

祝介东北京力高泰科技有限公司

***R* 语言分析 *LI-6400* 和 *LI-6800* 光合仪的数据**



目录

表格	vii
插图	ix
欢迎	xi
前言	i
关于作者	iii
版权	v
1 R 软件与 Rstudio	1
1.1 R 软件	1
1.2 Rstudio	1
2 批量处理光合测定数据	3
2.1 安装	3
2.2 6400 数据整合	4
2.3 LI-6800 数据整合	5
2.4 重计算功能	6
2.4.1 LI-6400 数据重计算	6
2.4.2 LI-6800 数据重计算	9
	iii

3	CO₂ 响应曲线的拟合	13
3.1	FvCB 模型	13
3.2	CO ₂ 响应曲线测量的注意事项	16
3.2.1	分段性	16
3.2.2	测量注意事项	17
3.3	plantecophys 软件包	18
3.4	LI-6400XT CO ₂ 响应曲线的拟合	19
3.4.1	fitaci 函数介绍	19
3.5	使用 plantecophys 拟合 LI-6400XT CO ₂ 响应曲线数据	21
3.5.1	数据的前处理	21
3.5.2	使用示例	22
3.5.3	使用 ‘onepoint’ 单独计算 V _{cmax} 和 J _{max}	30
3.5.4	多条 CO ₂ 响应曲线的拟合	31
3.5.5	findCiTransition 函数	35
3.6	C4 植物光合	36
3.6.1	C4 植物光合速率的计算	38
4	气孔导度模型的拟合	39
4.1	BallBerry 模型	39
4.2	BBLeuning 模型	40
4.3	BBOptiFull 模型	40
4.4	fitBB 函数	40
4.5	fitBBs 函数	42
5	光合最优气孔导度耦合模型	45
5.1	FARAO 函数	45

<i>Contents</i>	v
6 光合气孔导度耦合模型	47
6.1 Photosyn 函数	48
6.1.1 Photosyn 使用举例	48
6.2 PhotosynEB 函数	53
6.3 PhotosynTuzet 函数	53
6.3.1 PhotosynTuzet 的参数	53
7 RHtoVPD 函数	55
8 光响应曲线的拟合	57
8.1 直角双曲线模型	57
8.1.1 直角双曲线模型的实现	58
8.2 非直角双曲线模型	63
8.2.1 非直角双曲线模型的实现	63
8.3 指数模型	67
8.3.1 指数模型的实现	67
8.4 直角双曲线的修正模型	71
8.4.1 直角双曲线修正模型的实现	71
9 关于非线性拟合的初始值	75
9.1 nlsLM 解决方案	76
9.2 作图比对法	77
9.2.1 实现过程	78
9.2.2 直观展示	81
9.3 自动多次尝试法	84
9.4 小结	86

10 LI-6800 的数据分析	87
10.1 数据格式	87
10.2 LI-6800 与 LI-6400 使用时的差别	87
10.3 光响应曲线注意事项	88
10.4 LI-6800 RACiR™ 的测量与拟合	88
10.5 racir 软件包实现 RACiR™ 数据分析	89
10.5.1 实现过程	90
10.5.2 数据的批量处理	92
10.6 批量计算 V_{cmax} 和 J_{max}	94
10.7 RACiR™ 分析的手动实现	95
10.8 LI-6800 荧光数据分析	99
10.8.1 jip test 的实现	100
10.8.2 jiptest 软件包安装	100
10.8.3 read_files 及 read_dcfiles 函数	100
10.8.4 jip_test 及 jip_dctest 函数	101
10.8.5 jip_plot 及 jip_dcplot 函数	103
11 PCA 分析	105
11.1 特征向量与特征值	105
11.2 PCA R 语言实现	106
11.2.1 手动实现过程	107
11.2.2 prcomp 的实现	108
11.2.3 作图	108
12 环境与配置	111

表格

2.1	LI-6400 批量整合数据	4
2.2	LI-6800 批量整合数据	6
3.1	推荐 LI-6400 整理后数据样式	21
3.2	onpoint 使用的数据	30
3.3	onpoint 法计算的结果	31
8.1	直角双曲线计算参数	62
8.2	非直角双曲线计算参数	66
8.3	指数模型计算参数	70
8.4	直角双曲线修正模型计算参数	73
10.1	推荐 LI-6800 整理后数据样式	87
10.2	jiptest 批量导入数据后的样式	101
10.3	jiptest DC 数据批量导入数据后的样式	101
10.4	jiptest 输出的计算参数	102
10.5	jiptest DC 数据输出的计算参数	102



插图

1.1 Rstudio 界面及功能	2
3.1 光合速率的不同的限制阶段	14
3.2 光合速率的不同的限制阶段	28
3.3 fitacis 作图结果	35
3.4 fitacis 作图结果	36
3.5 C4 植物 A-Ci 作图	38
6.1 VPD VS. An	50
6.2 PPFD VS. GS	50
6.3 PPFD VS. GS	51
6.4 supply VS. demand	52
8.1 直角双曲线模型拟合	61
8.2 非直角双曲线模型拟合	66
8.3 指数模型拟合	69
8.4 直角双曲线修正模型拟合	74
9.1 初步判断 alpha 的初始值	79
9.2 初修正后断 alpha 的初始值	80
9.3 检验作图法的初始值判断	82

9.4 多个 α 取值的差异	83
9.5 两种方法结果的对比展示	86
10.1 找出最合理的校准曲线数据范围	91
10.2 校准曲线查看	91
10.3 RACiR 方法与常规结果的比较	99
10.4 调制式测量的 ojip 曲线的快速预览	104
10.5 连续式测量的 ojip 曲线的快速预览	104

欢迎

本文纯属个人打发出差漫漫长夜的作品，并非正式资料，并未经过校对等流程，但所用代码皆经过本人和同事的验证，所引文献均真实存在。希望对不熟悉相关知识的童鞋们有所帮助。



