

中国林业科学研究院
资源信息研究所

Research Institute of Forest Resource
Information Techniques (IFRIT)
Chinese Academy of Forestry (CAF)
Beijing, China



联系人

邮箱:

何 潇 hexiao@ifrit.ac.cn

周超凡 zhouchaofan@ifrit.ac.cn

电话: +86 10 62888305

ForestStatTool

计算林学中单木和林分指标的 R 包

使用手册

中国林业科学研究院资源信息研究所
信阳师范学院数学与统计学院
河南农业大学林学院
河北农业大学经济管理学院

2024 年 5 月

ForestStatTool

计算林业中单木和林分指标的 R 包

组 长

雷相东（中国林业科学研究院资源信息研究所）

编写人员

何 潇（中国林业科学研究院资源信息研究所）

周超凡（中国林业科学研究院资源信息研究所）

段光爽（信阳师范学院数学与统计学院）

周梦丽（河南农业大学林学院）

史景宁（河北农业大学经济管理学院）

目 录

一、 总体介绍	1
1.1 安装	1
1.2 ForestStatTool 包的结构	1
1.3 内置数据	2
二、 数据预处理函数	5
2.1 样地分割函数 Plot_Divide ()	5
2.2 重复标签处理函数 Tag_Divide ()和 Tag_Remove ()	8
2.3 重复坐标处理函数 Coord_Move ()和 Coord_Remove ()	10
三、 单木层次因子	12
3.1 与距离无关的竞争指数计算函数 CI.nondist ()	12
3.2 与距离有关的竞争指数计算函数 CI.dist.base ()	16
3.3 空间结构指数计算函数 Unit_Struc ()	19
四、 林分层次因子	23
4.1 常见林分因子计算函数 StandFactor ()	23
4.2 树种多样性和均匀度指数计算函数 Div ()和 Eve ()	26
4.3 树种重要值计算函数 IV ()	34

一、总体介绍

ForestStatTool 是一个通用的计算林学中各种单木和林分因子的 R 程序包，含有 12 个实用函数，共分为 7 个大类，包括重复标签处理、重复坐标处理、样地分割、空间结构指标计算、竞争指数计算、生物多样性指标计算和林分因子计算等。这些函数可用于基于样地调查数据进行数据检查与预处理，可批量、方便、快速、准确地计算林学中多项单木和林分因子。该 R 包适用于林业教学、科研和生产工作者，可用于森林经理、森林培育、森林生态等专业领域。

1.1 安装

本程序包运行在装有 R 软件环境的 Windows 操作系统中，要求用户电脑中装有 R 软件(版本号不低于 3.5)、系统依赖的 R 扩展包。可在 R 软件中使用语句(需要安装 devtools 包): `install_github("JingningShi/ForestStatTool")`，在线安装。

1.2 ForestStatTool 包的结构

ForestStatTool 包的最新版本为 0.0-1，该包的函数及核心功能见图 1，主要包括数据检查和预处理、单木层次、林分层次的各项指标计算，共 7 个大类。

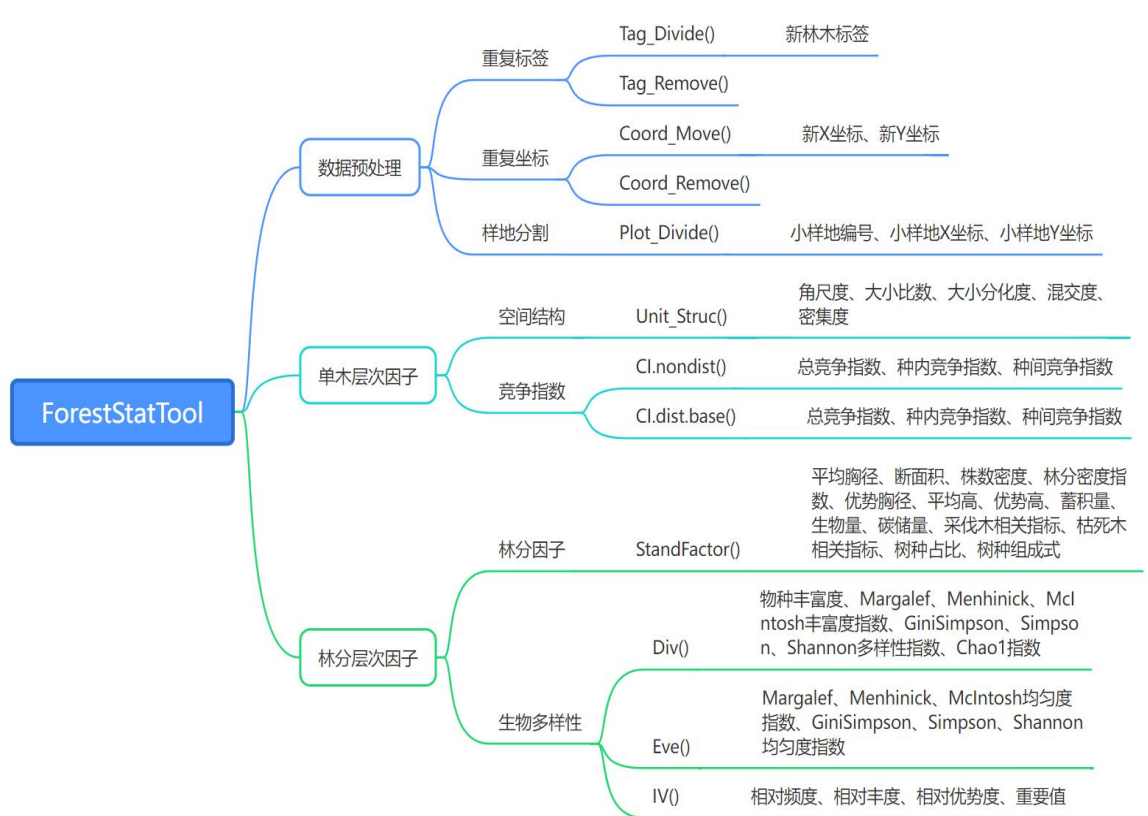


图 1 ForestStatTool 包的核心功能、主要函数与输出结果

1.3 内置数据

ForestStatTool 包内置了 3 个数据集，分别来源于（1）吉林省汪清林业局金沟岭林场的云冷杉针阔混交林地 1ha 大样地（数据的结构见表 1）；（2）北京市十三陵林场的 0.06ha 侧柏纯林圆形样地（数据的结构见表 2）；（3）含有空值的问题数据，仅做说明使用。

云冷杉针阔混交林地 1ha 大样地位于吉林省汪清林业局金沟岭林场，调查于 2013 年 8 月，样地大小为 100m×100m，对样地内胸径 1cm（含）以上的树木进行编号，记录了位置、树种、胸径、树高和冠幅等，主要乔木树种为云杉（*Picea asperata*）、冷杉（*Abies fabri*）、红松（*Pinus koraiensis*）、长白落叶松（*Larix olgensis*）、水曲柳（*Fraxinus mandschurica*）、黄菠萝（*Phellodendron amurense*）、胡桃楸（*Juglans mandshurica*）、白桦（*Betula platyphylla*）、枫桦（*Betula costata*）、椴树（*Tilia amurensis*）、色木（*Acer mono*）、榆树（*Ulmus pumila*）、杨树（*Populus L.*）和杂木等，数据中共有 14 个树种，分别用数值 1~14 来表示。该数据在 R 语言环境中的数据格式为数据框，被命名为“bigplot”，其变量名见表 1。

侧柏纯林的 3 块圆形样地位于十三陵林场长陵分场 15 小班，调查于 2021 年 8 月，样地面积为 0.06ha（半径 13.82m），对样地每株胸径大于 5cm 的乔木进行编号，记录了位置、树种和胸径，主要乔木树种为侧柏（*Platycladus orientalis*）、油松（*Pinus tabulaeformis*）、栓皮栎（*Quercus variabilis*）、蒙古栎（*Quercus mongolica*）和黄栌（*Cotinus coggygria*），数据中共有 5 个树种，分别用数值 1~5 来表示，并使用 Richards 树高曲线计算每株样木的树高，单木材积、单木生物量和碳储量使用我国林业行业标准和文献中的模型计算^①。需要说明的是，本研究对该示例数据中的个别数据进行了改动，比如增加侧柏纯林中其他树种的个数，即将侧柏修改为其他树种。该数据在 R 语言环境中的数据格式为数据框，被命名为“cdf”，其变量名见表 2。

^① 参考文献如下：

蒲莹，曾伟生，阳帆. 北京市树高胸径回归模型研建及一元立木材积表检验 [J]. 林业资源管理, 2021, (3): 62-66.
周国逸，尹光彩，唐旭利. 中国森林生态系统碳储量——生物量方程 [M]. 2018: 北京：科学出版社.

表 1 矩形大样地输入示例数据结构

项目	样地号	林木标签	横坐标	纵坐标	树种	胸径	树高	枝下高	树冠半径
Item	Plot number	Tree label	Abscissa	Ordinate	Tree species	Diameter at breast (cm)	Tree Height (m)	Height of crown base (m)	Crown radius (m)
R 中变量名	Plot	Tag	X	Y	SP	D	H	HCB	CR
Variable name in R									
	B-10	1	0.671	9.274	5	39.2	23	12.3	2.03
	B-10	2	1.933	7.402	5	10.1	7.6	4.4	1.76
云冷杉针阔混交林	B-10	3	1.149	5.214	14	5.2	5.9	4	1.61
地 1ha 大样地	B-10	4	1.262	4.148	9	32.4	18.5	5.3	2.42
1ha sample plot of	B-10	5	2.323	4.6	3	13.6	16.9	11.2	2.08
<i>spruce-fir</i>	B-10	6	2.391	4.804	3	25.7	21.9	7.9	2.41
coniferous and	B-10	7	6.017	5.648	7	19.5	15	5.9	3.09
broad-leaved mixed	B-10	8	5.367	1.903	3	13	17.3	11.6	2.29
forests	B-10	9	5.973	1.488	6	11.5	11	8.6	2.16
	B-10	10	6.11	1.838	7	15.8	11.6	6.1	2.37
	...								

