时,即使其生态位保守,未发生生态位漂移,物种的资源利用状态也会因环境（资源）背景的可用性不同而发生变化。该功能可基于生态位保守的原则,将一个环境背景中的物种资源利用状态以随机抽样的方式投影到另一个环境背景上,产生模拟的物种环境（资源）利用状态。

基于此,我们可以计算当生态位未发生漂移时,物种入侵新大陆后应当具有资源利用或环境分布均值、中位数、各分位数、极限值与极差等。

2.1.5.2 参数意义：

`entity1`—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

`envback1`—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

`envback2`—将物种投影到的可利用资源背景或环境背景。

`size`—投影的物种的个数。

2.1.5.3 例：

####本例中我们将基于生态位保守的原则,以原生大陆中年均温度境梯度下物种的分布为模板,投影出物种在入侵大陆上的分布范围。之后我们将绘制投影出物种的生态位图。

```
tmp.projection.niche=projection.niche.oned(tmp.niche.nat,tmp.nichebackgorund.nat,tmp.nichebackgorund.inv,100000)
```

```
plot.niche.oned(tmp.projection.niche,tmp.nichebackgorund.inv,pro=T,1)
```

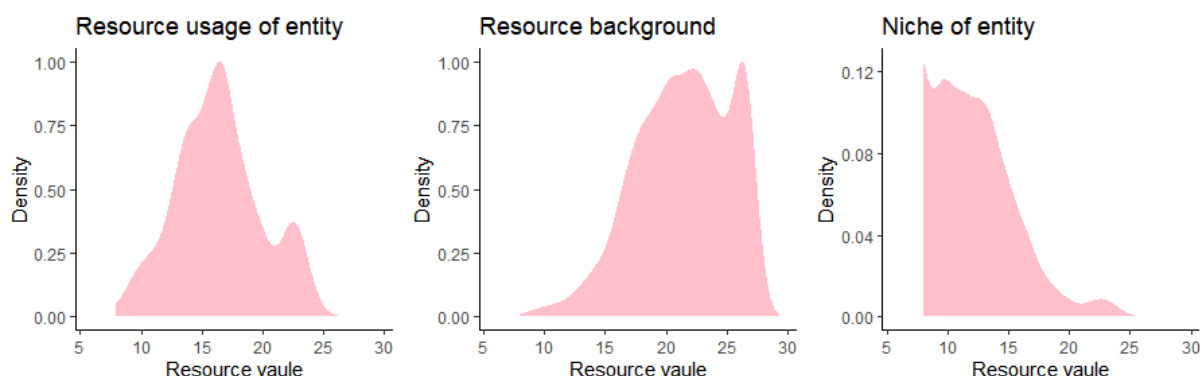


图 11 生态位保守时入侵种年均温度生态位图

####计算投影后虚拟物种的资源利用特性

```
summary(tmp.projection.niche)
```

```
max(tmp.projection.niche)-min(tmp.projection.niche)
```

####输出结果

| Min. | 1st Qu. | Median | Mean | 3rd Qu. | Max. |
|-------|---------|--------|--------|---------|--------|
| 4.683 | 13.949 | 16.277 | 16.421 | 18.656 | 26.782 |

22.0991##极差

由计算结果可知，若生态位保守，但物种入侵新大陆后，其分布区的年均温度最大值为 26.782℃、最小值为 4.683℃、25%分位数与 75%分位数分布为 18.656℃与 13.949℃、中位数与均值分别为 16.277℃与 16.421℃、年均温度极差为 22.0991℃。

2.1.6 两物种间一维生态位漂移（差异）显著性检验与画图

`plot.niche.different.test.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,combine=True,tail=1,replicate)`

2.1.6.1 功能概述：

当物种入侵新生境或由于种间关系改变发生生态位释放时，研究科学问题属于生态位漂移。而又板块运动造成地理隔离使不同地区的姐妹种单独进化，最终也会形成物种间生态位的差异，则属于单纯的生态位差异问题。在判断研究科学问题的属性后，该功能可以基于两种不同零模型，分析生态位漂移以及生态位差异显著性。

第一种零模型用于生态位漂移显著性检验，基于原生物种的生态位投影随机产生多项模拟生态位，计算其余原生物种间的生态位重叠。并基于蒙特卡洛法判断相对于原始物种，新物种的生态位是否发生了显著性漂移。第二种零模型生态位差异检验，将物种 1 与物种 2 的资源利用状态与环境背景合并，并根据物种 1 与物种 2 的种群规模抽样。以蒙特卡洛法贩毒案，物种 1 与物种 2 间的生态位重叠是否与随机抽样产生的模拟物种间的生态位重叠具有显著差异。

2.1.6.2 参数意义：

`entity1`—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

`entity2`—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

`envback1`—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

`envback2`—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

`combine`—判定选择何种零模型。F 为选择第 1 种零模型；T 为选择第二种零模型。

`tail`—控制单尾检验与双尾检验，其中 1 为双尾； 2 为单尾，用于检验生态位是否显著漂移； 3 为单尾，用于检验生态位是否显著保守。

`replicate`—蒙特卡洛法的重复次数。

2.1.6.3 例：

例 1：

####本例，我们将检验 Antione Guisan 团队虚拟的数据中，分布在原始大陆的物种与入侵新大陆后的物种间年均温度生态位相较于随机状态是否发生了显著漂移或显著保守。我们将第一种零模型进行检验。首先进行双尾检验。

```
plot.niche.different.test.oned(tmp.niche.nat,tmp.niche.inv,tmp.nichebackgorund.nat,tmp.nichebackgorund.inv,
combine=F,1,199)
```

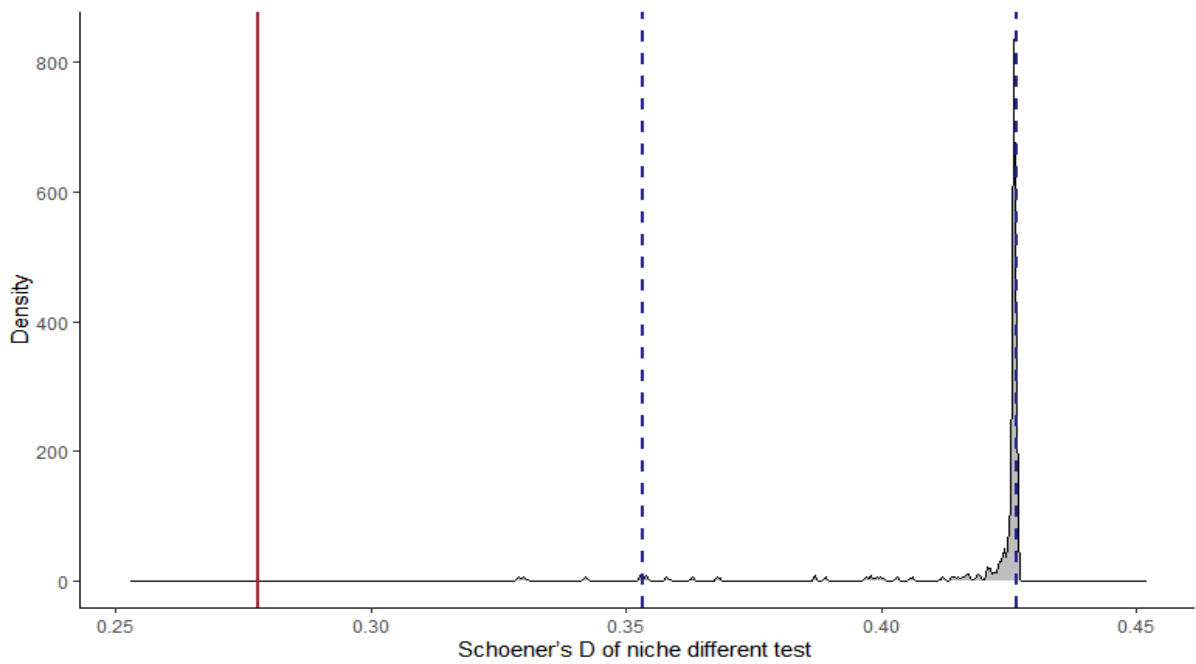


图 12 基于第一种零模型的同物种在原生大陆上与入侵大陆的年均温度生态位漂移显著性双尾检验图

图中红线对应横坐标为两物种真实生态位重叠值，灰色核密度分布图为蒙特卡洛法模拟的生态位重叠的分布状态，蓝色虚线为双尾的 95%置信区间包络线。由图可见，基于虚拟数据，物种入侵新大陆后生态位发生显著性漂移 ($p < 0.05$)。