前言

本文内容均来自个人对相关材料的理解，并未经过权威认证，如有异议，请参考 **R** 软件及相关软件包的使用手册或相关模型的文献。本文所使用代码均只做示例代码使用，在做实际分析时，请结合自己的实验数据及模型使用条件做相应的调整。本文内容仅针对 LI-6800 与 LI-6400XT 光合仪数据，尤其是 RACiR™ 部分，仅针对 LI-6800 进行分析，且目前市面上仅 LI-6800 光合仪可完成此项数据的测量。如您有 LI-6400XT 或 LI-6800 使用操作相关方面的问题请发送至：

zhujiedong@ecotek.com.cn

如有与本文数据分析相关的内容请发送至我个人邮箱（本文是业余爱好，内容虽与公司仪器相关，但并不是我领薪水的工作内容）：

zhujiedong@yeah.net

以便我们对相关内容做出修正。

当然，如果您有 github 帐号，优先欢迎在 github 提交：

github 地址¹

如有其他仪器问题或者仪器购买需求，请使用下面方式与我们联系：

- 北京力高泰科技有限公司
- 网址：<http://www.ecotek.com.cn>
- 电话：010-51665551
- 电子邮件：info@ecotek.com.cn
- 地址：北京市西城区西直门南大街 2 号成铭大厦 A 座 22F

¹<https://github.com/zhujiedong/photoanalysis>



关于作者

祝介东，北京力高泰科技有限公司² 工程师，本文内容为我在售后服务时所住的酒店所作（遍布国内大多数省份），本为我打发出差住酒店漫漫长夜的业余爱好，此部分内容并非公司对我的职位所要求的内容，也并非我公司提供的服务内容，因此属于个人作品，仅供参考，我所在公司对此文内容不负任何责任。文中代码得到了公司技术部同事：刘美玲、徐粒、焦阳、王昭、张启尧、张云飞等的测试，其中焦阳贡献了 `jipetest` 包中基础荧光参数计算的代码，在此一并感谢。

文中内容如对您有帮助，我很欣慰。但本人水平有限，错误与疏漏之处还请谅解，欢迎讨论，欢迎提出宝贵意见及建议。本人或单位其他售后人员仅有提供相关仪器操作或故障解决的义务，处理数据和分析数据并非我们的本职工作，如有相关需还请多参考本文内容或网上相关资料，不足之处还请谅解。

²<http://www.ecotek.com.cn/>



版权

本文旨在对广大 **LI-6400XT** 和 **LI-6800** 光合仪的用户提供一个数据分析的参考，本人或所在公司并未从中获取任何利益，内容错误疏漏之处，欢迎指正。本人保留一切权利，禁止一切将本文内容用于商业用途的行为，禁止商业公司使用。



1

R 软件与 *Rstudio*

1.1 R 软件

R 语言的官方网站是 R¹，与 R 语言有关的网站还有 CRAN（镜像），其主站网址是：CRAN²。

1.2 Rstudio

尽管 R 的功能十分强大，但是其作为一个命令行工具³，在实际使用中尤为不便，因此，一款集成的开发环境十分有必要。Rstudio⁴是一款专门针对 R 开发的一个集成环境，同时也支持其他多种语言，用户界面十分友好，支持代码高亮，拼写提示，作图展示等功能，因此我们推荐使用 Rstudio 对我们的数据进行分析。

R 软件和 Rstudio 的安装十分方便，我们按照各自系统的安装方式安装即可，安装后界面及各区功能如下：

本文的主要内容并非介绍这些软件的功能，因此，关于软件的操作部分请仔细阅读相关资料，网络上有大量的免费资源及教程，有需要的同学可自行搜索。

¹<http://www.r-project.org>

²<http://www.cran.r-project.org>

³实际上在 Windows 系统下安装的时候提供一个十分简陋的 GUI。

⁴<https://www.rstudio.com/products/RStudio/>

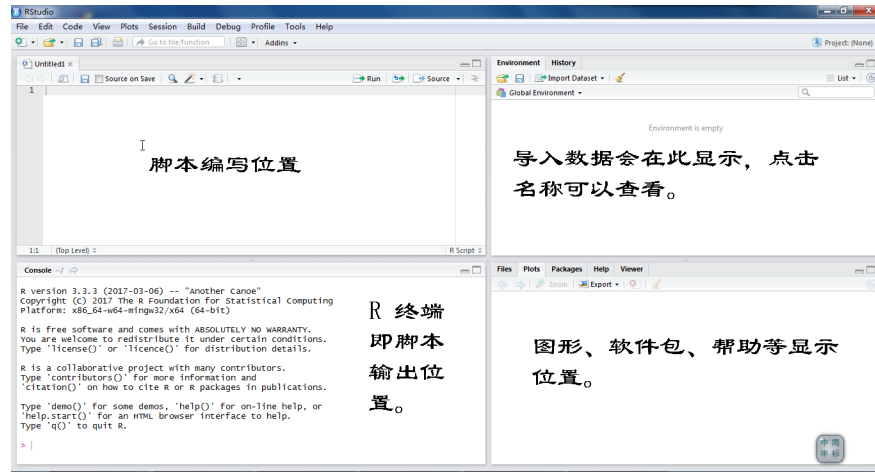


图 1.1: Rstudio 界面及功能

注：R 与 Rstudio 均非我公司产品，而且均免费或者有免费版本，因此请勿邮件或电话索要此两款软件。

2

批量处理光合测定数据

对于多数人来讲，一个季节用光合仪测量的数据文件至少是两位数的，处理起来非常不方便，针对这个问题，简单写了一个批量读取 LI-6400 和 LI-6800 原始数据的包 (因为现有的容易实现的读取 excel 格式的包还不支持 6800 和 6400 这种形式的公式计算)¹，使用非常简单，同时也适合处理未关闭数据文件而导致的无法生成 excel 格式的数据时的问题。

2.1 安装

暂时只有我的 github repo 中的版本：

```
devtools::install_github("zhujiedong/readphoto")
```

```
## Skipping install of 'readphoto' from a github remote, the SHA1 (f2f88a7b) has not  
## Use `force = TRUE` to force installation
```