表 2 圆形样地输入示例数据结构

项目	样地号	林木标签	胸径	树高	横坐标	纵坐标	树种	单木材	单木地上生	单木地下生	单木地上碳	单木地下碳
Item	Plot number	Tree label	D(cm)	H(m)	Abscissa	Ordinate	Tree species	积	物量	物量	储量	储量
R 中变量名												
Variable name in R	Plot	Tag	D	H	X	Y	SP	V	BIO_A	BIO_ROOT	CAR_A	CAR_ROOT
侧柏纯林圆形样地 Circular sample plot of <i>Platycladus orientalis</i> pure forest	A1	1	17.7	8.6	0	0	4	0.10	121.61	37.80	67.60	18.99
	A2	2	10.3	6.3	3.473	-10.374	3	0.03	43.40	13.93	24.13	7.00
	A3	2	10.5	6.4	-1.564	1.911	4	0.03	45.07	14.43	25.05	7.25
	A2	3	21.1	9.9	-12.610	-2.256	2	0.15	171.48	52.26	95.33	26.25
	A3	3	10.9	6.5	-2.074	-0.873	4	0.03	48.32	15.46	26.86	7.77
	A1	4	10.1	7.4	-2.810	0.632	1	0.03	43.53	13.42	24.20	6.74
	A2	4	10	6.2	4.938	12.188	5	0.02	41.04	13.19	22.81	6.63
	A1	1	17.7	8.6	0	0	4	0.10	121.61	37.80	67.60	18.99
	A2	1	16.7	8.3	0	0	5	0.08	108.81	33.96	60.49	17.06
	...											

二、数据预处理函数

2.1 样地分割函数 `Plot_Divide ()`

描述 Description

此函数实现了将矩形样地划分为面积相等的若干小样地的功能。可按照坐标 X 和 Y 方向上设置的数量或长度划分小样地。

用法 Usage

`Plot_Divide(Data, Plot, X, Y, Num_xy = NULL, Length_xy = NULL, Origin = c(0,0), Range_xy)`

参数 Arguments

Data: (必须) 数据框。需要分割的样地数据框。

Plot: (必须) 向量, 建议为字符型。样地号。

X: (必须) 数值向量。样地林木横坐标。单位: m。

Y: (必须) 数值向量。样地林木纵坐标。单位: m。

Num_xy: (可选) 数值向量, 长度 2。均大于 1。横纵坐标方向划分小样地的个数。

Length_xy: (可选) 数值向量, 长度 2。均大于 0 且小于横纵坐标长度的一半。横纵坐标方向划分小样地的长度。单位: m。

Origin: 数值向量, 长度 2。样地原点的坐标 $c(X_0, Y_0)$ 。默认为 $c(0, 0)$ 。

Range_xy: (必须) 数值向量, 长度 2。均大于 0。矩形样地横坐标 X 和纵坐标 Y 方向的长度。单位: m。

细节 Details

- 1) 可对多个样地组成的数据框进行样地分割的批量处理。
- 2) 参数 `Length_xy` 决定划分的小样地的大小, 参数值决定了划分的小样地的数量。两组参数可以根据 $\text{Length_xy}[1] \times \text{Num_xy}[1] = \text{Range_xy}[1]$ 和 $\text{Length_xy}[2] \times \text{Num_xy}[2] = \text{Range_xy}[2]$ 相互推导, 可以两组同时输入, 或至少输入一组。当两组同时输入时, $\text{Length_xy}[1] \times \text{Num_xy}[1]$ 和 $\text{Length_xy}[2] \times \text{Num_xy}[2]$ 分别需要小于或等于 $\text{Range_xy}[1]$ 和 $\text{Range_xy}[2]$, 否则, 将以参数 `Num_xy[1]` 和 `Num_xy[2]` 为主, 推导出 $\text{Length_xy}[1]$ 和 $\text{Length_xy}[2]$ 。

- 3) 小样地的编号规则:

当横坐标和纵坐标方向划分的小样地个数均小于等于 10 个时, 采用列号 (0-9) + 行号 (0-9) 的 2 位数小样地编号。如图 2 中 34 表示从左下角开始的第 4 列第 5 行的小样地。

当横坐标或纵坐标方向划分的小样地个数超过 10 个时, 采用列号 (00-99) + 行号 (00-99) 的 4 位数小样地编号。如图 3 中 0706 表示从左下角开始的第 8 列第 7 行的小样地。

04	14	24	34	44
03	13	23	33	43
02	12	22	32	42
01	11	21	31	41
00	10	20	30	40

图 2 横、纵坐标方向划分的小样地个数均小于等于 10 个时的小样地编号规则

0010	0110	0210	0310	0410	0510	0610	0710	0810	0910	1010
0009	0109	0209	0309	0409	0509	0609	0709	0809	0909	1009
0008	0108	0208	0308	0408	0508	0608	0708	0808	0908	1008
0007	0107	0207	0307	0407	0507	0607	0707	0807	0907	1007
0006	0106	0206	0306	0406	0506	0606	0706	0806	0906	1006
0005	0105	0205	0305	0405	0505	0605	0705	0805	0905	1005
0004	0104	0204	0304	0404	0504	0604	0704	0804	0904	1004
0003	0103	0203	0303	0403	0503	0603	0703	0803	0903	1003
0002	0102	0202	0302	0402	0502	0602	0702	0802	0902	1002
0001	0101	0201	0301	0401	0501	0601	0701	0801	0901	1001
0000	0100	0200	0300	0400	0500	0600	0700	0800	0900	1000

图 3 横、纵坐标方向划分的小样地个数超过 10 个时的小样地编号规则

输出结果 Value

- 1) 输出结果为一个数据框。
包括输入的 Data 数据框的所有列，以及函数产生的新列。
- 2) 新输出变量名：
subplot: 分割后的新样地名，格式为“原样地名-小样地编号”。
subX: 小样地的新 X 坐标，范围 (0, Length_xy[1])。单位: m。
subY: 小样地的新 Y 坐标，范围 (0, Length_xy[2])。单位: m。

实例 Examples

```
## 加载内置数据
data(ForestStatTool)
#bigplot 是一个 100m×100m 的大样地数据框，用于分割小样地
#横纵坐标各划分 5 份，结果为划分后的 25 个 20m×20m 的小样地的合并数据框。
#输入方式
subplot1 <- Plot_Divide(Data = bigplot, Plot = bigplot$Plot, X = bigplot$X, Y = bigplot$Y,
                        Num_xy = c(5,5), Range_xy = c(100,100))
head(subplot1)
levels(factor(subplot1$subplot))
#一样的结果
subplot2 <- Plot_Divide(Data = bigplot, Plot = bigplot$Plot, X = bigplot$X, Y = bigplot$Y,
                        Length_xy = c(20,20), Range_xy = c(100,100))
head(subplot2)
levels(factor(subplot2$subplot))
#横坐标划分 5 份纵坐标各划分 4 份，结果为划分后的 16 个 15m×20m 的小样地的合并数据框
subplot3 <- Plot_Divide(Data = bigplot, Plot = bigplot$Plot, X = bigplot$X, Y = bigplot$Y,
                        Num_xy = c(5,4), Length_xy = c(15,20), Range_xy = c(100,100))
head(subplot3)
levels(factor(subplot3$subplot))
```

2.2 重复标签处理函数 Tag_Divide ()和 Tag_Remove ()

描述 Description

Tag_Divide 通过在重复标签后添加新标注来解决标签重复问题。

Tag_Remove 通过删除标签重复的较小胸径的林木而保留标签重复的最大胸径的林木来解决标签重复问题。

用法 Usage

Tag_Divide(Data, Plot, Tag)

Tag_Remove(Data, Plot, Tag, D)

参数 Arguments

Data: (必须) 数据框。需要检查或处理重复标签问题的样地数据框。

Plot: (必须) 向量, 建议为字符型。样地号。

Tag: (必须) 向量, 建议为字符型。样地林木标签。

D: (Tag_Remove 函数中必须) 数值向量。样地林木胸径。单位: cm。

细节 Details

- 1) 只有 Tag_Divide 会产生新列 newTag。
- 2) 当各样地均不存在重复标签时, 会输出“**There are no duplicated tags!**”的提醒, 此时将不会再输出新数据框。
- 3) 可对多个样地组成的数据框进行重复标签批量处理。

输出结果 Value

- 1) 输出结果为一个数据框。
包括输入的 Data 数据框的所有列, 以及函数可能产生的新列。
- 2) 新输出变量名:
newTag: 重新编号的新标签, 格式为“原标签-编号”