####以下为单尾检验，检验入侵种生态位漂移是否显著。

`plot.niche.different.test.oned(tmp.niche.nat,tmp.niche.inv,tmp.nichebackgorund.nat,tmp.nichebackgorund.inv,combine=F,2,199)`

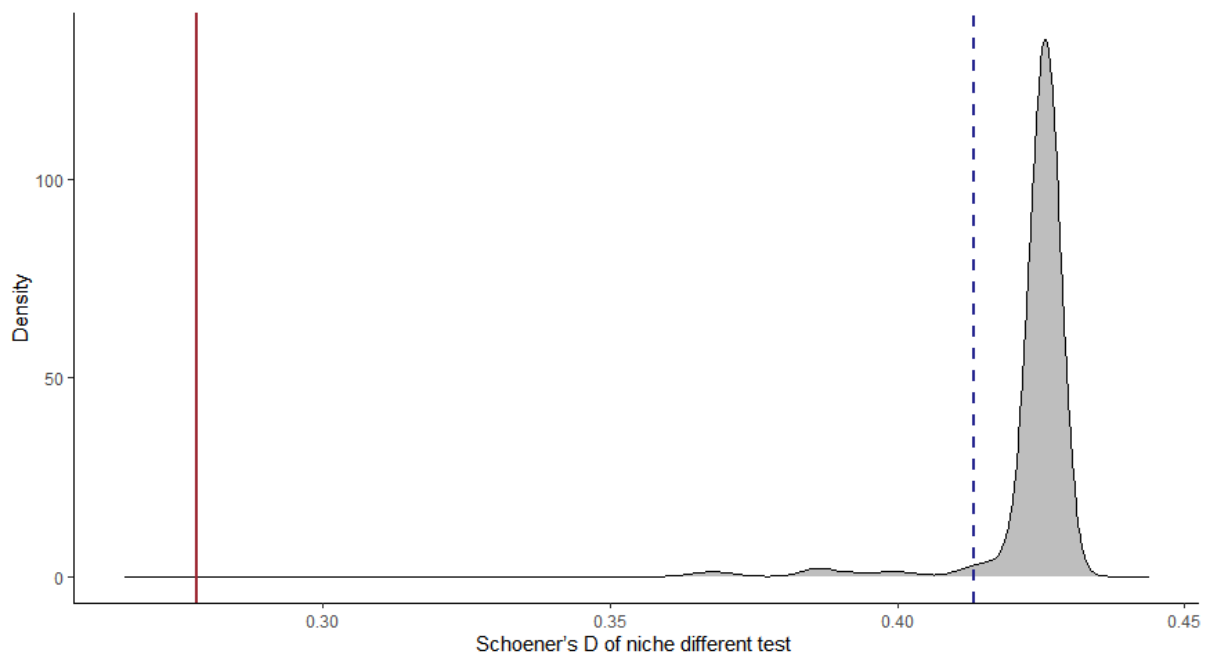


图 13 基于第一种零模型的同物种在原生大陆上与入侵大陆的年均温度生态位漂移显著性单尾检验图

例 2:

####本例，我们将检验 Antione Guisan 团队虚拟的数据中，分布在原始大陆的物种与入侵新大陆后的物种间年降水生态位相较于随机状态是否发生了显著漂移或显著保守。我们将第一种零模型进行检验。

```
plot.niche.different.test.oned(pandtmp.niche.nat[,1],pandtmp.niche.inv[,1],pandtmp.nichebackgorund.nat[,1],pandtmp.nichebackgorund.inv[,1],combine=F,1,199)
```

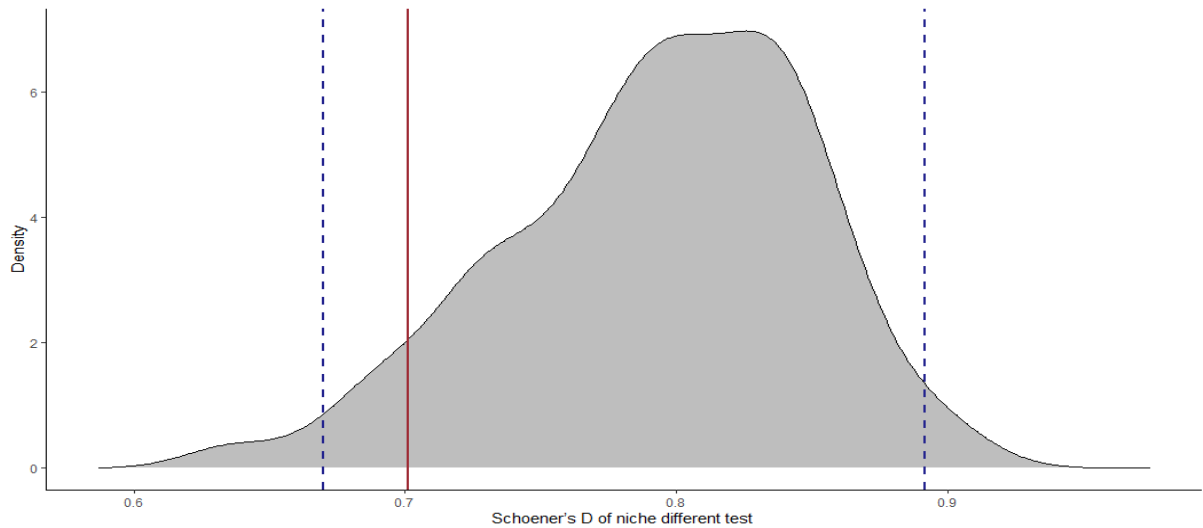


图 14 基于第二种零模型的同物种在原生大陆上与入侵大陆的年降水生态位差异性显著性双尾检验图

由图可见，物种入侵新大陆后年降水量生态位并未发生显著性漂移 ($p < 0.05$)。

例 3:

####本例中，我们将基于第二类零模型，验证褐鳉鱼与鲃鱼是的水体含氧量生态位是否具有显著差异。

```
plot.niche.different.test.oned(Satr.oxy, Baba.oxy, env.oxy, env.oxy,combine=T,1,199)
```

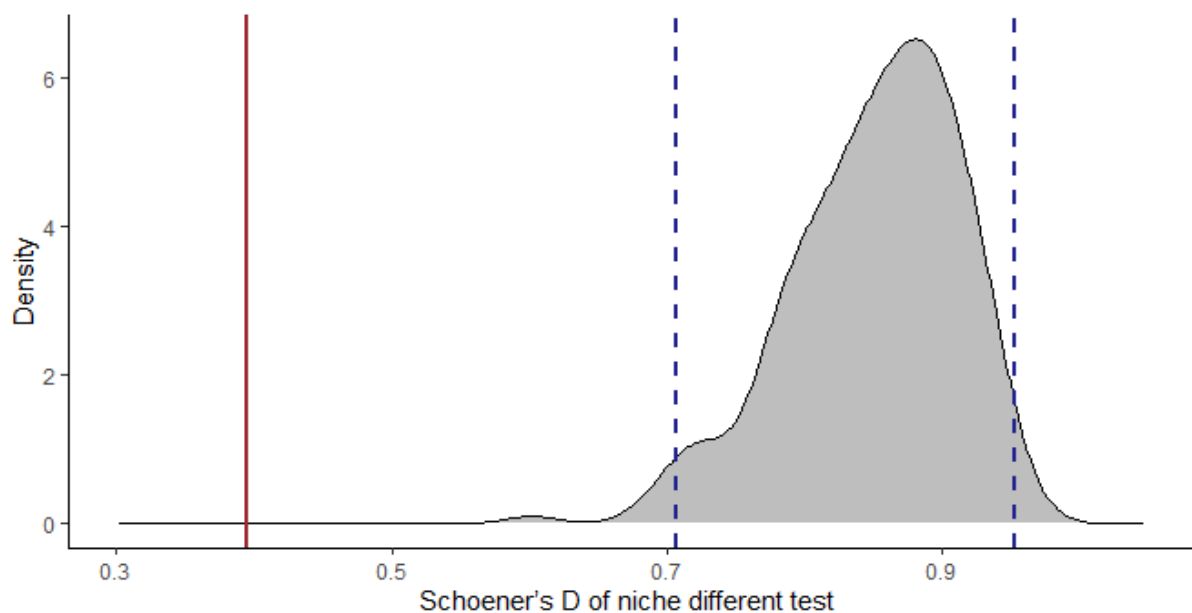


图 15 基于第二种零模型的褐鳉鱼与鲃鱼水体含氧量生态位差异性显著性双尾检验图

由图可见，褐鱒鱼与鲃鱼的生态位重叠值位于 95%包络线下限的右侧，因此证明在水体含氧量梯度上褐鱒鱼与鲃鱼的生态位存在显著差异 ($p<0.05$)。

2.1.7 计算两物种间一维生态位漂移（差异）或保守的置信度

`conf.niche.different.test.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,F,199,con=T)`