¹特别注意，原始数据可以用文本编辑器打开，但为了方便使用这个软件包，准确输入与行号相关的参数，建议您使用带行号显示的软件，例如 windows 下的 notepad++

表 2.1: LI-6400 批量整合数据

	files	Obs	HHMMSS	FTime	EBal.	Photo	Cond	Ci
1	aci	1	10:55:14	483.0	0	6.990	0.0831	251.0
4	aci	2	10:57:35	623.5	0	5.160	0.0853	192.0
7	aci	3	10:59:55	763.5	0	3.140	0.0881	136.0
10	aci	4	11:02:26	914.5	0	0.910	0.0927	81.9
13	aci	5	11:04:46	1055.0	0	-0.167	0.0966	52.7
16	aci	6	11:07:23	1211.5	0	5.240	0.1010	305.0
19	aci	7	11:09:43	1352.0	0	6.610	0.1040	284.0
22	aci	8	11:12:04	1492.5	0	9.280	0.1050	438.0
25	aci	9	11:14:24	1633.0	0	10.200	0.1020	616.0
28	aci	10	11:16:44	1772.5	0	10.500	0.0943	795.0
31	aci	11	11:19:49	1958.0	0	10.700	0.0853	970.0
34	aci	12	11:22:09	2097.5	0	11.100	0.0812	1150.0
41	aq	2	10:12:52	737.5	0	6.450	0.0700	239.0
44	aq	3	10:15:12	878.0	0	6.450	0.0684	235.0
47	aq	4	10:17:32	1017.5	0	5.960	0.0655	241.0

2.2 6400 数据整合

基本参数如下:

```
library(readphoto)
df64 <- read_bat_6400("./data/6400", header_line = 17, data_start = 27)
```

数据输出如下所示 (仅显示前 8 列数据):

如果想另存为 csv 格式:

```
write.csv(df64, "./combined.csv")
```

header_line 表示你数据表头所在行, data_start 表示你数据起始行, Obs = 1 时所在行, 不含表头。这个也要确认好了, 不同的测量不能放在一起 (当然一般不会出现这种情况, 同一台仪器, 处理数据当然是希望 aci 和 aci 在一起, lrc 和 lrc 在一起, 调查测量和调查测量在一起), 不同的测量可能起始行不同, 这样就会报错, 特别需要注意的是, 目前路径写法仅支持 “/” 分隔, 不能使用 “\” 作为分隔。例如在数据放在 D 盘的 6400 文件夹下, 那么写法应为 “d:/6400”, 不能为 “d:\6400”, 尽管后者对 R 是合法的, 主要是因为我要区分你不同数据来源的文件是哪个, 也即下文提到的 df\$files 列。

其中, 数据的来源在表格中第一列, 叫做 files, 是数据来源的文件名 (即你起的名字), 例如本例中你看到的 aci 是我之前数据里面 aci 响应曲线的数据。

这些数据可以用于后文相关的分析中, 尤其是像 fitacis 这样的函数, 因为本质上他们都是符合 tidyverse 样式的数据。

2.3 LI-6800 数据整合

相比 6400, 6800 参数要少, 导入需要两行命令即可:

```
library(readphoto)
df <- read_bat_6800("./data/6800", data_start = 56)
```

其中就两个参数, 第一个为 LI-6800 原始数据所在的文件夹, 即文件夹内包含且仅包含 LI-6800 的原始数据, 不要放其他文件, 不要放 excel 数据。第二个参数即为你原始数据中测量数据的起始行, 例如本例中使用数据测量值从 56 行开始。

数据输出如下所示 (仅显示前 8 列数据):

其他注意事项见 LI-6400 数据整合部分

表 2.2: LI-6800 批量整合数据

files	obs	time	elapsed	date	plot	plant	TIME
aci	1	1513614617	0.0	20171218 10:30:16	1	1	1513614617
aci	2	1513614731	114.0	20171218 10:32:10	1	1	1513614731
aci	3	1513614886	269.0	20171218 10:34:45	1	1	1513614886
aci	4	1513615008	391.0	20171218 10:36:47	1	1	1513615008
aci	5	1513615127	510.0	20171218 10:38:46	1	1	1513615127
aci	6	1513615287	670.5	20171218 10:41:27	1	1	1513615287
aci	7	1513615410	793.0	20171218 10:43:29	1	1	1513615410
aci	8	1513615566	949.0	20171218 10:46:05	1	1	1513615566
aci	9	1513615701	1084.0	20171218 10:48:20	1	1	1513615701
aci	10	1513615831	1214.0	20171218 10:50:30	1	1	1513615831
aci	11	1513615940	1323.0	20171218 10:52:19	1	1	1513615940
aci	12	1513616064	1447.4	20171218 10:54:24	1	1	1513616064
lrc	1	1513612721	0.0	20171218 09:58:40	1	1	1513612721
lrc	2	1513612832	111.0	20171218 10:00:31	1	1	1513612832
lrc	3	1513612941	220.0	20171218 10:02:20	1	1	1513612941

2.4 重计算功能

如果只是将原始数据批量处理，那么在遇到叶片不能充满叶室的情况时会很麻烦，这里我们提供了重新计算功能，重新计算的参数包括光合速率，蒸腾速率，对水的气孔导度以及胞间二氧化碳浓度，当然计算他们需要的一些中间数值也做了重计算，只不过多数时候我们用不到，我们仅看这四项。