实例 Examples

```
## 加载内置数据
data(ForestStatTool)
##rawdata 是一个存在重复标签的样地原始数据框
rawdata
##Tag_Divide()通过在重复标签后添加新标注来解决标签重复问题。
newdata1 <- Tag_Divide(Data = rawdata, Plot = rawdata$Plot, Tag = rawdata$Tag)
newdata1
##检查新列 newTag 是否还存在重复标签
Tag_Divide(Data = newdata1, Plot = newdata1$Plot, Tag = newdata1$newTag)
##输出“There are no duplicated tags!”提醒, 说明所有样地中的样木都不存在重复
标签
```

```
##Tag_Remove()通过保留重复标签中胸径最大的林木来解决标签重复问题。
```

```

##参数 D 有空值，删除存在空值的行
rawdata0 <- subset(rawdata,!is.na(rawdata$D))
newdata2 <- Tag_Remove(Data = rawdata0, Plot = rawdata0$Plot, Tag =
  rawdata0$Tag, D = rawdata0$D)
newdata2
##检查 newdata2 中的 Tag 是否还存在重复标签
Tag_Remove(Data = newdata2, Plot = newdata2$Plot, Tag = newdata2$Tag, D =
  newdata2$D)
#输出“‘There are no duplicated tags!’提醒，说明所有样地中的样木都不存在重复标
  签

```

2.3 重复坐标处理函数 `Coord_Move()`和 `Coord_Remove()`

描述 Description

`Coord_Move()`通过给予重复坐标一个随机的抖动来解决坐标重复问题。

`Coord_Remove()`通过保留重复坐标中胸径最大的林木来解决坐标重复问题。

用法 Usage

```
Coord_Move(Data, Plot, X, Y, Origin = c(0,0), Range_xy)
```

```
Coord_Remove(Data, Plot, X, Y, D)
```

参数 Arguments

Data: (必须) 数据框。存在坐标重复的样地林木数据框。

Plot: (必须) 向量，建议为字符型。样地号。

X: (必须) 数值向量。样地林木横坐标。单位：m。

Y: (必须) 数值向量。样地林木纵坐标。单位：m。

D: (`Coord_Remove` 函数中必须) 数值向量。样地林木胸径。单位：cm。

Origin: 数值向量，长度 2。样地原点的坐标 `c(X0, Y0)`。默认为 `c(0, 0)`。单位：m。

Range_xy: (`Coord_Move` 函数中必须) 数值向量，长度 2，均大于 0。矩形样地横坐标 X 和纵坐标 Y 方向的长度。单位 m

细节 Details

- 1) 只有 `Coord_Move()`会产生新列 `newX` 和 `newY`。
- 2) `Coord_Move()`中得到的新坐标与重复坐标的距离在 0.1~0.3m 之间，相对于重复坐标的方位是随机的。
- 3) 当各样地均不存在重复坐标时，会输出“`There are no duplicated coordinates!`”的提醒，此时将不会再输出新数据框。
- 4) 可对多个样地组成的数据框进行重复标签批量处理。

输出结果 Value

- 1) 输出结果为一个数据框。
包括输入的 `Data` 数据框的所有列，以及函数产生的新列。
- 2) 新输出变量名：
`newX`: 调整后的新 X 坐标。
`newY`: 调整后的新 Y 坐标。

实例 Examples

```
## 加载内置数据
data(ForestStatTool)
##rawdata 是一个存在重复坐标的样地原始数据框
##Coord_Move()通过给予重复坐标一个随机的抖动来解决坐标重复问题。
newdata1 <- Coord_Move(Data = rawdata, Plot = rawdata$Plot, X=rawdata$X,
  Y=rawdata$Y, Range_xy = c(10,10))
```

```

newdata1
##检查 newdata1 中的 newX 和 newY 中是否还存在重复坐标
Coord_Move(Data = newdata1, Plot = newdata1$Plot, X=newdata1$newX,
            Y=newdata1$newY, Range_xy = c(10,10))
#输出“There are no duplicated coordinates!”提醒,说明所有样地中的样木都不存在
    重复坐标

##Coord_Remove()通过保留重复坐标中胸径最大的林木来解决坐标重复问题。
##参数 D 有空值,删除存在空值的行
rawdata0 <- subset(rawdata,!is.na(rawdata$D))
newdata2 <- Coord_Remove(Data = rawdata0, Plot = rawdata0$Plot, X =
    rawdata0$X, Y = rawdata0$Y, D = rawdata0$D)
newdata2
##检查 newdata2 中的 newX 和 newY 中是否还存在重复坐标
Coord_Remove(Data = newdata2, Plot = newdata2$Plot, X = newdata2$X, Y =
    newdata2$Y, D = newdata2$D)
#输出“There are no duplicated coordinates!”提醒,说明所有样地中的样木都不存在
    重复坐标

```

三、单木层次因子

3.1 与距离无关的竞争指数计算函数 `CI.nondist ()`

描述 Description

此函数实现了利用单木测量因子计算与距离无关的单木竞争指数，包括与距离无关的 9 个变量。

用法 Usage

`CI.nondist(Data = NULL, Plot, Tag, D, SP, H = NULL, HCB = NULL, CR = NULL, S=0.06, Bind = FALSE)`

参数 Arguments

Data: (可选) 数据框，用于存放单木数据。其变量必须含有 `Plot`、`Tag`、`D`。在 `Bind = TRUE` 时，`Data` 必须输入。
Plot: (可选) 向量，样地号。可以是数值型，也可以是字符型。
Tag: (可选) 向量，林木标签 (编号)。可以是数值型，也可以是字符型。
D: (必须) 数值向量。单木胸径，单位：`cm`。
SP: (必须) 向量，可以是数值型，也可以是字符型。树种。
H: (可选) 向量。单木树高，单位：`m`。默认为空。
HCB: (可选) 向量。单木枝下高，单位：`m`。默认为空。
CR: (可选) 向量。单木冠幅，即一个方向上的平均值，单位：`m`。默认为空。
S: (必须) 数值。样地面积，单位：`ha`。

细节 Details

- 1) 输入数据可以选择两种方法：第一种是按照参数 `Plot`, `Tag`, `D`, `SP`, `H`, `HCB` 和 `CR` 逐个输入，其中 `SP`, `H`, `HCB` 和 `CR` 可选择不输入；第二种是首先修改数据的列名，包括 `Plot`, `Tag`, `D`, `SP`, `H`, `CR`，其中 `SP`, `H`, `HCB` 和 `CR` 可不包含在数据中，然后通过 `Data` 参数一次性输入。
- 2) 如果 `SP` 不输入则只计算总竞争，输入 `SP` 后会同时计算 9 个竞争指数的总竞争和种内种间竞争。
- 3) 如果 `H` 不输入则 `CI8` 不计算，如果 `H`、`HCB` 和 `CR` 中有一个不输入则 `CI9` 不计算。
- 4) 与距离无关的竞争指数具体计算方法见表 3。

表 3 与距离无关的竞争指数

名称	总竞争	公式	变量	参考文献	备注
CI1	大于对象木胸径的其他林木的胸高断面积之和	$\left(\sum_{d_i < d_j}^n g_j \right) / S$	g_i 、 g_j : 对象木 i 和竞争木 j 的胸高断面积 (m^2) S : 样地面积 (ha)	Wykoff 等 (1982)	竞争压力
CI2	胸径不等于对象木胸径的其他林木的胸径之和与对象木胸径的比	$\left(\sum_{j \neq i}^n d_j \right) / d_i$	d_i 、 d_j : 为对象木 i 和竞争木 j 的胸径 (cm)	Lorimer (1983)	
CI3	对象木胸径与样地中林木的平均胸径 (均方直径) 的比	$\frac{d_i}{d_g}$	d_x : 样地的平均胸径 (cm) d_{\max} : 样地的最大胸径 (cm)	Hamilton (1986)	竞争能力
CI4	对象木胸径与样地中林木的最大胸径的比	$\frac{d_i}{d_{\max}}$	\bar{g} : 样地的平均断面积 (m^2) g_{\max} : 样地的最大胸高断面积 (m^2)	Tomé & Burkhardt (1989)	
CI5	对象木的胸高断面积与样地中林木的平均胸高断面积的比	$\frac{g_i}{\bar{g}}$	RS: 样地的相对空间指数; G: 样地的每公顷胸高断面积 ($\text{m}^2 \cdot \text{ha}^{-1}$);	Tomé & Burkhardt (1989)	
CI6	对象木的胸高断面积与样地中林木的最大胸高断面积的比	$\frac{g_i}{g_{\max}}$	N: 林分密度 (株/ha); H_{Dom} : 林分优势高 (m)	Tomé & Burkhardt (1989)	
CI7	样地中所有胸径不等于对象木胸径的其他林木的胸高断面积之和与对象木胸高断面积的比	$\left(\sum_{j \neq i}^n g_j \right) / g_i$	hca_j : 单木树冠垂直投影面积 (m^2); $HWCR_i$: 最大树冠的高度等于对象	Corona & Ferrara (1989)	竞争压力

名称	总竞争	公式	变量	参考文献	备注
CI8	样地中大于对象木胸径的其他林木的胸高断面积之和与样地单位面积胸高断面积和相对空间指数的比。注：需要单木树高	$\left[\left(\sum_{d_i < d_j}^n g_j \right) / G \right] / RS,$ <p>其中： $RS = \frac{\sqrt{S/N}}{H_{Dom}}$</p>	木的树高的 66%	Schröder & Gadow (1999)	
CI9	单位面积的样地中活立木最大树冠高度为对象木树高的 66% 的竞争木的冠幅面积之和。注：需要单木树高、枝下高、冠幅	$\left(\sum_1^n hca_{j(HWCW_i)} \right) / S$		Nagel (1999)	

输出结果 Value

- 1) 输出结果为一个数据框。如果 Bind=FLASE，数据框仅包含样地号 Plot、林木标签 Tag 和竞争指数；若 Bind=TRUE 且 Data 不为空，数据框包含 Data 的所有林木信息和竞争指数。
- 2) 输出变量名：
Plot: 样地号
Tag: 林木标签
CI1 ~ CI9: 9 个与距离无关的总竞争指数
CI1_intra ~ CI9_intra: 9 个与距离无关的种内竞争指数
CI1_inter ~ CI9_inter: 9 个与距离无关的种间竞争指数

参考文献 References

- Wykoff, W.R., Crookston, N.L., Stage, A.R. (1982). User's guide to the stand prognosis model (Vol. 133). United States Department of Agriculture, Forest Service, Intermountain Forest and Range Experiment Station. General Technical Report. INT-133, pp. 119.
- Lorimer, C.G. (1983). Tests of age-independent competition indices for individual trees in natural hardwood stands. Forest Ecology and Management, 6: 343-360.
- Hamilton, D. A. (1986). A logistic model of mortality in thinned and unthinned mixed conifer stands of northern Idaho. Forest Science, 32(4), 989-1000.
- Tomé, M., Burkhart, H. E. (1989). Distance-dependent competition measures for predicting growth of individual trees. Forest Science, 35(3), 816-831.
- Corona, P., Ferrara, A. (1989). Individual competition indices for conifer plantations. Agriculture Ecosystems and Environment, 27(1-4), 429-437.
- Schröder, J., Gadow, K.V. (1999). Testing a new competition index for Maritime pine in northwestern Spain. Canadian Journal of Forest Research, 29, 280-283.
- Nagel, J. (1999). Konzeptionelle Überlegungen zum schrittweisen Aufbau eineswaldwachstumskundlichen Simulationssystems für Nordwestdeutschland. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, Band 128, J.D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main, pp. 122.