2.1.7.1 功能概述：

该功能可基于不同的零模型，计算两物种间生态位漂移或生态位保守的置信度。

2.1.7.2 参数意义：

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

combine—判定选择何种零模型。F 为选择第 1 种零模型;T 为选择第二种零模型。

replicate—蒙特卡洛法的重复次数。

con—判定计算生态位漂移的置信度或生态位保守的置信度。T 为计算生态位保守的置信度，F 为计算生态位漂移的置信度。

2.1.7.3 例：

例 1：

####本例中，我们将基于 Antione Guisan 团队虚拟数据中年均温度，计算物种入侵到新大陆后生态位发生漂移的显著度与生态位保守的置信度。

####计算生态位发生漂移的置信度

```
conf.niche.different.test.oned(tmp.niche.nat,tmp.niche.inv,tmp.nichebackgorund.nat,tmp.nichebackgorund.inv,
F,199,F)
```

####计算结果

1

####计算生态位发生保守的置信度

```
conf.niche.different.test.oned(tmp.niche.nat,tmp.niche.inv,tmp.nichebackgorund.nat,tmp.nichebackgorund.inv,
F,199,T)
```

####计算结果

0

例 2：

####本例中，我们将基于 Antione Guisan 团队虚拟数据中年降水，计算物种入侵到新大陆后生态位发生漂移的显著度


```
conf.niche.different.test.oned(pandtmp.niche.nat[,1],pandtmp.niche.inv[,1],pandtmp.nichebackgorund.nat[,1],pandtmp.nichebackgorund.inv[,1],F,199,T)
```

####计算结果

0.068

例 3:

####本例中，我们将计算褐鳟鱼与鲃鱼是的水体含氧量生态位差异的显著度。

```
conf.niche.different.test.oned(Satr.oxy, Baba.oxy, env.oxy, env.oxy,T,199,F)
```

####计算结果

1

2.1.8 计算一维生态位漂移驱动并作图

`plot.niche.dyn.oned (entity1,entity2,envback1,envback2,conf)`

2.1.8.1 功能概述：

该功能可用于计算一维生态位漂移的驱动并作图。

2.1.8.2 参数意义：

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）计算生态位漂移驱动。

2.1.8.3 例：

####本例中，我们将基于 Antione Guisan 团队虚拟数据中年年均温度，计算物种入侵到新大陆后生态位漂移的驱动因素，我们将计算 `stability`、`expansion` 及 `unfilling` 并绘图。

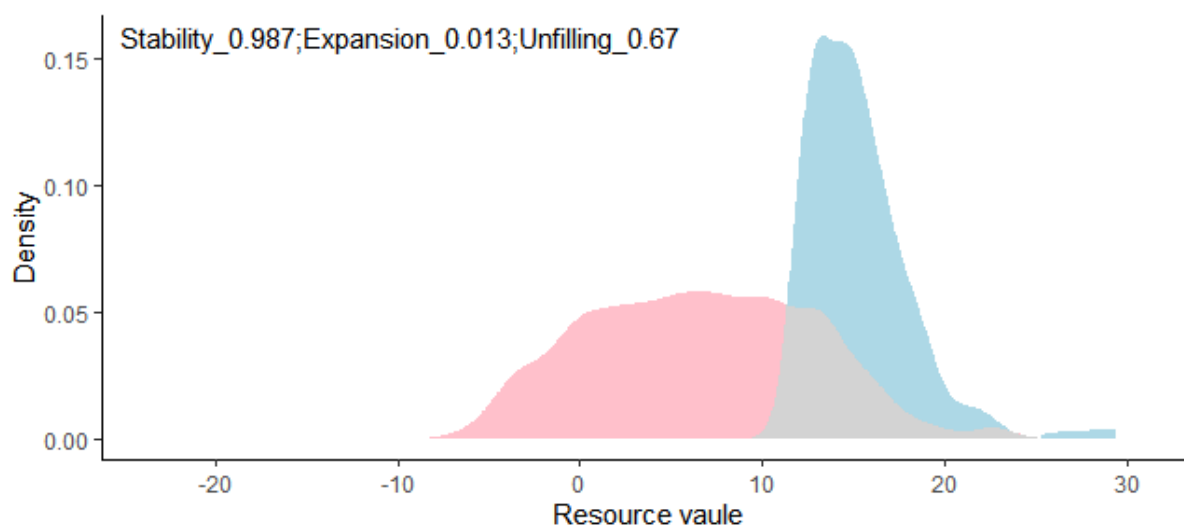


图 16 同物种在原生大陆与入侵大陆上的年均温度生态位漂移驱动图

2.1.9 计算修正的一维生态位漂移驱动并作图

`plot.niche.modif_dyn.oned(entity1,entity2,envback1,envback2,conf)`

2.1.9.1 功能概述：

该功能可计算修正的一维环境梯度上生态位漂移的驱动并作图。与传统的生态位漂移驱动计算方法不同，该功能首先将原生大陆上的物种分布投影到入侵大陆上，以此可以消除环境背景缺失在估算中带来的影响

2.1.9.2 参数意义：

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 2 的可利用资源背景或环境背景。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）计算生态位漂移驱动。

2.1.9.3 例：

####本例中，我们将基于 Antione Guisan 团队虚拟数据中年年均温度，计算物种入侵到新大陆后生态位漂移的驱动因素，我们将计算修正的 `stability`、`expansion` 及 `unfilling` 并绘制生态位漂移驱动图。