2.4.1 LI-6400 数据重计算

参数的重计算函数为 `recomp_6400`，其参数除了 `read_bat_6400` 所包含的参数外，还有叶面积 `S`，以及叶片正反面的气孔比例，默认值分别为 6 和 0.5。


```
library(readphoto)
x1 <- read_bat_6400("./data/6400")
y1 <- recomp_6400("./data/6400", header_line = 17, data_start = 27, S = 6, K = 0.5)

x1$Photo - y1$Photo
```

```
## [1] -0.0008873753  0.0026900500 -0.0012036469  0.0003483414  0.0006122641
## [6] -0.0113872639 -0.0020986076  0.0004962787  0.0188727482 -0.0294595908
## [11] -0.0436611445 -0.0339083408  0.0046772165  0.0036653298  0.0030397988
## [16] -0.0105901673  0.0040624956  0.0017317049 -0.0073252290  0.0054977377
## [21]  0.0039736503  0.0021704065  0.0046772165  0.0036653298  0.0030397988
## [26] -0.0105901673  0.0040624956  0.0017317049 -0.0073252290  0.0054977377
## [31]  0.0039736503  0.0021704065
```

```
x1$Trmmol - y1$Trmmol
```

```
## [1] -2.998596e-04  1.407338e-04  3.189451e-05 -4.586467e-04 -3.836822e-04
## [6]  5.402725e-04 -2.344852e-04 -7.684772e-05  5.979599e-04 -6.534341e-04
## [11] -6.779145e-04  2.469749e-04  3.812201e-04  2.313957e-04  3.508312e-04
## [16] -2.794358e-04 -5.406530e-04  5.230606e-04 -9.183370e-04  7.638850e-04
## [21] -2.578893e-04  2.203045e-04  3.812201e-04  2.313957e-04  3.508312e-04
## [26] -2.794358e-04 -5.406530e-04  5.230606e-04 -9.183370e-04  7.638850e-04
## [31] -2.578893e-04  2.203045e-04
```

```
x1$Cond - y1$Cond
```

```
## [1] -1.974217e-04 -3.594216e-04 -3.779119e-04 -3.806675e-04 -3.201411e-04
## [6] -1.483324e-04 -7.803345e-04 -2.671018e-04  1.028977e-04 -3.966192e-04
## [11] -3.190769e-04 -2.314266e-04 -2.746300e-04  1.094050e-05 -4.584791e-05
```

```
## [16] -1.084094e-04 -1.827768e-04 -1.344969e-04 -1.714096e-04 -8.180257e-05
## [21] -4.687906e-05 -1.000424e-04 -2.746300e-04 1.094050e-05 -4.584791e-05
## [26] -1.084094e-04 -1.827768e-04 -1.344969e-04 -1.714096e-04 -8.180257e-05
## [31] -4.687906e-05 -1.000424e-04
```

```
x1$Ci-y1$Ci
```

```
## [1] 0.434643936 -0.297820404 -0.308200950 -0.007847373 -0.035490198
## [6] 0.433706824 -0.416734067 -0.052089770 0.147655545 -0.315797917
## [11] -0.271335987 -0.228968795 0.356519198 0.311487646 0.052196075
## [16] 0.557128947 0.058563406 0.300198435 0.052607786 0.339000061
## [21] -0.252622980 -0.494554616 0.356519198 0.311487646 0.052196075
## [26] 0.557128947 0.058563406 0.300198435 0.052607786 0.339000061
## [31] -0.252622980 -0.494554616
```

```
# half of original the area
```

```
y1 <- recomp_6400("./data/6400", header_line = 17, data_start = 27, S = 3, K = 0.5)
y1$Photo/x1$Photo
```

```
## [1] 2.000254 1.998957 2.000767 1.999234 2.007333 2.004346 2.000635
## [8] 1.999893 1.996299 2.005611 2.008161 2.006110 1.998550 1.998863
## [15] 1.998980 2.003671 1.998391 1.999240 2.003866 1.995584 1.994199
## [22] 2.010360 1.998550 1.998863 1.998980 2.003671 1.998391 1.999240
## [29] 2.003866 1.995584 1.994199 2.010360
```

```
# test with random area less than six
```

```
area <- 6 - runif(32, 1, 3)
```

```
y1 <- recomp_6400("./data/6400", header_line = 17, data_start = 27, S = area, K = 0.5)
y1$Photo/x1$Photo
```

我们看到各个值之差非常小，因为我们使用的是相同的叶面积，理论上这两次读数的差异应为 0，但在实际计算过程中，有小数点位数的影响，所以某些值不完全为 0，但该差值足够小。我们将所有的数据叶面积减半后，二者比值也约等于 2.

参数的重计算函数为 `recomp_6800`, 其参数除了 `read_bat_6800` 所包含的参数外, 还有叶面积 S , 以及叶片正反面的气孔比例, 默认值分别为 6 和 0.5。

```
##      [1] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
```

```
x3$gsw - y3$gsw
```

```
## [1] -0.01231889 -0.01271539 -0.01330812 -0.01416506 -0.01491902
## [6] -0.01586479 -0.01566857 -0.01545520 -0.01563183 -0.01537453
## [11] -0.01494554 -0.01433677 -0.02284560 -0.02291318 -0.02268118
## [16] -0.02266862 -0.02250392 -0.02213352 -0.02061493 -0.02006006
## [21] -0.01856400 -0.01678649 -0.01591079 -0.01457109 -0.01322393
## [26] -0.02345109 -0.02312573 -0.02227497
```

```
x3$Ci-y3$Ci
```

```
## [1] 4.43187567 3.13678828 1.78620310 0.49515242 -0.08437000
## [6] 3.51420195 3.66611259 5.56360761 6.76351008 7.70784028
## [11] 8.45263315 9.25926640 2.58978666 2.52629775 2.49784796
## [16] 2.38619050 2.23225682 1.92200639 1.29213044 0.92018214
## [21] 0.76352452 0.55412066 0.20248257 -0.08219604 -0.26216626
## [26] 2.36039345 2.40636618 2.54353742
```

```
# half of original the area
```

```
y3 <- recomp_6800("./data/6800", data_start = 56, S = 3, K = 0.5)
```

```
y3$A/x3$A
```

```
## [1] 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
```

```
# test with random area less than six
```

```
area <- 6 - runif(28, 1, 3)
```

```
y3 <- recomp_6800("./data/6800", data_start = 56, S = area, K = 0.5)
```

```
y3$A/x3$A
```

```
## [1] 1.358162 1.974788 1.343531 1.345457 1.615164 1.887939 1.639141
## [8] 1.449745 1.651495 1.207411 1.533903 1.821836 1.661269 1.450964
## [15] 1.491801 1.996356 1.275078 1.438627 1.584561 1.464760 1.317486
## [22] 1.213011 1.234270 1.438739 1.284877 1.707214 1.846922 1.342754
```