实例 Examples

```
## 加载内置数据
data(ForestStatTool)
#bigplot 是一个 100m×100m 的矩形样地的林木信息，使用参数逐个输入林木信息，计算与距离无关的竞争指数
a1 <-CI.nondist (Plot = bigplot$Plot, Tag =bigplot$Tag, D = bigplot$D, SP = bigplot$SP, S=1)
head(a1)
#使用 Data 参数直接输入，由于 Data 中除了必须输入的变量外，还含有 SP、H、HCB 和 CR,会计算更多竞争指数
a2 <-CI.nondist (Data = bigplot, S=1)
head(a2)
#cdf 是一个半径 13.82m 的圆形样地的林木信息，使用参数逐个输入林木信息，计算与距离无关的竞争指数
a3 <-CI.nondist (Plot = cdf$Plot, Tag =cdf$Tag, D = cdf$D, SP = cdf$SP, S=0.06)
head(a3)
```

3.2 与距离有关的竞争指数计算函数 **CI.dist.base()**

描述 **Description**

此函数实现了利用单木胸径和位置计算与距离有关的单木竞争指数, 包括与距离有关的 3 个变量, 每个指标均可分为总竞争、种内竞争和种间竞争。

函数对矩形样地和圆形样地均适用 (参数 **Shape**), 并内置 3 种边缘矫正方法 (参数 **Correct**)。

用法 **Usage**

```
CI.dist.base(Data = NULL, Plot, Tag, X, Y, D, SP = NULL, Neighbor = "number", k = 4, Search_dist = NULL, Shape = "rectangle", Correct = "single", Origin = c(0,0), Range_xy= NULL, Radius = NULL, Buf_dist = 5, Bind = FALSE)
```

参数 **Arguments**

Data (可选) 数据框。样地的所有林木属性信息, 当 **Data** 输入时, **Data** 中必须包含名称为 **Plot**, **Tag**, **X**, **Y**, **D**。在 **Bind = TRUE** 时, **Data** 必须输入。

Plot: (必须) 向量, 建议为字符型。样地号。可以是数值型, 也可以是字符型。

Tag: (必须) 向量。林木标签 (编号)。可以是数值型, 也可以是字符型。

X: (必须) 数值向量。样地林木横坐标。单位: m。

Y: (必须) 数值向量。样地林木纵坐标。单位: m。

D: (必须) 数值向量。样地林木胸径, 单位: cm。

SP: (可选) 向量, 可以是数值型, 也可以是字符型。树种。

Neighbor: (必须) 字符串。相邻木的选择方法, 2 种: "number" (固定数量法, 如 $k=4, 6, 8$ 等) 和 "distance" (固定半径法)。

k: (**Neighbor**="number" 时必须) 大于 0 小于样地林木数量的整数值。计算竞争指数的相邻木数量, 默认为 4。

Search_dist: (**Neighbor**="distance" 时必须) 数值向量。固定半径法的半径。单位: m。

Shape: (必须) 字符串。输入分析样地的形状, "rectangle" (矩形样地) 或 "circle" (圆形样地)。默认为 "rectangle"。

Correct: (必须) 字符串。输入边缘矫正方法, "translation"、"buffer" 或 "single"。默认为 "single", 逐株优化法, 即以距对象木最近的第 k 株相邻木的距离进行判断; "translation" 为平移法 (8 邻域缓冲区法); "buffer" 为固定距离的缓冲区法 (Pommerening, 2006)。

Origin: (必须) 数值向量, 长度 2。样地原点的坐标 $c(x_{\min}, y_{\min})$ 。默认为 $c(0, 0)$ 。

Range_xy: (**Shape**="rectangle" 时必须) 数值向量, 长度 2, 均大于 0。矩形样地的横坐标 **X** 和纵坐标 **Y** 长度。单位: m。

Radius: (**Shape**="circle" 时必须) 数值, 大于 0。圆形样地的半径 r 。单位: m。

Buf_dist: (**correct**="buffer" 和 "translation" 时必须) 数值, 大于 0 且小于短边的一半 (**Shape**="rectangle" 时), 大于 0 且小于半径 r (**Shape**="circle" 时)。缓冲区的宽度。默认为 5m。单位: m。

Bind: (必须) 逻辑向量。是否将输出的空间结构指标与 **Data** 进行匹配合并。默

认为 FALSE，不进行合并。当 Bind = TRUE 时，将竞争指数按照样地号和林木标签与 Data 进行匹配后合并输出。

细节 Details

- 1) 输入数据可以选择两种方法：第一种是按照参数 Plot, Tag, X, Y, D, SP 逐个输入其中 SP 可选择不输入；第二种是首先修改数据的列名，包括 Plot, Tag, X, Y, D, SP，其中 SP 可不包含在数据中，然后通过 Data 参数一次性输入。
- 2) 当参数 Shape="rectangle"（即方形样地）时，3 种边缘矫正方法均可用，当参数 Shape="circle" 时（即圆形样地时），Correct 只能选择逐株优化法（"single"）或固定距离的缓冲区法（"buffer"）。当参数 Neighbor="number" 时（即固定数量法）时，3 种边缘矫正方法均可用，当参数 Neighbor="distance" 时（即固定半径法）时，边缘矫正方法只能选择为平移法（"translation"）和固定距离的缓冲区法（"buffer"），这时缓冲区距离 Buf_dist 就等于固定半径法的半径 Search_dist。
- 3) 如果 SP 不输入则只计算总竞争，输入 SP 后会同时计算 3 个竞争指数的总竞争和种内种间竞争。
- 4) 函数内置运算前检查功能，包括判断各个输入参数是否满足计算要求，是否存在重复坐标和标签。
- 5) 与距离有关的 3 个竞争指数的具体计算方法见表 4。

表 4 与距离有关的竞争指数

名称	计算公式	变量	参考文献	备注
CI15	$\sum_{j=1}^n \left(\frac{d_j}{d_i} \times \frac{1}{L_{ij}} \right)$	d_i 、 d_j ：分别为对象木 i 和竞争木 j 的胸径（cm）； L_{ij} ：对象木 i 和竞争木 j 之间的距离（m）	Hegyi (1974)	竞争压力
CI17	$\sum_{j=1}^n \left\{ \pi \times \left(\frac{L_{ij} \times d_i}{d_i + d_j} \right)^2 \times \left[\frac{d_j / L_{ij}}{\sum_{j=1}^n (d_j / L_{ij})} \right] \right\}$		Alemdag (1978)	竞争能力
CI18	$\sum_{j=1}^n \left(\frac{d_j}{d_i} \right) \times e^{(16 \times L_{ij}) / (d_i + d_j)}$		Martin & Ek (1984)	竞争压力

输出结果 Value

- 1) 正常输出结果为数据框。
如果 Bind=FALSE，结果数据框仅包含样地号、林木标签和竞争指数；若 Bind=TRUE 且 Data 不为空，结果数据框包含 Data 的所有林木信息和竞争指数。
- 2) 输出变量名：
Plot: 样地号
Tag: 林木标签
in_out: 一个记录林木是否处于核心区的变量，包括"in"和"out"两类
CI15: 与距离有关竞争指数 CI15
CI15_intra: CI15 的种内竞争

CI15_inter: CI15 的种间竞争
CI17: 与距离有关竞争指数 CI17
CI17_intra: CI17 的种内竞争
CI17_inter: CI17 的种间竞争
CI18: 与距离有关竞争指数 CI18
CI18_intra: CI18 的种内竞争
CI18_inter: CI18 的种间竞争,
N_intra: 相同树种的竞争木数量
N_inter: 不同树种的竞争木数量

参考文献 References

- Alemdag, I.S. (1978). Evaluation of some competition indexes for the prediction of diameter increment in planted white spruce. Information Report Forest Management Institute (Canada). FMR-X-108.
- Hegy, F. (1974). A simulation model for managing jack-pine stands. In International Union of Forestry Research Organizations, Proceedings of meeting in 1973, Growth Models for Tree and Stand Simulations. Edited by J. Fries. Royal College of Forestry, Stockholm, Stockholm, Sweden. Research Note No. 30, pp. 74-90.
- Martin, G.L., Ek, A.R. (1984). A comparison of competition measures and growth models for predicting plantation red pine diameter and height growth. Forset Science, 30, 731-743.
- Pommerening A, Stoyan D. Edge-correction needs in estimating indices of spatial forest structure[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2006, 36(7): 1723-1739.