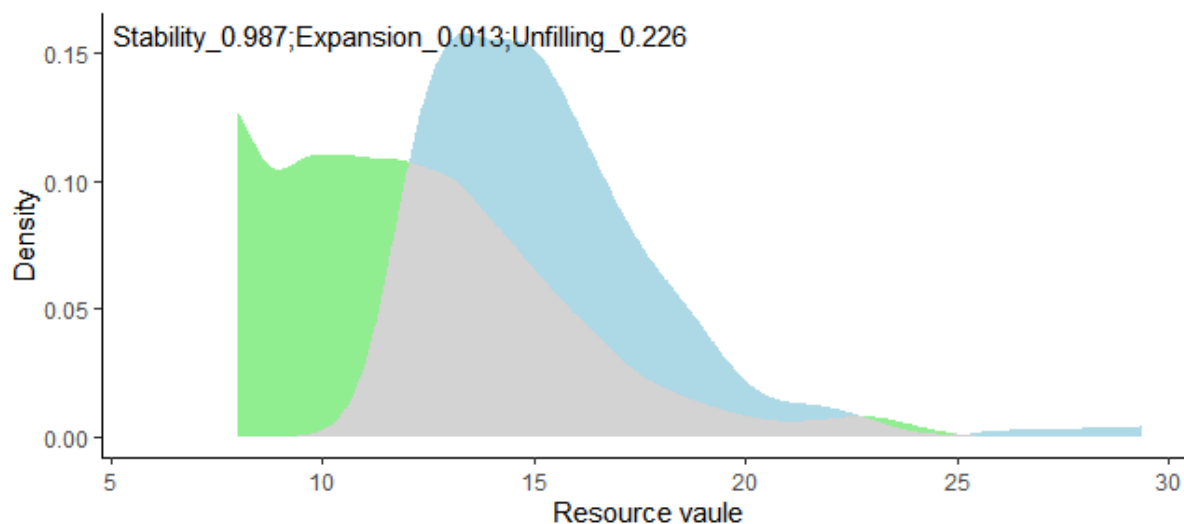


图 17 修正同物种在原生大陆与入侵大陆上的年均温度生态位漂移驱动图

2.2 二元生态位分析

2.2.1 绘制物种二维生态位图

`plot.niche.twod(entity,envback,pro=TRUE,conf)`

2.2.1.1 功能概述：

该功能用于绘制二元环境梯度上物种（物种、亚种、变种、功能群等）的生态位。

2.2.1.2 参数意义：

`entity`—物种的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

`envback`—物种的可利用资源背景或环境背景。

`pro`—判定物种是否为优先种（如入侵物种在原始生境的分布、基因突变或生态位释放前的物种），并选择不同颜色绘图。

`conf`—用于以特定范围的物种分布或资源利用包络绘图。

2.2.1.3 例：

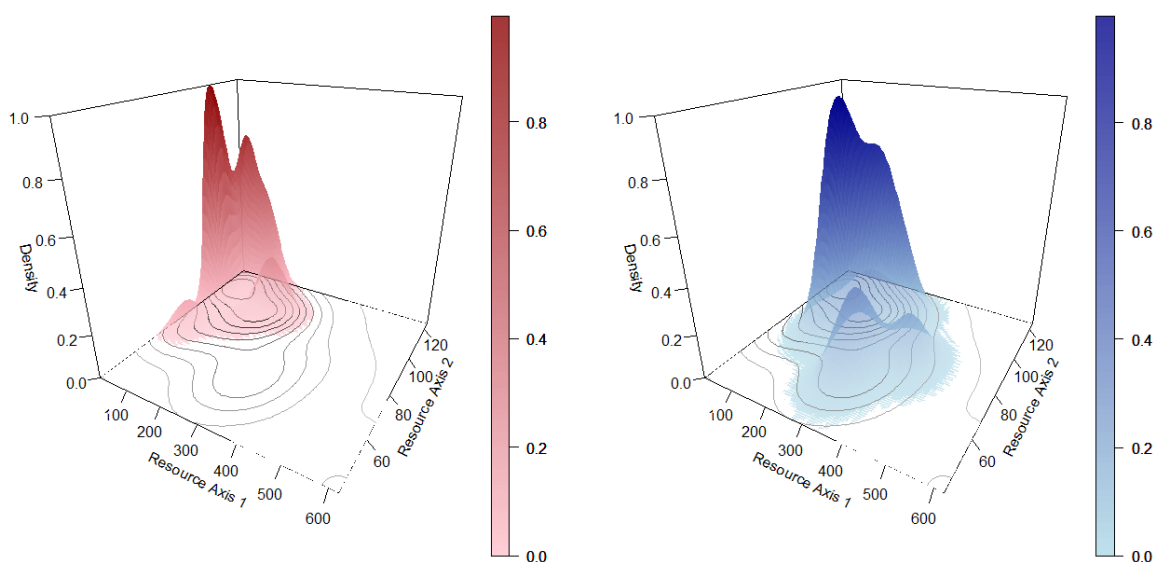
例 1：

####本例中，我们将基于褐鳟鱼与鲃鱼是的水体含氧量与水体硝酸盐含量数据分别绘制二者的二维生态位图。

```
par(mfrow=c(1,2))
```

```
plot.niche.twod(Satr.nit_oxy,env.nit_oxy,T,1)
```

```
plot.niche.twod(Baba.nit_oxy,env.nit_oxy,F,1)
```



注：左图为褐鳟鱼，资源轴 1 为水体硝酸盐含量，轴 2 为水体含氧量

图 18 褐鳟鱼与鲃鱼的水体含氧量—水体硝酸盐含量二维生态位图

例 2:

####本例中，我们将分布于原始大陆与入侵大陆物种的年均温度与年降水量数据分别绘制二者的二维生态位图。

```
par(mfrow=c(1,2))
```

```
plot.niche.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.nichebackgorund.nat,T,1)
```

```
plot.niche.twod(pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.inv,T,1)
```

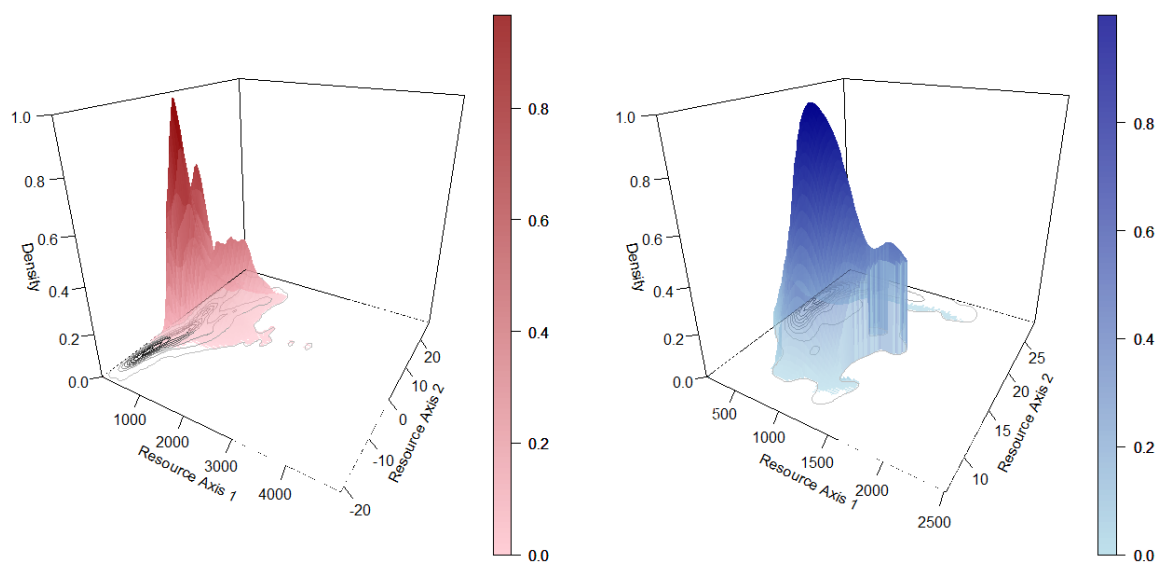


图 19 原生种与入侵种的年均温度—年降水量二维生态位图

图中二维红、蓝核概率密度图为物种的分布或资源利用状态，黑线为环境背景的等概率密度线。

2.2.2 计算物种二维生态位宽度

breadth.niche.twod(entity,envback,seq,conf)

2.2.2.1 功能概述：

该功能可以计算二维环境梯度上物种的 Levins、Feinsinger 生态位宽度以及生态位特化度。

2.2.2.2 参数意义：

entity—物种的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback—物种的可利用资源背景或环境背景。

seq—将环境背景最小值到最大值等间距分成多份。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）计算生态位宽度。

2.2.2.3 例：

####本例将计算 Doubs 河中水体含氧量—水体硝酸盐含量二维环境梯度上，褐鳟鱼与鲃鱼的生态位宽度。我们将在 100%包络与 50%包络上分别计算二者的生态位宽度。

####计算 100%包络上褐鳟鱼的生态位宽度

```
breadth.niche.twod(Satr.nit_oxy,env.nit_oxy,100,1)
```

####输出结果

```
$s
```

```
[1] 8917
```

```
$Lev.SIM
```

```
$Lev.SIM$Levins_Simpson
```

```
[1] 1172.993
```

```
$Lev.SIM$Stand_Levins_Simpson
```

```
[1] 0.132
```

```
$Lev.SH.W
```

```
$Lev.SH.W$Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 7.378
```

```
$Lev.SH.W$Stand_Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 0.811
```

```
$Feinsinger
```

```
[1] 0.522
```

```
$N.S
```

```
$N.S$Niche.Specialization
```

```
[1] 0.001
```

```
$N.S$Modif_Niche.Specialization
```

```
[1] 0.167
```

####计算 100% 包络上鲃鱼的生态位宽度

```
breadth.niche.twod(Baba.nit_oxy,env.nit_oxy,100,1)
```

####输出结果

```
$s
```

```
[1] 8917
```

```
$Lev.SIM
```

```
$Lev.SIM$Levins_Simpson
```

```
[1] 3368.159
```

```
$Lev.SIM$Stand_Levins_Simpson
```

```
[1] 0.378
```

```
$Lev.SH.W
```

```
$Lev.SH.W$Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 8.316
```

```
$Lev.SH.W$Stand_Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 0.914
```

```
$Feinsinger
```

```
[1] 0.522
```

```
$N.S
```

```
$N.S$Niche.Specialization
```

```
[1] 0
```

```
$N.S$Modif_Niche.Specialization
```

```
[1] 0.128
```