测量结果相比 6400 的数据，某些值差异略大，我仔细核对过公式，并无问题，可能仅仅是小数点后数据的原因，如果童鞋们发现我这里有错误，可以提交 [github](#) 或者邮箱发送给我，便于我改正。



3

CO₂ 响应曲线的拟合

3.1 FvCB 模型

在 `plantecophys` 包中使用的模型为 [Farquhar et al. \(1980\)](#) 建立的 C3 植物模型 FvCB, 其基于 C3 植物碳反应的三个阶段:

- 核酮糖-1,5-双磷酸羧化酶/加氧酶 (Rubisco) 的催化下, 核酮糖-1,5-双磷酸 (RuBP) 与 CO₂ 发生羧化作用, 生成 3-磷酸甘油酸 (PGA)。
- 在腺苷三磷酸 (ATP) 和还原型烟酰胺腺嘌呤二核苷酸磷酸 (NADPH) 的作用下, PGA 被还原成磷酸丙糖 (TP)。每 6 个 TP 中有 1 个输出到细胞液中, 用于蔗糖或者淀粉的合成。
- 剩下的 5 个 TP 在 ATP 的作用下再生为 3 个 RuBP。一部分再生的 RuBP 在 Rubisco 的催化下被氧化成 PGA 和 2-磷酸乙醇酸, 2-磷酸乙醇酸在 ATP 的作用下形成 PGA, 并且释放 CO₂ (光呼吸)。

在光照下, C3 植物净光合速率 (A) 取决于 3 个同时存在的速率: RuBP 羧化速率 (V_c)、RuBP 氧化速率 (或光呼吸速率, V_o) 和线粒体在光照下的呼吸速率 (或明呼吸速率, R_d; 此名为了与暗呼吸速率对应和区分)。RuBP 氧化过程中每结合 1 mol O₂ 就会释放 0.5 mol CO₂。因此, 净光合速率 A 的计算为:

$$A = V_c - 0.5V_o - R_d \quad (3.1)$$

线粒体 R_d 不同于暗呼吸速率 (R_n)。R_n 是叶片在黑暗中的线粒体呼吸速

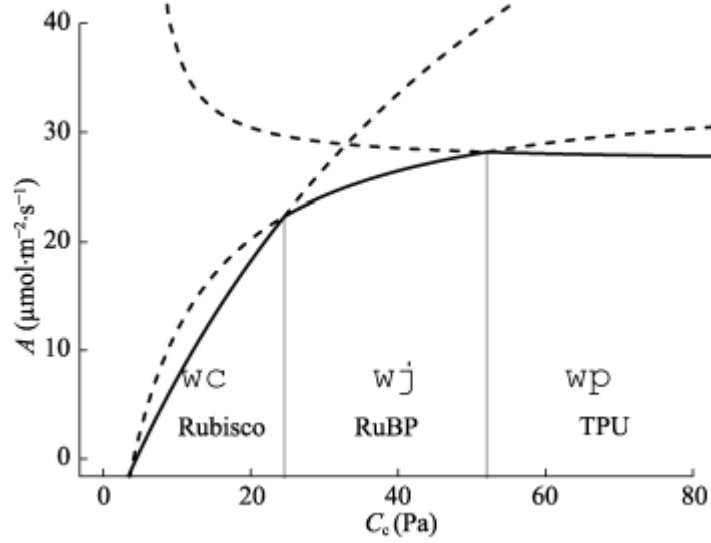


图 3.1: 光合速率的不同的限制阶段

率, 随着光照的增加, 线粒体呼吸速率下降。因此 $R_d < R_n$ 在黑暗条件下测定的叶片 CO_2 交换速率即 R_n , 但是 R_d 的测定比较困难, 因为光照条件下 R_d 与 V_c 、 V_o 同时存在。Hikosaka et al. (2006) 总结了几种测定 R_d 的方法, 式 (3.1) 又可表达为:

$$A = V_c (1 - 0.5\alpha) R_d \quad (3.2)$$

式 (3.2) 中 α 为氧化速率和羧化速率的比值, 由 Rubisco 动力学常数确定:

$$\begin{aligned} \alpha &= \frac{V_o}{V_c} \\ &= \frac{O}{C_c} \times \frac{V_{omax} K_c}{V_{cmax} K_o} \\ &= \frac{O}{C_c} \times \frac{1}{S_o} \end{aligned} \quad (3.3)$$

式 (3.3) 中, C_c 和 O 分别为叶绿体部位 CO_2 和 O_2 浓度。 C_c 和 O 通常以气体摩尔分数 ($\mu mol \cdot mol^{-1}$) 或分压 (Pa) 表示, 但光合过程是在叶绿体的液相基质中发生的, 用分压表示更加恰当。 K_c 与 K_o 为 Rubisco 羧化 (氧

化) 的米氏常数, 代表了羧化 (氧化) 速率达到最大羧化 (氧化) 速率一半时的 CO_2 和 O_2 浓度。是 Rubisco 特异性因子, $S_{\frac{\text{c}}{\text{o}}}$ 表示 Rubisco 对 CO_2 和 O_2 的偏好程度。