实例 Examples

```
## 加载内置数据
data(ForestStatTool)
##bigplot 是一个 100m×100m 的矩形样地的林木信息,使用 Data 参数直接输入林木信息,输入的数据框中需要至少包括 Plot, Tag, X, Y, D 等变量名, SP 可选。
b1 <- CI.dist.base (Data = bigplot, Shape = "rectangle", Neighbor = "number", k = 4,
                    Correct = "translation", Origin = c(0,0), Range_xy = c(100,100))
head(b1)

#cdf 是一个半径 13.82m 的圆形样地的林木信息,使用 Data 参数直接输入林木信息,输入的数据框中需要至少包括 Plot, Tag, X, Y, D 等变量名, SP 可选。
b2 <- CI.dist.base (Data =cdf, Shape = "circle", Neighbor = "number", k = 6,
                    Correct = "buffer", Origin = c(0,0), Radius = 13.6, Buf_dist = 2)
head(b2)
```

3.3 空间结构指数计算函数 Unit_Struc ()

描述 Description

此函数实现了根据结构单元（由一株中心木和其 k 株最近相邻木构成）计算林木和林分空间结构的功能。

函数对矩形样地和圆形样地均适用（参数 Shape），并内置 3 种边缘矫正方法（参数 Correct），可同时分析多个样地的空间结构。

用法 Usage

Unit_Struc(Data = NULL, Plot, Tag, X, Y, D, SP, H = NULL, CR = NULL, k = 4, Shape = "rectangle", Correct = "single", Origin = c(0,0), Range_xy = NULL, Radius = NULL, Buf_dist = 5, Bind = FALSE)

参数 Arguments

Data（可选）数据框。样地的所有林木属性信息，当 Data 输入时，Data 中必须包含名称为 Plot, Tag, X, Y, D, SP。在 Bind = TRUE 时，Data 必须输入。

Plot:（必须）向量，建议为字符型。样地号。可以是数值型，也可以是字符型。

Tag:（必须）向量。林木标签（编号）。可以是数值型，也可以是字符型。

X:（必须）数值向量。样地林木横坐标。单位：m。

Y:（必须）数值向量。样地林木纵坐标。单位：m。

D:（必须）数值向量。样地林木胸径，单位：cm。

SP:（必须）向量，可以是数值型，也可以是字符型。树种。

H:（可选）数值向量。样地林木树高，单位：m。

CR:（可选）数值向量。样地林木冠幅半径，单位：m。

k:（必须）大于 0 小于样地林木数量的整数值。计算空间结构指标的相邻木数量，默认为 4，即参照 Hui *et al.*（2019）的相关研究结论，4 株相邻木计算的空间结构值解释性更强。

Shape:（必须）字符串。输入分析样地的形状，"rectangle"（矩形样地）或"circle"（圆形样地）。默认为"rectangle"。

Correct:（必须）字符串。输入边缘矫正方法，"translation"、"buffer"或"single"。默认为"single"，即以距对象木最近的第 k 株相邻木的距离进行判断；"translation"为平移法（8 邻域缓冲区法）；"buffer"为固定距离的缓冲区法（Pommerening,2006）。

Origin:（必须）数值向量，长度 2。样地原点的坐标 $c(x_{min}, y_{min})$ 。默认为 $c(0, 0)$ 。

Range_xy:（Shape = "rectangle"时必填）数值向量，长度 2，均大于 0。矩形样地的横坐标 X 和纵坐标 Y 长度。单位：m。

Radius:（Shape = "circle"时必填）数值，大于 0。圆形样地的半径 r 。

Buf_dist:（correct = "buffer"和"translation"时需要）数值，大于 0 且小于短边的一半（Shape = "rectangle"时），大于 0 且小于半径 r （Shape = "circle"时）。缓冲区的宽度。默认为 5m。单位：m。

Bind:（必须）逻辑向量。是否将输出的空间结构指标与 Data 进行匹配合并。默认为 FALSE，不进行合并。当 Bind = TRUE 时，将空间结构指标按照样地号和林木标签与 Data 进行匹配后合并输出。

细节 Details

- 1) 输入数据可以选择两种方法：第一种是按照参数 Plot, Tag, X, Y, D, SP, H, CR 逐个输入其中 H 和 CR 可不输入；第二种是首先修改数据的列名，包括 Plot, Tag, X, Y, D, SP, H, CR，其中 H 和 CR 可不包含在数据中，然后通过 Data 参数一次性输入。
- 2) 函数内置运算前检查功能，包括判断各个输入参数是否满足计算要求，是否存在重复坐标和标签。
- 3) 角尺度 W_Upa 仅在 k 大于等于 3 时计算。
- 4) Buf_dist 在 correct = "translation"时的作用是确定原样地向外扩展的宽度，从而提高运算效率。
- 5) 与距离有关的 3 个竞争指数的具体计算方法见表 5。

表 5 空间结构指标

名称	公式	变量
角尺度 W	$W_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n z_{ij}, z_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{当 } \alpha_j < \alpha_0 \text{ 时} \\ 0, & \text{否则} \end{cases}$	α_j 为最近相邻木与对象木形成的第 j 个夹角， α_0 为标准角， $\alpha_0 = 72^\circ / (n+1)$ 。 n 为相邻木的个数
混交度 M	$M_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n v_{ij}, v_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{当 } sp_i \neq sp_j \text{ 时} \\ 0, & \text{否则} \end{cases}$	sp_i 和 sp_j 分别表示对象木 i 和其相邻木 j 的物种。
大小比数 U	$U_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n k_{ij}, k_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{当 } d_i \geq d_j \text{ 时} \\ 0, & \text{否则} \end{cases}$	d_i 和 d_j 分别表示对象木 i 和其相邻木 j 的胸径。
大小分化 度 T	$T_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \left(1 - \frac{\min(d_i, d_j)}{\max(d_i, d_j)} \right)$	见上
密集度 C	$C_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n y_{ij}, y_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{当 } c_i + c_j > L_{ij} \text{ 时} \\ 0, & \text{否则} \end{cases}$	c_i 和 c_j 分别表示对象木 i 和其相邻木 j 的冠幅半径， L_{ij} 为二者之间的水平距离。

输出结果 Value

- 1) 正常输出结果为包含 tree_value 数据框和 stand_value 数据框的一个列表。
如果 Bind=FLASE，tree_value 数据框仅包含样地号、林木标签和空间结构指标；若 Bind=TRUE 且 Data 不为空，tree_value 数据框包含 Data 的所有林木信息和空间结构指标，若 Data 为空，则输出结果与 Bind=FLASE 时一致
stand_value 数据框包含样地号和空间结构指标样地均值。
- 2) 输出变量名：
tree_value 数据框中：

Plot: 样地号
 Tag: 林木标签
 in_out: 一个记录林木是否处于核心区的变量, 包括"in"和"out"两类
 W_Upa: 角尺度
 U_Udm: 直径大小比数
 U_Uht: 树高大小比数
 U_Ucr: 冠幅大小比数
 T_Udm: 直径大小分化度
 T_Uht: 树高大小分化度
 T_Ucr: 冠幅大小分化度
 M_Usp: 混交度
 C_Ucr: 密集度
 ... : 其他 Data 中的输入变量
 stand_value 数据框中:
 Plot: 样地号
 Avg_W_Upa: 角尺度的样地平均值
 Avg_U_Udm: 直径大小比数的样地平均值
 Avg_U_Uht: 树高大小比数的样地平均值
 Avg_U_Ucr: 冠幅大小比数的样地平均值
 Avg_T_Udm: 直径大小分化度的样地平均值
 Avg_T_Uht: 树高大小分化度的样地平均值
 Avg_T_Ucr: 冠幅大小分化度的样地平均值
 Avg_M_Usp: 混交度的样地平均值
 Avg_C_Ucr: 密集度的样地平均值

参考文献 References

Pommerening A, Stoyan D. Edge-correction needs in estimating indices of spatial forest structure[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2006, 36(7): 1723-1739.
 Hui G, Zhang G, Zhao Z, et al. Methods of forest structure research: A review[J]. Current Forestry Reports, 2019, 5(3): 142-154.