####计算 50% 包络上褐鳟鱼的生态位宽度

```
breadth.niche.twod(Satr.nit_oxy,env.nit_oxy,100,0.5)
```

####输出结果

```
$s
```

```
[1] 8917
```

```
$Lev.SIM
```

```
$Lev.SIM$Levins_Simpson
```

```
[1] 287.521
```

```
$Lev.SIM$Stand_Levins_Simpson
```

```
[1] 0.032
```

```
$Lev.SH.W
```

```
$Lev.SH.W$Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 5.679
```

```
$Lev.SH.W$Stand_Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 0.624
```

```
$Feinsinger
```



```
[1] 0.522
```

```
$N.S
```

```
$N.S$Niche.Specialization
```

```
[1] 0.003
```

```
$N.S$Modif_Niche.Specialization
```

```
[1] 0.239
```

####计算 50% 包络上鲃鱼的生态位宽度

```
breadth.niche.twod(Baba.nit_oxy,env.nit_oxy,100,0.5)
```

####输出结果

```
$s
```

```
[1] 8917
```

```
$Lev.SIM
```

```
$Lev.SIM$Levins_Simpson
```

```
[1] 559.113
```

```
$Lev.SIM$Stand_Levins_Simpson
```

```
[1] 0.063
```

```
$Lev.SH.W
```

```
$Lev.SH.W$Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 6.34
```

```
$Lev.SH.W$Stand_Levins_Shannon.Wiener
```

```
[1] 0.697
```

```
$Feinsinger
```

```
[1] 0.522
```

```
$N.S
```

```
$N.S$Niche.Specialization
```

```
[1] 0.002
```

```
$N.S$Modif_Niche.Specialization
```

```
[1] 0.202
```

2.2.3 计算物种间二维生态位重叠

niche.overlap.twod(entity1,entity2,envback1,envback2,conf)

2.2.3.1 功能概述:

该功能用于计算单二环境梯度上两物种（物种、亚种、变种、功能群等）间的生态位重叠。

2.2.3.2 参数意义:

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 2 的可利用资源背景或环境背景。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）计算生态位重叠。

2.2.3.3 例:

例 1:

####本例将计算 Doubs 河中水体含氧量—水体硝酸盐含量二维环境梯度上褐鳟鱼与鲃鱼的生态位重叠。
我们将在 100% 包络与 50% 包络上分别计算二者的生态位重叠。

```
niche.overlap.twod(Satr.nit_oxy,Baba.nit_oxy,env.nit_oxy,env.nit_oxy,1)
```

```
niche.overlap.twod(Satr.nit_oxy,Baba.nit_oxy,env.nit_oxy,env.nit_oxy,0.5)
```

####输出结果

0.244

0

例 2:

####本例将基于 Antione Guisan 团队虚拟的数据，研究年均温度—年降水量二维环境梯度上物种在原生大陆上生态位与物种入侵到新大陆后生态位间的重叠。我们将计算 100% 包络上的生态位重叠。

```
niche.overlap.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,1)
```

####输出结果

0.165

2.2.4 绘制物种间二维生态位重叠图

`plot.niche.overlap.twod(entity1,entity2,envback1,envback2)`

2.2.4.1 功能概述：

该功能用于绘制二维环境梯度上的两物种生态位重叠。

2.2.4.2 参数意义：

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 2 的可利用资源背景或环境背景。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）绘制生态位重叠。

2.2.4.3 例：

例 1：

####本例中我们将绘制二维环境梯度上褐鳟鱼与鲃鱼的生态位重叠图。

`plot.niche.overlap.twod(Satr.nit_oxy,Baba.nit_oxy,env.nit_oxy, env.nit_oxy,1)`

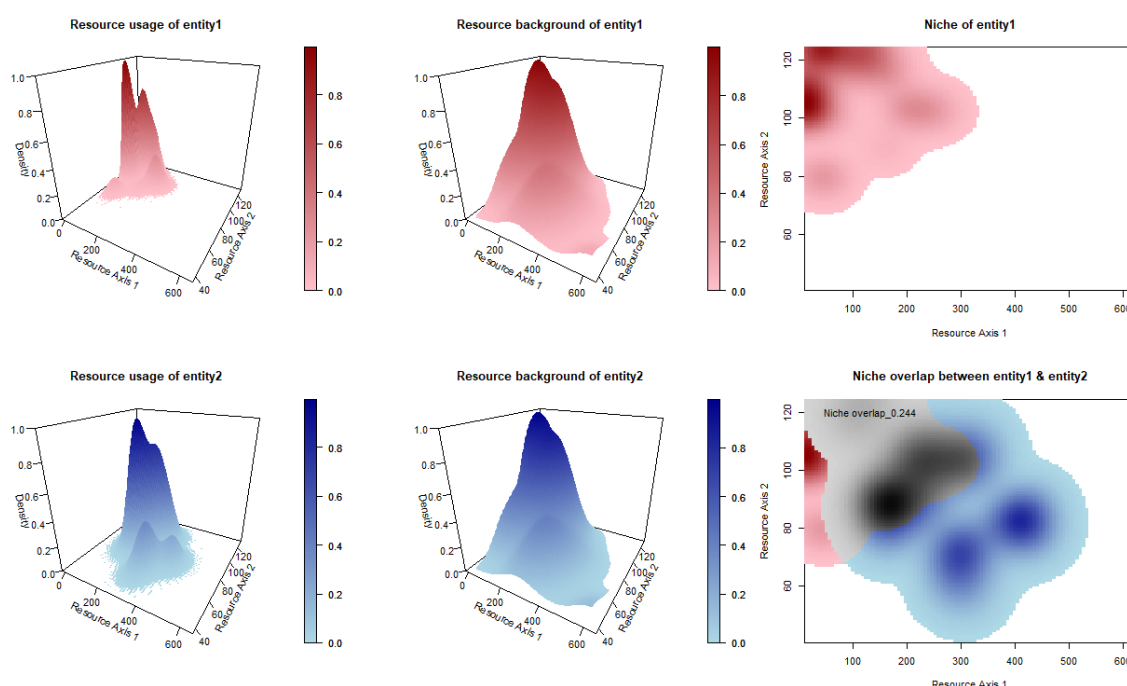


图 20 褐鳟鱼与鲃鱼水体含氧量—水体硝酸盐含量二维生态位重叠图

例 2：

####本例中我们将绘制二维环境梯度上原生种与入侵种的生态位重叠图。

plot.niche.overlap.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,1)