当 $A = R_d$, 即 RuBP 羧化的 CO_2 吸收速率刚好等于 RuBP 氧化的 CO_2 释放速率 ($V_c = 2V_o$) 时, $\alpha = 0.5$ 。此时叶绿体的 CO_2 浓度就是叶绿体 CO_2 光合补偿点, 标记为 Γ^* 。即:

$$\Gamma^* = \frac{0.5O}{S_{\frac{\text{c}}{\text{o}}}} \quad (3.4)$$

由公式 (3.3) 和公式 (3.4) 可得:

$$\alpha = \frac{2\Gamma^*}{C_c} \quad (3.5)$$

代入公式 (3.2) 得到:

$$A = V_c \left(1 - \frac{\Gamma^*}{C_c}\right) R_d \quad (3.6)$$

在 C_c 浓度很低的时候, RuBP 供应充足 (图 3.1 Rubisco 阶段), V_c 等于 Rubisco 所能支持的羧化速率 w_c ,:

$$w_c = \frac{V_{cmax} C_c}{C_c + K_c \left(1 + \frac{O}{K_o}\right)} \quad (3.7)$$

随着 C_c 浓度的增加, Rubisco 支持的羧化速率超过了 RuBP 供应速率, V_c 受 RuBP 再生速率的限制 (图 3.1 RuBP 阶段), 此时 V_c 由 RuBP 的再生速率限制, 而 RuBP 又由电子传递速率 (J) 决定, 故:

$$w_j = \frac{J C_c}{4C_c + 8\Gamma^*} \quad (3.8)$$

当 C_c 浓度很高, 光合磷酸化超过了淀粉和蔗糖的合成速率的时候, V_c 受到 TP 利用速率 (V_p) 的限制 (图 3.1 TPU 阶段), 一般情况下,

$$w_p = \frac{3V_p C_c}{C_c - \Gamma^*} \quad (3.9)$$

最终, C3 植物叶片的光合速率 A 由 w_c 、 w_j 、 w_p 的最小者决定 (图 3.1 实现部分), 当 $c > \Gamma^*$ 时:

$$A = \min\{w_c, w_j, w_p\} \left(1 - \frac{\Gamma^*}{C_c}\right) - R_d \quad (3.10)$$

3.2 CO_2 响应曲线测量的注意事项

尽管上文对其分段性做了数学上的解释, 相比来讲, 不是那么通俗易懂, 根据 [Haworth et al. \(2018\)](#) 文章中的内容, 我们后面两小节的内容对其进行概述:

3.2.1 分段性

与光响应曲线不同, A/C_i 曲线是分段的, 这也增加了其复杂性, 在其最初阶段, CO_2 浓度较低, 在此阶段, Rubisco 更多的与 O_2 结合, 因此, 即使是较小浓度的 CO_2 的增加, 也会显著提高羧化速率, 我们将此阶段称之为 CO_2 ([Wullschlegel \(1993\)](#)) 限制或 Rubisco 限制 ([Long and Bernacchi \(2003\)](#))。净光合速率 A 与 C_i 在此阶段斜率比较陡峭, 实践中往往利用计算该斜率来计算 V_{cmax} 。

在较高的 CO_2 浓度下, 曲线斜率开始变的平缓, 作为底物的 CO_2 已经不在是限制因素, 随着羧化速率达到最大, RUBP 的量成为了其限制因素, 而 RUBP 的再生速率受最大电子传递速率 J_{max} 的限制。此时曲线的弯曲点由 V_{cmax} 限制转变为 J_{max} , 许多研究中将饱和光下和 CO_2 浓度下测量的光合速率称之为做大光合速率 ([Heath et al. \(2005\)](#))。而另一些研究中将最大光合速率定义为外界 CO_2 时, 在饱和光强下达到的最大光合速率 ([Marshall and Biscoe \(1980\)](#))。这些术语上的差别需要注意。

在之后, 有可能继续观测到磷酸盐限制 RUBP 再生的情况, 导致光合速率的下降。因为此时大量的磷酸丙糖与正磷酸盐结合, 导致 ATP 合成受限制 ([Ellsworth et al. \(2015\)](#))。这就是 TPU 限制阶段。

3.2.2 测量注意事项

尽管您的操作是严格按照说明书操作的，但说明书是指仪器的正确操作方式，无法对所有测量都采用相同设置，要获得好的测量结果，有更多的因素需要注意：

使用 LI-6400 或 LI-6800 测量 A/Ci 曲线的过程也就是控制叶室或参比室气体浓度变化的过程，只要诱导的时间足够，气孔会在相应设置的环境条件下开到足够大，这样 Ci 会随 Ca 而变化，一般来讲二者的比例为 0.7，但也可能在 0.5~0.7 间变化。

一般来讲，测量参数是在温度为 25 °C 时获得，但实际测量过程中，因为外界温度过高或过低等无法控制叶室温度到 25 °C，这其实并非严重的问题，因为这可以通过数学上的方法将计算参数标准化为 25 °C 时的结果。所以，在测量时只需控制叶室温度稳定即可（通常为 20 °C ~ 30 °C 之间）。此外就是控制恒定的 VPD 及一个饱和光强。另外就是需要注意，开始测量之前，必须在外界环境的 CO_2 浓度下诱导足够长的时间，使光合速率达到稳定，一般需要 20 ~ 30 min。对于没有稳定的光保护机制的植物，一般不建议在 50 ppm 或更低的浓度下进行设置，此时饱和光强和推荐的温度下，植物没有足够的底物进行光合作用，这样会因为光化学反应的降低发生氧化性损伤。Centritto et al. (2003) 研究表明，长时间的在 50 ppm 下诱导气孔打开到最大时，可以观测到最大的气孔导度（非标准方式测量）。

对于存在干旱胁迫的测量，由于干旱会导致气孔关闭 (Lauteri et al. (2014))，此时没有足够多的 CO_2 进入气孔，此时的测量是没有意义的，可在 50 ppm 诱导 1 h 等待气孔完全打开再快速升高 Ca 的值来进行测量 (Centritto et al. (2003))。该方法对于 V_{cmax} 不受影响而 J_{max} 降低的情况适用 (Aganchich et al. (2009))。但在某些情况下，气孔关闭速度太快，无法完成整个 A/Ci 曲线过程 (Haworth2017)（需要考虑 LI-6800 RACiR）。更重要的是，如果想采用拟合方式求 gm，那么气孔必须完全打开使叶片对 CO_2 吸收的限制降到最低。对于灌溉情况良好的植物或者土壤水分情况比较好的植物，气孔不对高于外界浓度的 Ca 的升高而响应 (Haworth et al. (2015))，这可能需要更多的测量点或延长测量点的时间间隔来提高曲线的分辨率。另外，测量点的数量也要根据研究而改变，例如重点测量 V_{cmax} 时，50 ~ 300 ppm 的数据