实例 Examples

```

## 加载内置数据
data(ForestStatTool)
#使用参数逐个输入林木信息
a1 <- Unit_Struc (Plot = bigplot$Plot, Tag = bigplot$Tag, X = bigplot$X, Y =
  bigplot$Y, D = bigplot$D, SP = bigplot$SP, H = bigplot$H, Shape = "rectangle",
  Correct = "translation", Range_xy = c(100,100))
head(a1[['tree_value']])
head(a1[['stand_value']])

#使用 Data 直接输入林木信息, Data 中需要至少包括 Plot, Tag, X, Y, D, SP
等变量名, H 和 CR 可选。
#缓冲区法进行边缘矫正
a2 <- Unit_Struc (Data = bigplot, Shape = "rectangle", Correct = "buffer",

```



```

                                Range_xy = c(100,100), Buf_dist = 2, Bind = TRUE)
head(a2[['tree_value']])
head(a2[['stand_value']])

#逐株优化法进行边缘矫正
a3 <- Unit_Struc (Data = bigplot, k = 6, Shape = "rectangle", Correct = "single",
                                Range_xy = c(100,100), Buf_dist = 5, Bind = TRUE)
head(a3[['tree_value']])
head(a3[['stand_value']])

# cdf 是一个圆形样地的林木信息
a4 <- Unit_Struc (Plot = cdf$Plot, Tag = cdf$Tag, X = cdf$X, Y = cdf$Y, D = cdf$D,
                                SP = cdf$SP, H = cdf$H, k = 3, Shape = "circle", Correct = "single", Radius =
                                13.82, Bind = FALSE)
head(a4[['tree_value']])
head(a4[['stand_value']])

```

四、林分层次因子

4.1 常见林分因子计算函数 StandFactor ()

描述 Description

此函数实现了输入单木测树因子经统计输出常用林分（样地）因子

用法 Usage

StandFactor(D, Dmin = 5, S, Plot, TreeType = NULL, TreeClass = NULL, SP=NULL, H = NULL, D0 = 20, beta = 1.605, V = NULL, Biomass = NULL, Carbon = NULL)

参数 Arguments

D:（必须）数值向量。样地林木胸径，单位：cm。

Dmin: 数值。起测胸径。默认为 5cm。

Plot:（必须）向量，可以是数值型，也可以是字符型。样地号。

S:（必须）数值。样地面积。单位：ha。

SP:（可选）向量，可以是数值型，也可以是字符型。树种，当 SP 为空或者输入的 SP 向量只有一个水平时，不会计算树种组成式和分树种的林分因子。

TreeType:（可选）数值向量。检尺类型。12 和 14 表示枯死木，13 表示采伐木，其余值均认为是活立木，可输入全部检尺类型，程序将自动计算活立木（检尺类型不等于 12、13、14 和 50）、采伐木（检尺类型为 14 或 50）和枯死木（检尺类型 13 和 15）的林分因子。默认为空，即输入的数据均为活立木。

TreeClass:（可选）向量，可以是数值型，也可以是字符型。用于分组计算不同类型的林分因子，比如将样地内上层林木和下层林木的林分因子。当输入的 TreeClass 向量只有一个水平时，则不会计算。

H:（可选）数值向量。单木树高。单位：m。用于计算林分平均高和优势高。林分平均高是样地内所有含树高值的单木树高平均值；林分优势高包括两种算法：1、样地内前 n（n 根据样地面积确定，每 100m² 增加 1 株计算样木）株树高最大的优势木树高平均值；2、样地内前 n 株胸径最大的优势木树高平均值。默认为空。

D0: 数值。标准平均胸径。用于计算林分密度指数和可加林分密度指数，默认为 20cm。

beta: 数值。林分密度指数的斜率参数，默认为 1.605。

V:（可选）数值向量。单木材积。单位：m³，默认为空。

Biomass:（可选）数值向量或数据框。单木生物量。单位：kg，默认为空。

Carbon:（可选）数值向量或数据框。单木碳储量。单位：kg，默认为空。

细节 Details

- 1) 只有当样地内每一株样木都有树高时才计算优势高。
- 2) 当 Biomass 或 Carbon 输入为一个向量时，输出结果变量为 Bio 或 Car，如果输入 N 列数据框，则输出结果变量为 Bio_1~Bio_N 或 Car_1~Car_N。

输出结果 Value

1) 输出结果为一个列表，列表由数据框组成。如果输入了单木材积 V ，则列表中含有 5 个数据框：第 1 个数据框是常见林分因子；第 2 个数据框是断面积树种组成；第 3 个数据框是株数树种组成；第 4 个数据框是蓄积树种组成；第 5 个数据框是分树种的常见林分因子。如果单木材积 V 为空，则列表中含有 4 个数据框：第 1 个数据框是常见林分因子；第 2 个数据框是断面积树种组成；第 3 个数据框是株数树种组成；第 4 个数据框是分树种的常见林分因子。

2) 输出变量名：

Plot: 样地号

Dg: 活立木的林分断面积加权平均胸径

Ba: 活立木的林分断面积

N: 活立木的株数密度

SDI: 活立木的林分密度指数

aSDI: 活立木的可加林分密度指数

Dgd: 优势胸径，样地内前 n [$n=S*100$, S 为样地面积，单位：ha] 株胸径最大的优势木的林分断面积加权平均胸径

Hmean: 林分平均高

Hmean_w_SP: 按树种断面积加权的林分平均高

Ht: 林分优势高 1

Ht_Counts: 林分优势高 1 的计算株数

Hd: 林分优势高 2

Hd_Counts: 林分优势高 2 的计算株数

V: 活立木的林分蓄积量

Bio 或 Bio_X : 活立木的林分生物量

Car 或 Car_X: 活立木的林分碳储量

Cut_Dg: 采伐木的林分断面积加权平均胸径

Cut_Ba: 采伐木的林分断面积

Cut_N: 采伐木的株数密度

Cut_SDI: 采伐木的林分密度指数

Cut_aSDI: 采伐木的可加林分密度指数

Dead_Dg: 枯死木的林分断面积加权平均胸径

Dead_Ba: 枯死木的林分断面积

Dead_N: 枯死木的株数密度

Dead_SDI: 枯死木的林分密度指数

Dead_aSDI: 枯死木的可加林分密度指数

Ba.p_XXX: XXX 树种的断面积占比，XXX 根据输入的单木树种 SP 决定

N.p_XXX: XXX 树种的株数占比，XXX 根据输入的单木树种 SP 决定

V.p_XXX: XXX 树种的蓄积占比，XXX 根据输入的单木树种 SP 决定

Composition: 树种组成式，括号中的数字为占比

实例 Examples

```
## 加载内置数据
```

```
data(ForestStatTool)
```

```

#bigplot 是一个 100m×100m 的矩形样地的林木信息，首先利用 Plot_Divide 函数
  将 bigplot 划分为后的 25 个 20m×20m 的小样地的合并数据框。
#除原始变量外，还包含的新列有：分割后的新样地名 subplot，小样地的新 X 坐
  标 subX 和小样地的新 Y 坐标 subY
subplot1 <- Plot_Divide(Data = bigplot, Plot = bigplot$Plot, X = bigplot$X, Y =
  bigplot$Y, Num_xy = c(5,5), Range_xy = c(100,100))
#计算不同小样地的林分因子
#输出了 4 个数据框，分别是样地林分因子、断面积占比与组成、株数占比与组
  成
a1 = StandFactor(Plot = subplot1$subplot, SP=subplot1$SP, S=0.04, D=subplot1$D)
head(a1[[1]])
head(a1[[2]])
head(a1[[3]])
head(a1[[4]])

#cdf 是一个半径 13.82m 的圆形样地的林木信息，计算圆形样地的林分因子
#输出了 5 个数据框，分别是样地林分因子、断面积占比与组成、株数占比与组
  成、蓄积占比与组成
a2 = StandFactor(Plot = cdf$Plot, SP=cdf$SP, S=0.06, D=cdf$D, H=cdf$H, V=cdf$V,
  Biomass=data.frame(cdf$BIO_A,cdf$BIO_ROOT),
  Carbon=data.frame(cdf$CAR_A, cdf$CAR_ROOT))

head(a2[[1]])
head(a2[[2]])
head(a2[[3]])
head(a2[[4]])
head(a2[[5]])

```

4.2 树种多样性和均匀度指数计算函数 Div ()和 Eve ()

描述 Description

此函数实现了输入单木胸径和树种等调查变量，统计生物多样性因子。包括树种多样性指数和树种均匀度指数。具体还包括树种多样性、（非空间）结构多样性、树种均匀度和（非空间）结构均匀度等。

用法 Usage

Div(D, Plot, SP, TreeType = NULL, Dmin = 5, dClass = NULL, Index='Species')
Eve(D, Plot, SP, TreeType = NULL, Dmin = 5, dClass = NULL, Index='Species')

参数 Arguments

D:（必须）数值向量。样地林木胸径。单位：cm。
Plot:（必须）向量，可以是数值型，也可以是字符型。样地号。
SP:（可选）向量，可以是数值型，也可以是字符型。树种。
TreeType:（可选）数值向量。检尺类型。12 和 14 表示枯死木，13 和 50 表示采伐木，其余值均认为是活立木，可输入全部检尺类型，程序将自动计算活立木（检尺类型不等于 12、13、14 和 50）的生物多样性因子。默认为空，即输入的数据均为活立木。
Dmin: 数值。起测胸径，默认为 5cm。
dClass: 数值。径阶，2 或 4。其值为空时会同时输出 2cm 和 4cm 径阶划分所计算的结构多样性指数，默认为空。
Index: 字符串。指标名称，取值为'Species'、'Size'、'SS'、'ALL_2'、'ALL_4'、'ALL'之一。'Species'，计算结构多样性/均匀度指数；'Size'，计算大小多样性/均匀度指数；'SS'，计算物种大小综合多样性/均匀度指数；搭配 dClass 参数可实现只计算 2cm 或只计算 4cm 径阶划分的大小多样性/均匀度指数、综合多样性/均匀度指数；'ALL_2'，计算物种多样性/均匀度指数、2cm 径阶划分的大小多样性/均匀度指数以及 2cm 径阶划分的综合多样性/均匀度指数；'ALL_4'，计算物种多样性/均匀度指数、4cm 径阶划分的大小多样性/均匀度指数以及 4cm 径阶划分的综合多样性/均匀度指数；'ALL'，计算所有多样性/均匀度指数。当 Index 取值为'ALL_2'、'ALL_4'、'ALL'之一时，dClass 参数不起作用。默认为'Species'。

细节 Details

1) 生物多样性指标的具体计算方法见表 6。

表 6 生物多样性指数

名称	计算公式
树种丰富度 (Richness)	样地内乔木树种个数
基尼辛普森 (GiniSimpson)	$N_GiniSimpson_Species_Div = 1 - \sum_{i=1}^{n_{SP}} \left(\frac{n_i}{n}\right)^2$