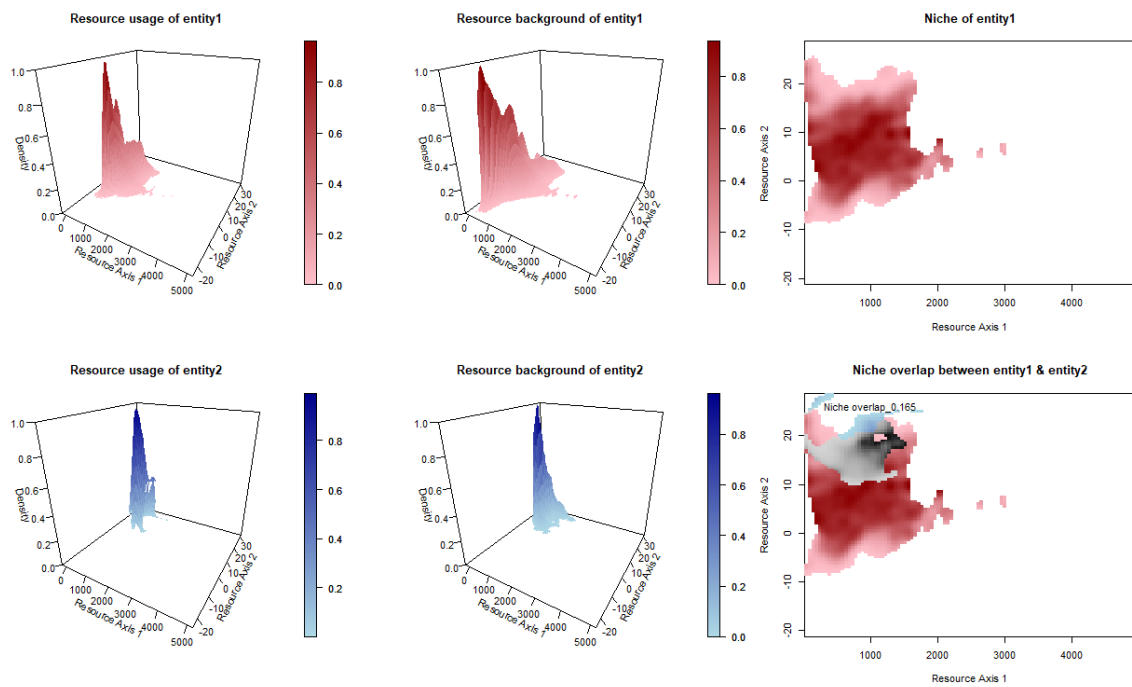


图 21 原生种与入侵种年均温度一年降水量二维生态位重叠图

2.2.5 生态位保守假设下物种资源利用投影（二维）

`projection.twod(entity1,envback1,envback2,size)`

2.2.5.1 功能概述：

该功能基于生态位保守，将二维环境梯度上物种资源利用状态投影到其他环境背景上。

2.2.5.2 参数意义：

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 2 的可利用资源背景或环境背景。

size—投影模拟的物种的个数。

2.2.5.3 例：

####本例中，我们将基于生态位保守的原则，基于原生大陆物种的生态位，在入侵大陆上投影出虚拟的物种资源利用状态，并绘制其与原始大陆分布物种的生态位重叠图。

```
pandtmp.niche.inv.=projection.niche.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,200000)
```

```
plot.niche.overlap.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv.,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,1)
```

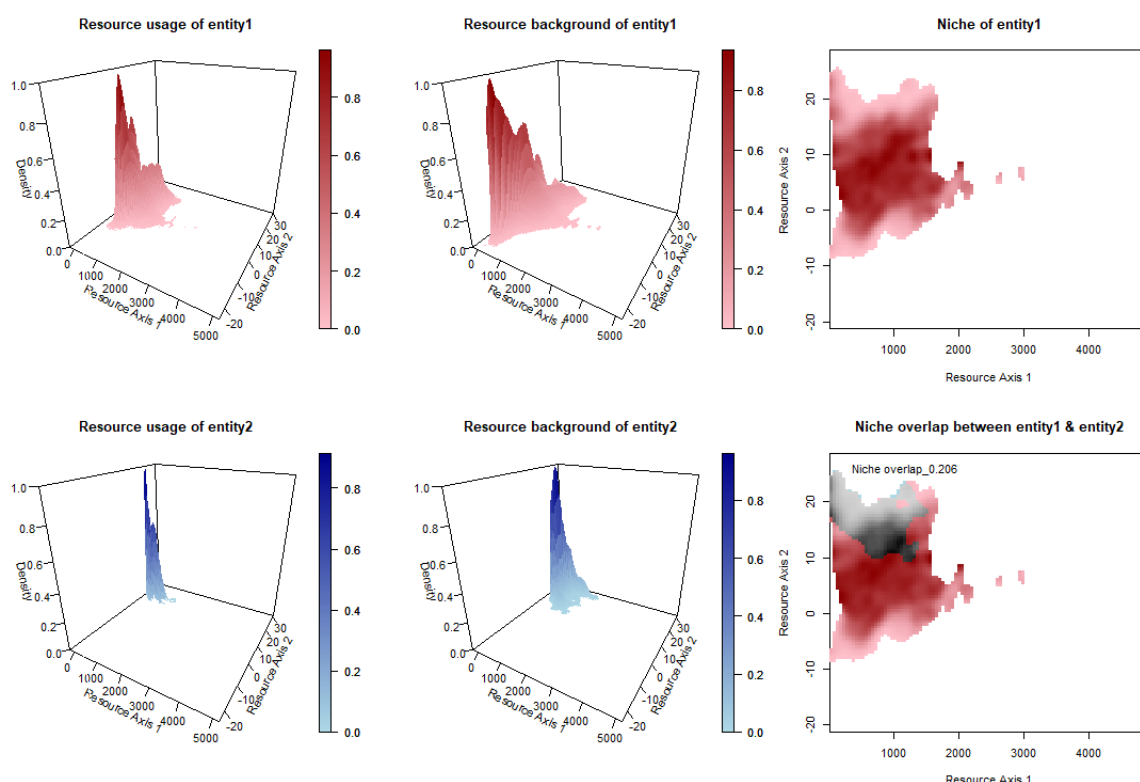


图 22 原生种与虚拟生态位保守入侵种年均温度一年降水量二维生态位重叠图

2.2.6 两物种间二维生态位漂移（差异）显著性检验与绘图

`plot.niche.different.test.twod(entity1,entity2,envback1,envback2,combine=True,tail=1,replicate)`

2.2.6.1 功能概述：

当物种入侵新生境或由于种间关系改变发生生态位释放时，研究科学问题属于生态位漂移。而又板块运动造成地理隔离使不同地区的姐妹种单独进化，最终也会形成物种间生态位的差异，则属于单纯的生态位差异问题。在判断研究科学问题的属性后，该功能可以基于两种不同零模型，分析生态位漂移以及生态位差异显著性。

第一种零模型用于生态位漂移显著性检验，基于原生物种的生态位投影随机产生多项模拟生态位，计算其余原生物种间的生态位重叠。并基于蒙特卡洛法判断相对于原始物种，新物种的生态位是否发生了显著性漂移。第二种零模型生态位差异检验，将物种 1 与物种 2 的资源利用状态与环境背景合并，并根据物种 1 与物种 2 的种群规模抽样。以蒙特卡洛法贩毒案，物种 1 与物种 2 间的生态位重叠是否与随机抽样产生的模拟物种间的生态位重叠具有显著差异。

2.2.6.2 参数意义：

`entity1`—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

`entity2`—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

`envback1`—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

`envback2`—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

`combine`—判定选择何种零模型。F 为选择第 1 种零模型；T 为选择第二种零模型。

`tail`—控制单尾检验与双尾检验，其中 1 为双尾； 2 为单尾，用于检验生态位是否显著漂移； 3 为单尾，用于检验生态位是否显著保守。

`replicate`—蒙特卡洛法的重复次数。

2.2.6.3 例：

例 1：

####本例，我们将检验 Antione Guisan 团队虚拟的数据中，分布在原始大陆的物种与入侵新大陆后的物种间年均温度一年降水二维生态位相较于随机状态是否发生了显著漂移或显著保守。我们将第一种零模型进行检验。首先进行双尾检验。

`plot.niche.different.test.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,F,1,199)`