点要多一些，而如果研究对象是土壤磷酸盐对植物生理的限制，那么 1600 ~ 2000 ppm 的数据点要适当增多。

一个更精确的了解植物生理指标的方法是将 A/C_i 曲线改为 A/C_c 曲线，但这需要了解 g_m 数据。因为 C_c 通过如下方式计算：

$$C_c = C_i - \frac{A}{g_m} \quad (3.11)$$

对于 g_m 的计算，比较易操作的有几种：采用光合荧光联合测量的方式计算求得。当然也可以采用曲线拟合的方式，或者 Yin et al. (2009) 使用的方式，在低氧气体下，采用不同的光照水平求得。

此外，测量气体交换非常重要的误差来源就是气体的扩散，因为测量时，多数时间内外界气体浓度要高于叶室内的气体浓度，那么即使使用密封性非常好的材料，由外界高 CO_2 浓度气体向叶室低 CO_2 浓度气体的扩散无法避免，尤其是在连续长时间测量时该效应尤为明显，因此需要经常更换叶室垫圈。具体可以通过一些方法来校正 (Flexas J and A (2007), rodeghiero2007major)，但如果采用 LI-6800 测量这将是问题，它采用的叶室增加技术并根据测量的漏气情况对结果自动修正。

3.3 plantecophys 软件包

Remko A. Duursma 在 2015 年发表了一篇文章 Duursma (2015), plantecophys 是其开发的一个 R 包工具集，用于对叶片气体交换数据进行分析和建模。实现了如下功能：

- CO_2 响应曲线 ($A-C_i$ curves) 的拟合、作图及模拟。
- 不同气孔导度模型。
- 根据 Cowan-Farquhar 的假设估算最适的气孔导度。
- 耦合气体交换模型的实现。
- 基于 C_i 模拟 C_4 光合。
- RHtoVPD: 常用单位的转换 (相对湿度、水汽压亏缺、露点温度)。

各参数的基本用法请参考后文内容，或官方帮助文档：

plantecophys¹。

3.4 LI-6400XT CO₂ 响应曲线的拟合

LI-6400XT CO₂ 响应曲线的拟合需要借助 plantecophys 的 `fitaci` 实现，`fitaci` 函数为根据 FvCB 模型对 A-Ci 曲线的测量数据进行拟合，并估算 J_{max} 、 V_{cmax} 、 R_d 及他们的标准差，并根据 Medlyn et al. (2002) 的方法考虑了温度的影响。

3.4.1 `fitaci` 函数介绍

`fitaci` 的用法如下²：

```
fitaci(data, varnames = list(ALEAF = "Photo",
  Tleaf = "Tleaf", Ci = "Ci", PPFD = "PARi",
  Rd = "Rd"), Tcorrect = TRUE, Patm = 100,
  citransition = NULL, quiet = FALSE,
  startValgrid = TRUE, fitmethod =
  c("default", "bilinear", "onpoint"),
  algorithm = "default", fitTPU = FALSE,
  useRd = FALSE, PPFD = NULL, Tleaf = NULL,
  alpha = 0.24, theta = 0.85, gmeso = NULL,
  EaV = 82620.87, EdVC = 0, delsC = 645.1013,
  EaJ = 39676.89, EdVJ = 2e+05,
  delsJ = 641.3615, GammaStar = NULL,
  Km = NULL, id = NULL, ...)
```

¹<https://cran.r-project.org/web/packages/plantecophys/plantecophys.pdf>

²仅针对 C3 植物

```
## S3 method for class 'acifit'
plot(x, what = c("data", "model", "none"),
      xlim = NULL, ylim = NULL, whichA = c(
        "Ac", "Aj", "Amin", "Ap"), add = FALSE,
pch = 19, addzeroline = TRUE, addlegend =
  !add, legendbty = "o", transitionpoint = TRUE,
linecols = c("black", "blue", "red"), lwd = c(1,
2), ...)
```

主要参数注释:

- data: 需要分析的数据, 必须为 data.frame³ 格式。
- varnames: 数据的表头, 此处函数默认的表头为 LI-6400 的表头, 分析 LI-6400 的数据时不用填写, 直接使用默认的参数即可⁴。
- Tcorrect: 如果为 TRUE, 那么 J_{max} 、 V_{cmax} 的结果为温度校正结果, 若 Tcorrect = FALSE, 则为测量温度下的结果。
- Patm: 为外界大气压。
- citransition: 参见详, 若提供该选项, 则 J_{max} 、 V_{cmax} 的区域则分别拟合⁵。
- fitmethod: 参见详解。
- fitTPU: 是否拟合 TPU 限制, 默认为 FALSE, 参见详解。
- x: 对于 plot.acifit, x 为 fitaci 返回的对象, 简单理解为将 fitaci 函数拟合结果赋值给一个变量, 此处 plot 函数实际上为 plot.acifit。
- what: 利用基础做图工具, 默认为对数据和模型进行作图。
- whichA: 默认为对所有的光合速率进行作图 (Aj=Jmax-limited (蓝色), Ac=Vcmax-limited (红色), Hyperbolic minimum (黑色)), TPU-limited rate (Ap, 如果模型有计算结果)。