名称	计算公式
树种多样性指数	$BA_GiniSimpson_Species_Div = 1 - \sum_{i=1}^{n_{SP}} \left(\frac{ba_i}{ba}\right)^2$
辛普森 (Simpson) 树种多样性指数	$N_Simpson_Species_Div = \frac{1}{\sum_{i=1}^{n_{SP}} \left(\frac{n_i}{n}\right)^2}$ $BA_Simpson_Species_Div = \frac{1}{\sum_{i=1}^{n_{SP}} \left(\frac{ba_i}{ba}\right)^2}$
香农 (Shannon) 树种多样性指数	$N_Shannon_Species_Div = - \sum_{i=1}^{n_{SP}} \frac{n_i}{n} \ln\left(\frac{n_i}{n}\right)$ $BA_Shannon_Species_Div = - \sum_{i=1}^{n_{SP}} \frac{ba_i}{ba} \ln\left(\frac{ba_i}{ba}\right)$
玛格列夫 (Margalef) 树种多样性指数	$Margalef_Div = \frac{n_{SP}-1}{\ln(n)}$
门辛尼克 (Menhinick) 树种多样性指数	$Menhinick_Div = \frac{n_{SP}}{\sqrt{n}}$
麦金图史 (McIntosh) 树种多样性指数	$McIntosh_Div = \frac{n_{SP}}{\sqrt{n}}$
Chao1 指数	$Chao1 = Richness + \frac{F_1(F_1 - 1)}{2(F_2 + 1)}$
基尼辛普森 (GiniSimpson) 结构多样性指数	$N_GiniSimpson_Size2_Div \text{ or } N_GiniSimpson_Size4_Div = 1 - \sum_{i=1}^{d_c} \left(\frac{n_i}{n}\right)^2$ $BA_GiniSimpson_Size2_Div \text{ or } BA_GiniSimpson_Size4_Div = 1 - \sum_{i=1}^{d_c} \left(\frac{ba_i}{ba}\right)^2$
辛普森 (Simpson) 结构多样性指数	$N_Simpson_Size2_Div \text{ or } N_Simpson_Size4_Div = \frac{1}{\sum_{i=1}^{d_c} \left(\frac{n_i}{n}\right)^2}$ $BA_GiniSimpson_Size2_Div \text{ or } BA_GiniSimpson_Size4_Div = 1 - \sum_{i=1}^{d_c} \left(\frac{ba_i}{ba}\right)^2$
香农 (Shannon) 结构多样性指数	$N_Shannon_Size2_Div \text{ or } N_Shannon_Size4_Div = - \sum_{i=1}^{d_c} \frac{n_i}{n} \ln\left(\frac{n_i}{n}\right)$

名称	计算公式
数	$BA_Shannon_Size2_Div \text{ or } BA_Shannon_Size2_Div = -\sum_{i=1}^{d_c} \frac{ba_i}{ba} \ln(\frac{ba_i}{ba})$
基尼辛普森 (GiniSimpson) 树种结构综合 多样性指数	$N_GiniSimpson_SS2_Div \text{ or } N_GiniSimpson_SS4_Div = 1 - \sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_c} (\frac{n_i}{n})$ $BA_GiniSimpson_SS2_Div \text{ or } BA_GiniSimpson_SS4_Div = 1 - \sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_c} (\frac{\ell}{n})$
辛普森 (Simpson) 树 种结构综合多 样性指数	$N_Simpson_SS2_Div \text{ or } N_Simpson_SS4_Div = \frac{1}{\sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_c} (\frac{n_i}{n})^2}$ $BA_Simpson_SS2_Div \text{ or } BA_Simpson_SS4_Div = \frac{1}{\sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_c} (\frac{ba_i}{ba})^2}$
香农(Shannon) 树种结构综合 多样性指数	$N_Shannon_SS2_Div \text{ or } N_Shannon_SS4_Div = -\sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_c} \frac{n_{ij}}{n} \ln(\frac{n_{ij}}{n})$ $BA_Shannon_SS2_Div \text{ or } BA_Shannon_SS4_Div = -\sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_c} \frac{ba_{ij}}{ba} \ln(\frac{ba_{ij}}{ba})$
基尼辛普森 (GiniSimpson) 树种均匀度指 数	$N_GiniSimpson_Species_Eve = \frac{\left[1 - \sum_{i=1}^{n_{SP}} (\frac{n_i}{n})^2\right] \cdot n_{SP}}{n_{SP} - 1}$ $BA_GiniSimpson_Species_Eve = \frac{\left[1 - \sum_{i=1}^{n_{SP}} (\frac{ba_i}{ba})^2\right] \cdot n_{SP}}{n_{SP} - 1}$
辛普森 (Simpson) 树 种均匀度指数	$N_Simpson_Species_Eve = \frac{1 / \sum_{i=1}^{n_{SP}} (\frac{n_i}{n})^2}{n_{SP}}$ $BA_Simpson_Species_Eve = \frac{1 / \sum_{i=1}^{n_{SP}} (\frac{ba_i}{ba})^2}{n_{SP} - 1}$
香农(Shannon) 树种均匀度指 数	$N_Shannon_Species_Eve = \frac{-\sum_{i=1}^{n_{SP}} \frac{n_i}{n} \ln(\frac{n_i}{n})}{\ln(n_{SP})}$ $BA_Shannon_Species_Eve = \frac{-\sum_{i=1}^{n_{SP}} \frac{ba_i}{ba} \ln(\frac{ba_i}{ba})}{\log(n_{SP})}$
玛格列夫 (Heip) 树种均	$Heip_Eve = \frac{\exp(-\sum_{i=1}^{n_{SP}} \frac{n_i}{n} \ln(\frac{n_i}{n})) - 1}{n_{SP} - 1}$

名称	计算公式
匀度性指数	
麦金图史 (McIntosh) 树 种均匀度指数	$McIntosh_Eve = \frac{n - \sqrt{\sum_{i=1}^{n_{SP}} n_i^2}}{n - \frac{n}{\sqrt{n_{SP}}}}$
史密斯·威尔逊 (SmithWilson)) 树种均匀度指 数	$Menhinick_Eve = 1 - \frac{2}{\pi} \cdot \frac{\arctan(\sum_{i=1}^{n_{SP}} \ln(n_i - \sum_{k=1}^{n_{SP}} \frac{\log(n_k)}{n_{SP}})^2)}{n_{SP}}$
基尼辛普森 (GiniSimpson)) 结构均匀度指 数	$N_GiniSimpson_Size2_Eve \text{ or } N_GiniSimpson_Size4_Eve = \frac{1 - \sum_{i=1}^{d_C} (\frac{n_i}{n})^2}{d_C - 1}$ $BA_GiniSimpson_Size2_Eve \text{ or } BA_GiniSimpson_Size4_Eve = \frac{1 - \sum_{i=1}^{d_C} (\frac{ba_i}{ba})^2}{d_C - 1}$
辛普森 (Simpson) 结 构均匀度指数	$N_Simpson_Size2_Eve \text{ or } N_Simpson_Size4_Eve = \frac{1 / \sum_{i=1}^{d_C} (\frac{n_i}{n})^2}{d_C}$ $BA_Simpson_Size2_Eve \text{ or } BA_Simpson_Size4_Eve = \frac{1 / \sum_{i=1}^{d_C} (\frac{ba_i}{ba})^2}{d_C}$
香农 (Shannon) 结构均匀度指 数	$N_Shannon_Size2_Div \text{ or } N_Shannon_Size4_Div = \frac{-\sum_{i=1}^{d_C} \frac{n_i}{n} \ln(\frac{n_i}{n})}{\ln(d_C)}$ $BA_Shannon_Size2_Eve \text{ or } BA_Shannon_Size2_Eve = \frac{-\sum_{i=1}^{d_C} \frac{ba_i}{ba} \ln(\frac{ba_i}{ba})}{\ln(d_C)}$
基尼辛普森 (GiniSimpson)) 树种结构综合 均匀度指数	$N_GiniSimpson_SS2_Eve \text{ or } N_GiniSimpson_SS4_Eve = \frac{1 - \sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_C} (\frac{n_i}{n})^2}{n_{SP} \cdot d_C - 1}$ $BA_GiniSimpson_SS2_Eve \text{ or } BA_GiniSimpson_SS4_Eve = \frac{1 - \sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_C} (\frac{ba_i}{ba})^2}{n_{SP} \cdot d_C - 1}$
辛普森 (Simpson) 树 种结构综合均	$N_Simpson_SS2_Eve \text{ or } N_Simpson_SS4_Eve = \frac{1 / \sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_C} (\frac{n_i}{n})^2}{n_{SP} \cdot d_C}$

名称	计算公式
匀度指数	$BA_Simpson_SS2_Eve \text{ or } BA_Simpson_SS4_Eve = \frac{1}{\sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_C} (\frac{ba_i}{ba})^2} \cdot n_{SP} \cdot d_C$
香农 (Shannon)	$N_Shannon_SS2_Eve \text{ or } N_Shannon_SS4_Eve = \frac{-\sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_C} \frac{n_{ij}}{n} \ln(\frac{n_{ij}}{n})}{\ln(n_{SP} \cdot d_C)}$
树种结构综合	
均匀度指数	$BA_Shannon_SS2_Eve \text{ or } BA_Shannon_SS4_Eve = \frac{-\sum_{i=1}^{n_{SP}} \sum_{j=1}^{d_C} \frac{ba_{ij}}{ba} \ln(\frac{ba_{ij}}{ba})}{\ln(n_{SP} \cdot d_C)}$
相对频度 Fr	-
相对丰度 Dr	-
相对优势度 Pr	-
树种重要值 IV	$IV = (Fr + Dr + Pr) / 3$