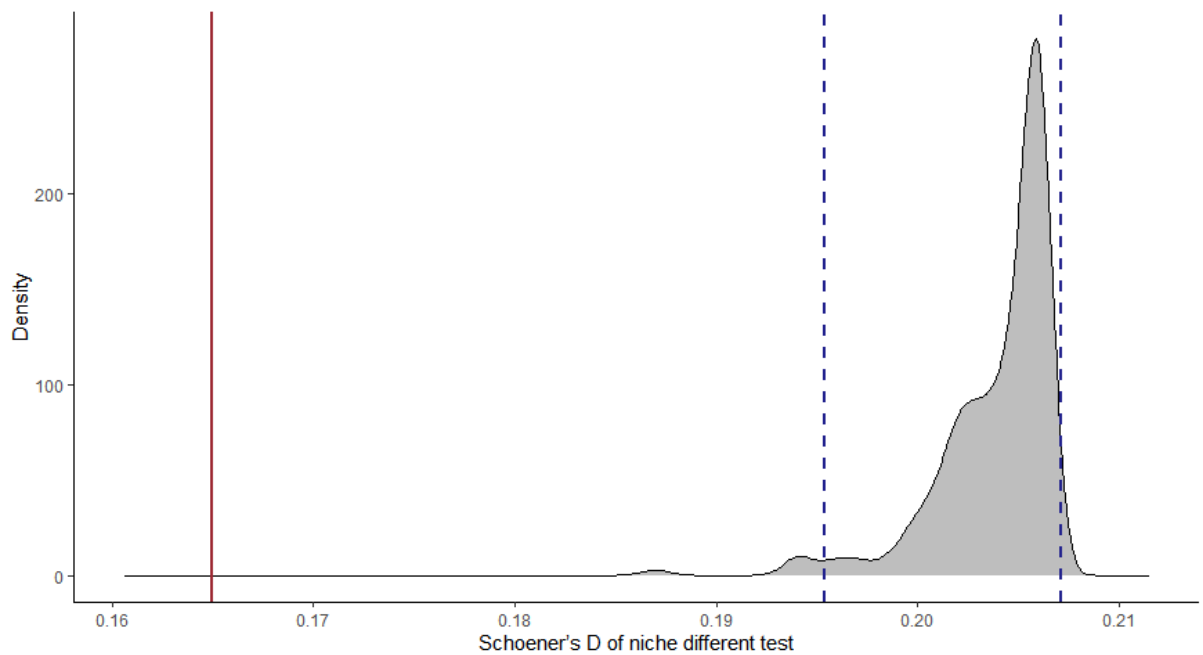


图 23 基于第一种零模型的同物种在原生大陆上与入侵大陆的年均温度一年降水二维生态位差异性显著性双尾检验图

####以下为单尾检验，检验入侵种生态位漂移是否显著。

```
plot.niche.different.test.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,F,2,199)
```

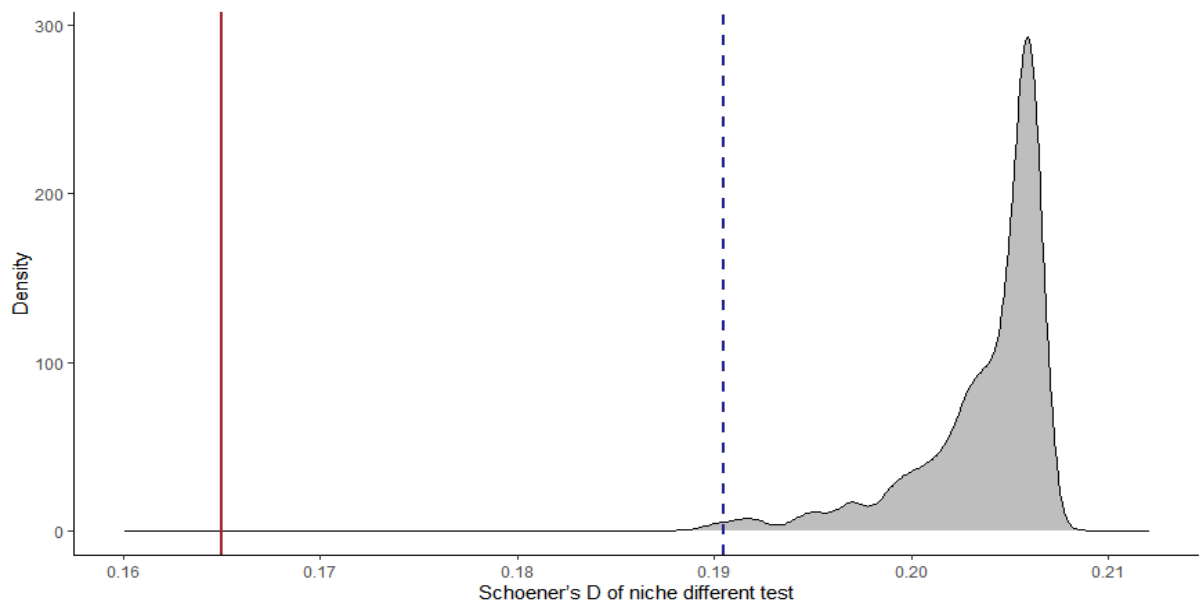


图 24 基于第一种零模型的同物种在原生大陆上与入侵大陆的年均温度一年降水二维生态位差异性显著性单尾检验图

例 2:

####本例中，我们将基于第二类零模型，验证褐鳉鱼与鲃鱼是的水体含氧量一水体硝酸盐含量二维生态位是否具有显著差异。

```
plot.niche.different.test.twod(Satr.nit_oxy,Baba.nit_oxy,env.nit_oxy, env.nit_oxy,T,1,199)
```

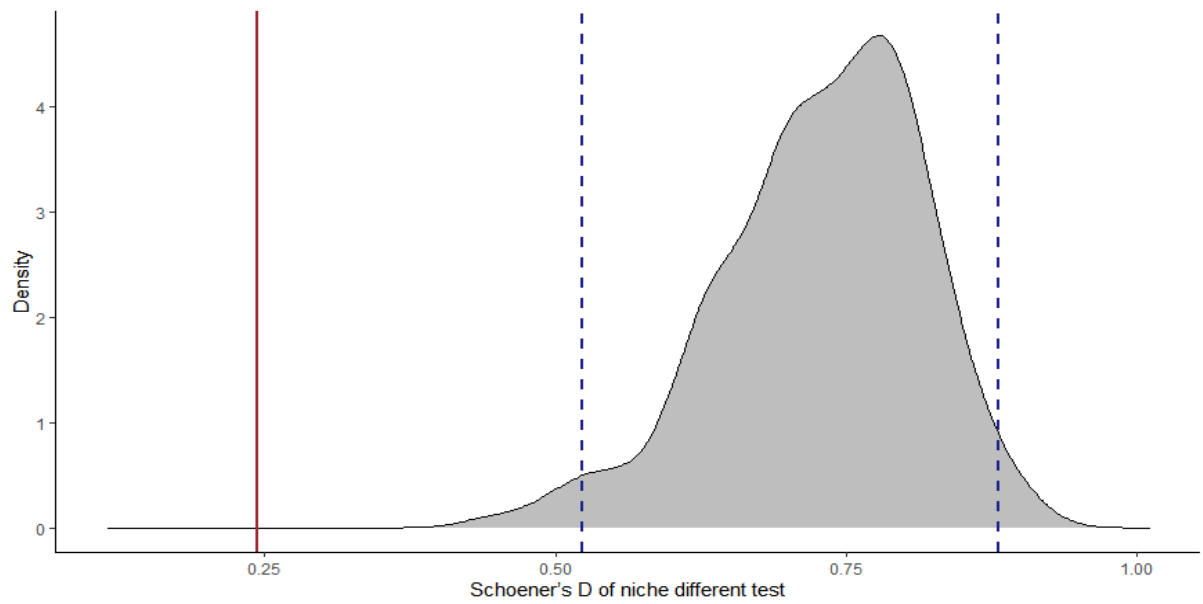


图 25 基于第二种零模型的褐鳟鱼与鲃鱼水体含氧量—水体硝酸盐含量二维生态位差异性显著性双尾检验图

2.2.7 计算两物种间二维生态位漂移（差异）或保守的置信度

`conf.niche.different.test.twod(entity1,entity2,envback1,envback2,F,199,con=T)`

2.2.7.1 功能概述：

该功能可基于不同的零假设，计算两物种间生态位漂移或生态位保守的置信度。

2.2.7.2 参数意义：

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

combine—判定选择何种零模型。F 为选择第 1 种零模型;T 为选择第二种零模型。

replicate—蒙特卡洛法的重复次数。

con—判定计算生态位漂移的置信度或生态位保守的置信度。T 为计算生态位保守的置信度，F 为计算生态位漂移的置信度。

2.2.7.3 例：

例 1：

####本例中，我们将基于 Antione Guisan 团队虚拟数据中年均温度—年降水量环境数据，计算物种入侵到新大陆后生态位发生漂移的显著度与生态位保守的置信度。

####计算生态位发生漂移的置信度

```
conf.niche.different.test.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,F,199,F)
```

####计算结果

1

例 2：

####本例中，我们将计算褐鳟鱼与鲃鱼是的水体含氧量—水体硝酸盐含量二维生态位差异的显著度。

```
conf.niche.different.test.twod(Satr.nit_oxy,Baba.nit_oxy,env.nit_oxy, env.nit_oxy,T,199,F)
```

####计算结果

1

2.2.8 计算物种二维生态位漂移驱动与作图

`plot.niche.dyn.twod (entity1,entity2,envback1,envback2,conf)`

2.1.8.1 功能概述：

该功能可计算二维环境梯度上生态位漂移的驱动并作图。

2.2.8.2 参数意义：

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）计算生态位漂移驱动。

2.2.8.3 例：

####本例中，我们将基于 Antione Guisan 团队虚拟数据中年年均温度一年降水环境数据，计算物种入侵到新大陆后生态位漂移的驱动因素，我们将计算 `stability`、`expansion` 及 `unfilling` 并绘图。