注： n_{SP} 表示样地树种个数， F_1 表示仅包含 1 个个体的树种数， F_2 表示仅包含 2 个个体的树种数， n_i 表示样地内第 i 个树种的株数， n 表示样地内总株数， d_C 表示样地内的径阶个数， n_{ij} 表示样地内第 i 个径阶第 j 个树种的株数， ba_i 表示样地内第 i 个径阶的断面积， ba_{ij} 表示样地内第 i 个径阶第 j 个树种的断面积， ba 表示样地内总断面积。（非空间）结构多样性指数和（非空间）结构均匀度指数中的 2 表示按 2cm 划分径阶，4 表示按 4cm 划分径阶。

输出结果 Value

输出结果为一个数据框。

输出变量名：

Plot: 样地号

以下为 Div 函数计算的多样性指数

Richness: 树种丰富度指数

N_GiniSimpson_Species_Div: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 树种多样性指数

N_Simpson_Species_Div: P_i 为株数占比时的 Simpson 树种多样性指数

N_Shannon_Species_Div: P_i 为株数占比时的 Shannon 树种多样性指数

Margalef_Div: Margalef 丰富度指数

Menhinick_Div: Menhinick 丰富度指数

McIntosh_Div: McIntosh 丰富度指数

BA_GiniSimpson_Species_Div: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 树种多样性指数

BA_Simpson_Species_Div: P_i 为断面积占比时的 Simpson 树种多样性指数

BA_Shannon_Species_Div: P_i 为断面积占比时的 Shannon 树种多样性指数

Chao1: Chao1 指数

N_GiniSimpson_Size2_Div: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 大小多样性指数（按 2cm 划分径阶）

N_Simpson_Size2_Div: P_i 为株数占比时的 Simpson 大小多样性指数（按 2cm 划分径阶）

N_Shannon_Size2_Div: P_i 为株数占比时的 Shannon 大小多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_GiniSimpson_Size2_Div: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 大小多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_Simpson_Size2_Div: P_i 为断面积占比时的 Simpson 大小多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_Shannon_Size2_Div: P_i 为断面积占比时的 Shannon 大小多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

N_GiniSimpson_Size4_Div: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 大小多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

N_Simpson_Size4_Div: P_i 为株数占比时的 Simpson 大小多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

N_Shannon_Size4_Div: P_i 为株数占比时的 Shannon 大小多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_GiniSimpson_Size4_Div: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 大小多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_Simpson_Size4_Div: P_i 为断面积占比时的 Simpson 大小多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_Shannon_Size4_Div: P_i 为断面积占比时的 Shannon 大小多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

N_GiniSimpson_SS2_Div: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 综合多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

N_Simpson_SS2_Div: P_i 为株数占比时的 Simpson 综合多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

N_Shannon_SS2_Div: P_i 为株数占比时的 Shannon 综合多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_GiniSimpson_SS2_Div: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 综合多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_Simpson_SS2_Div: P_i 为断面积占比时的 Simpson 综合多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_Shannon_SS2_Div: P_i 为断面积占比时的 Shannon 综合多样性指数 (按 2cm 划分径阶)

N_GiniSimpson_SS4_Div: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 综合多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

N_Simpson_SS4_Div: P_i 为株数占比时的 Simpson 综合多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

N_Shannon_SS4_Div: P_i 为株数占比时的 Shannon 综合多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_GiniSimpson_SS4_Div: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 综合多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_Simpson_SS4_Div: P_i 为断面积占比时的 Simpson 综合多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_Shannon_SS4_Div: P_i 为断面积占比时的 Shannon 综合多样性指数 (按 4cm 划分径阶)

以下为 Eve 函数计算的均匀度指数

N_GiniSimpson_Species_Eve: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 物种均匀度指数

N_Simpson_Species_Eve: P_i 为株数占比时的 Simpson 物种均匀度指数

N_Shannon_Species_Eve: P_i 为株数占比时的 Shannon 物种均匀度指数

Heip_Eve: Heip 均匀度指数

McIntosh_Eve: McIntosh 均匀度指数

SmithWilson_Eve: SmithWilson 均匀度指数

BA_GiniSimpson_Species_Eve: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 物种均匀度指数

BA_Simpson_Species_Eve: P_i 为断面积占比时的 Simpson 物种均匀度指数

BA_Shannon_Species_Eve: P_i 为断面积占比时的 Shannon 物种均匀度指数

N_GiniSimpson_Size2_Eve: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 大小均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

N_Simpson_Size2_Eve: P_i 为株数占比时的 Simpson 大小均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

N_Shannon_Size2_Eve: P_i 为株数占比时的 Shannon 大小均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_GiniSimpson_Size2_Eve: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 大小均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_Simpson_Size2_Eve: P_i 为断面积占比时的 Simpson 大小均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_Shannon_Size2_Eve: P_i 为断面积占比时的 Shannon 大小均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

N_GiniSimpson_Size4_Eve: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 大小均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

N_Simpson_Size4_Eve: P_i 为株数占比时的 Simpson 大小均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

N_Shannon_Size4_Eve: P_i 为株数占比时的 Shannon 大小均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_GiniSimpson_Size4_Eve: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 大小均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_Simpson_Size4_Eve: P_i 为断面积占比时的 Simpson 大小均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_Shannon_Size4_Eve: P_i 为断面积占比时的 Shannon 大小均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

N_GiniSimpson_SS2_Eve: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 综合均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

N_Simpson_SS2_Eve: P_i 为株数占比时的 Simpson 综合均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

N_Shannon_SS2_Eve: P_i 为株数占比时的 Shannon 综合均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_GiniSimpson_SS2_Eve: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 综合均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

BA_Simpson_SS2_Eve: P_i 为断面积占比时的 Simpson 综合均匀度指数 (按 2cm

划分径阶)

BA_Shannon_SS2_Eve: P_i 为断面积占比时的 Shannon 综合均匀度指数 (按 2cm 划分径阶)

N_GiniSimpson_SS4_Eve: P_i 为株数占比时的 GiniSimpson 综合均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

N_Simpson_SS4_Eve: P_i 为株数占比时的 Simpson 综合均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

N_Shannon_SS4_Eve: P_i 为株数占比时的 Shannon 综合均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_GiniSimpson_SS4_Eve: P_i 为断面积占比时的 GiniSimpson 综合均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_Simpson_SS4_Eve: P_i 为断面积占比时的 Simpson 综合均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

BA_Shannon_SS4_Eve: P_i 为断面积占比时的 Shannon 综合均匀度指数 (按 4cm 划分径阶)

实例 Examples

```
## 加载内置数据
data(ForestStatTool)
#bigplot 是一个 100m×100m 的矩形样地的林木信息，首先利用 Plot_Divide 函数
  将 bigplot 划分为后的 25 个 20m×20m 的小样地的合并数据框。
#除原始变量外，还包含的新列有：分割后的新样地名 subplot，小样地的新 X 坐标
  subX 和小样地的新 Y 坐标 subY
subplot1 <- Plot_Divide(Data = bigplot, Plot = bigplot$Plot, X = bigplot$X, Y =
  bigplot$Y, Num_xy = c(5,5), Range_xy = c(100,100))
#计算不同小样地的多样性指标
a1 = Div(Plot = subplot1$subplot, D = subplot1$D, SP = subplot1$SP, dClass =
  NULL, Index = 'ALL')
head(a1)

#计算不同小样地的均匀度指标
a2 = Eve (Plot = subplot1$subplot, D = subplot1$D, SP = subplot1$SP, dClass =
  NULL, Index = 'ALL')
head(a2)
```

4.3 树种重要值计算函数 IV ()

描述 Description

此函数实现了输入单木测树因子统计输出【相对频度 Fr】、【相对丰度 Dr】、【对优势度 Pr】和【重要值 IV】

用法 Usage

IV (D, Plot, SubPlot, SP, TreeType = NULL, Dmin = 5)

参数 Arguments

D: (必须) 数值向量。样地林木胸径，单位：cm。

Dmin: 数值。起测胸径。默认为 5cm。

Plot: (必须) 向量，可以是数值型，也可以是字符型。样地号。

SubPlot: (必须) 向量，可以是数值型，也可以是字符型。子样地号。

SP: (必须) 向量，可以是数值型，也可以是字符型。树种。

TreeType: (可选) 数值向量。检尺类型。12 和 14 表示枯死木，13 和 50 表示采伐木，其余值均认为是活立木，可输入全部检尺类型，程序将筛选出活立木（检尺类型不等于 12、13、14 和 50）用于计算重要值。默认为空，即输入的数据均为活立木。

输出结果 Value

1) 输出结果为一个数据框组成

2) 输出变量名：

Plot: 样地号

Fr_XXX: XXX 树种的相对频度

Dr_XXX: XXX 树种的相对丰度

Pr_XXX: XXX 树种的相对优势度

IV_XXX: XXX 树种的重要值

实例 Examples

```
## 加载内置数据
```

```
data(ForestStatTool)
```

```
#bigplot 是一个 100m×100m 的矩形样地的林木信息，首先利用 Plot_Divide 函数将 bigplot 划分为后的 25 个 20m×20m 的小样地的合并数据框。
```

```
#除原始变量外，还包含的新列有：分割后的新样地名 subplot，小样地的新 X 坐标 subX 和小样地的新 Y 坐标 subY
```

```
subplot1 <- Plot_Divide(Data = bigplot, Plot = bigplot$Plot, X = bigplot$X, Y = bigplot$Y, Num_xy = c(5,5), Range_xy = c(100,100))
```

```
#计算 bigplot 重要值
```

```
a1 = IV(Plot = subplot1$Plot, SubPlot = subplot1$subplot, SP = subplot1$SP, D = subplot1$D)
```

```
head(a1)
```