`plot.niche.dyn.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,1)`

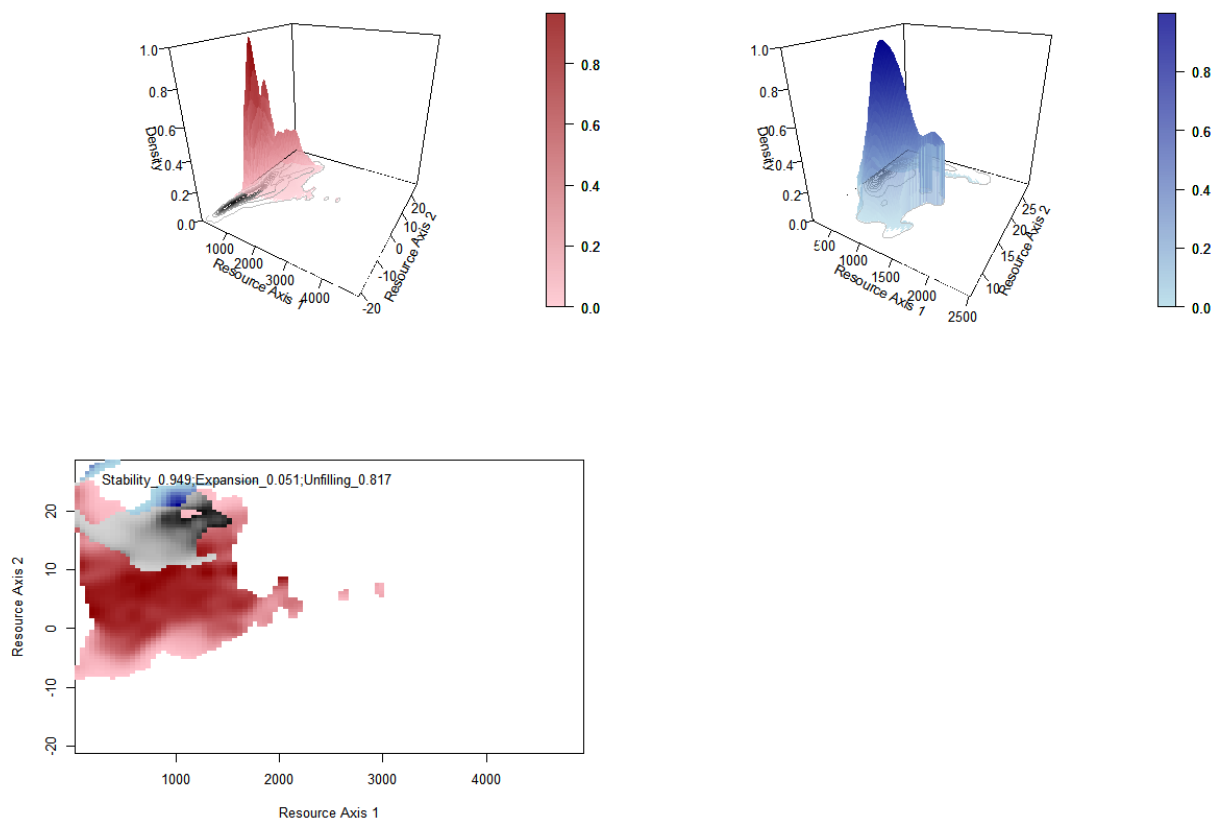


图 26 同物种在原生大陆与入侵大陆上的年均温度一年降水二维生态位漂移驱动图

2.2.9 计算修正的二维生态位漂移驱动与作图

plot.niche.modif_dyn.twod (entity1,entity2,envback1,envback2,conf)

2.2.9.1 功能概述:

该功能可计算修正的二维环境梯度上生态位漂移的驱动并作图。与传统的生态位漂移驱动计算方法不同，该功能首先将原生大陆上的物种分布投影到入侵大陆上，以此可以消除环境背景缺失在估算中带来的影响。

2.2.9.2 参数意义:

entity1—物种 1 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

entity2—物种 2 的资源利用状态（捕食等）或在环境梯度上的分布状态（生物地理分布等）。

envback1—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

envback2—物种 1 的可利用资源背景或环境背景。

conf—用于以特定范围的物种分布（资源利用）计算生态位漂移驱动。

2.2.9.3 例:

####本例中，我们将基于 Antione Guisan 团队虚拟数据中年均温度一年降水环境数据，计算物种入侵到新大陆后生态位漂移的驱动因素，我们将计算修正的 stability、expansion 及 unfilling 并绘制生态位漂移驱动图。

```
plot.niche.modif_dyn.twod(pandtmp.niche.nat,pandtmp.niche.inv,pandtmp.nichebackgorund.nat,pandtmp.nichebackgorund.inv,1)
```

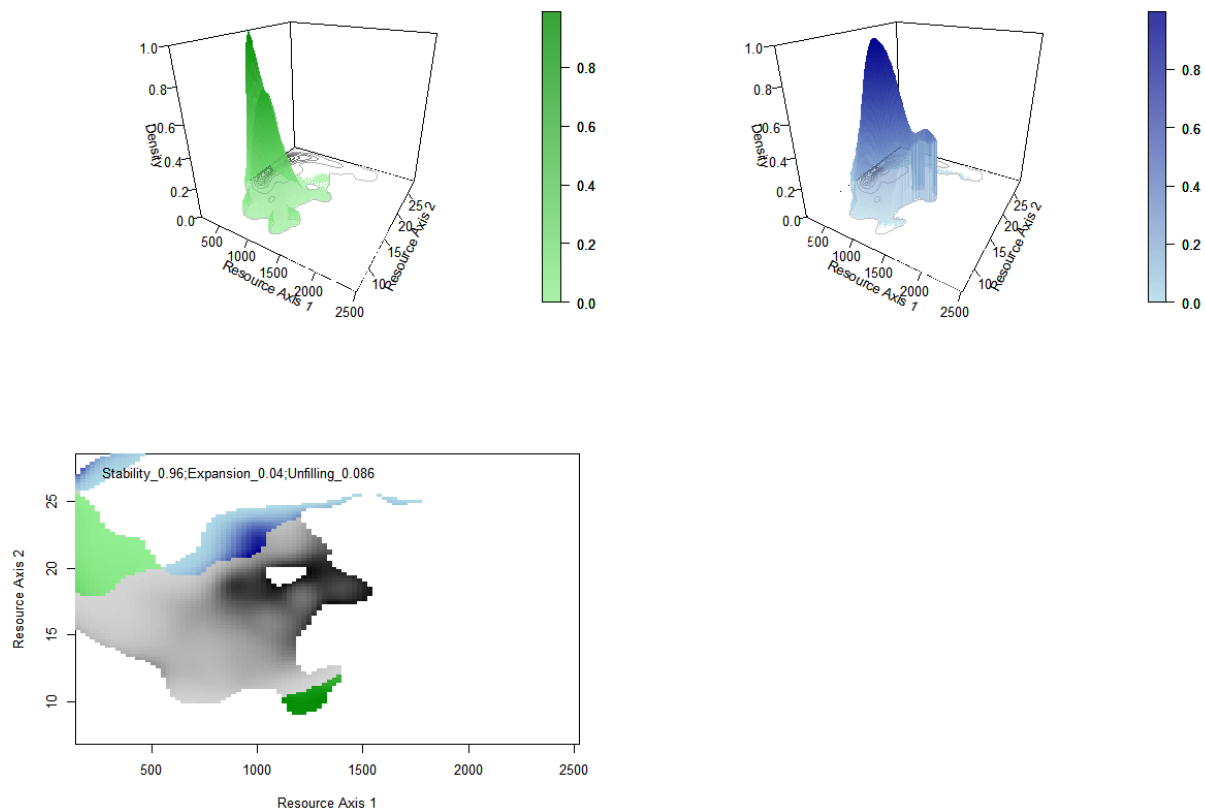


图 27 修正同物种在原生大陆与入侵大陆上的年均温度一年降水二维生态位漂移驱动图