³具体参考 R 语言相关文档, 为 R 语言最常用的数据格式

⁴在 R 中, 使用参数的值为默认值时不用填写该参数, 例如使用默认选项分析 LI-6400 数据时, 可只填写 data 项, 具体参考 R 的相关入门手册

⁵为 Rubisco 和 RuBP 限制的 C_i 转换点, 物种间差异较大, 可以通过预实验确定

其他参数请参考 FvCB 模型 [Farquhar et al. \(1980\)](#) 或查看 *plantecophys* 的帮助文档。

3.4.1.1 fitaci 函数详解

- 默认为非线性拟合，详见 [Duursma \(2015\)](#)。
- bilinear 方法使用两次线性拟合方法首先拟合 V_{cmax} 和 R_d ，然后在拟合 J_{max} ，过渡点的选择为对所有数据拟合最适的点，类似 [Gu et al. \(2010\)](#) 的方法。该方法的优势时无论如何，都会返回拟合结果，尤其是非线性拟合失败时使用该方法，但若默认方法失败时，需首先检查是否数据存在问题。两种拟合方法的结果有轻微的差别⁶。
- onepoint 参考 [De Kauwe et al. \(2016\)](#)。
- citransition 使用时，数据将被区分为 V_{cmax} 限制 ($C_i < citransition$) 区域，以及 J_{max} 限制 ($C_i > citransition$) 区域。
- fitTPU: 如果要计算 TPU, 要设置 `fitTPU = TRUE`, 并且 `fittingmethod = "bilinear"`。但需要注意，当 TPU 被计算时，没有 J_{max} 限制的点的存在是可能的。TPU 限制的发生是在 A 值不随 CO₂ 的增加而增加时发生的，因此计算 TPU 是否有返回值，取决于测量数据是否有此情况出现。

3.5 使用 *plantecophys* 拟合 LI-6400XT CO₂ 响应曲线数据

3.5.1 数据的前处理

虽然 R 软件支持直接导入 `xlsx` 的数据，但因为 LI-6400XT 的数据记录文件内有其他空行或 `remark` 等内容，增加了处理代码的量，故而推荐将其数据先整理为如表 3.1 样式，并另存为 `csv` 格式⁷：

⁶若默认拟合方法失败，数据也无问题，那么是非线性拟合初始值设定的原因

⁷即仅保留测量值，删除其他所有头文件、空行、`remark` 等信息

表 3.1: 推荐 LI-6400 整理后数据样式

Obs	HHMMSS	FTime	EBal.	Photo	Cond	Ci	Trmmol
1	15:46:59	271.5	0	14.2848912	0.2730691	286.39751	2.226126
2	15:48:26	358.0	0	10.6562220	0.2826303	217.32002	2.292845
3	15:49:54	446.0	0	6.4525814	0.2909460	150.67623	2.361704
4	15:51:26	538.5	0	1.7971569	0.3057164	85.82530	2.459459
5	15:52:54	626.5	0	-0.6575974	0.3150002	53.47985	2.515992
6	15:54:50	742.5	0	15.4296572	0.3255415	292.56161	2.579840

3.5.2 使用示例

`plantecophys` 并非 base 的安装包，首次使用需要从 CRAN 安装，可以使用图形界面安装，也可以直接用命令行安装⁸，推荐同时安装依赖。

```
install.packages("plantecophys", dependencies = TRUE)
```

```
# 载入 plantecophys
library("plantecophys")

# 利用 read.csv 读取数据文件，
# 我的路径为当前工作路径的 data 文件夹内
aci <- read.csv("./data/aci.csv")

# 防止可能出现的 NA 值
aci <- subset(aci, Obs > 0)

# 不修改默认参数对数据进行拟合
```

⁸首次使用安装，更换电脑或者升级 R 软件后，如果没有拷贝 library，也需要运行安装命令


```
acifit <- fitaci(aci)
```

```
# 查看拟合结果的参数名称，方便导出数据使用
```

```
attributes(acifit)
```

```
## $names
```

```
## [1] "df"          "pars"        "nlsfit"      "Tcorrect"
## [5] "Photosyn"    "Ci_transition" "Ci_transition2" "Rd_measured"
## [9] "GammaStar"   "Km"          "kminput"     "gstarinput"
## [13] "fitmethod"   "citransition" "gmeso"       "fitTPU"
## [17] "alphag"     "RMSE"        "runorder"
```

```
##
```

```
## $class
```

```
## [1] "acifit"
```

```
# 查看拟合结果
```

```
summary(acifit)
```

```
## Result of fitaci.
```

```
##
```

```
## Data and predictions:
```

##	Ci	Ameas	Amodel	Ac	Aj	Ap	Rd	VPD
## 5	53.47985	-0.6575974	-0.5146882	-0.3552036	0.000000	1000	0.159449	1.5
## 4	85.82530	1.7971569	1.9292621	2.0888575	5.068534	1000	0.159449	1.5
## 3	150.67623	6.4525814	6.4176037	6.5777528	12.755502	1000	0.159449	1.5
## 2	217.32002	10.6562220	10.5354626	10.6965875	17.519644	1000	0.159449	1.5
## 1	286.39751	14.2848912	14.3365887	14.4993980	20.749310	1000	0.159449	1.5
## 6	292.56161	15.4296572	14.9749157	15.1383702	20.852616	1000	0.159449	1.5
## 7	292.96456	15.7134791	15.0564801	15.2200522	20.831098	1000	0.159449	1.5
## 8	450.64285	22.2659015	23.0115187	23.1975997	25.186939	3000	0.159449	1.5
## 9	622.03873	26.5135040	27.6485003	30.4281393	27.837462	3000	0.159449	1.5
## 10	992.08737	30.3898585	30.6300461	42.3998173	30.797660	3000	0.159449	1.5

```

## 11 1558.96968 33.6267056 32.6638021 54.9948264 32.828110 3000 0.159449 1.5
## 12 1756.16396 33.3152783 33.0981490 58.5844507 33.261965 3000 0.159449 1.5
##      Tleaf      Cc      PPFD Patm Ci_original
## 5  31.12332   53.47934 1800.490   100    53.47985
## 4  30.99093   85.82723 1800.558   100    85.82530
## 3  30.82872  150.68265 1800.140   100   150.67623
## 2  30.63983  217.33057 1800.524   100   217.32002
## 1  30.46890  286.41186 1800.701   100   286.39751
## 6  31.26338  292.57660 1799.923   100   292.56161
## 7  31.41866  292.97963 1799.975   100   292.96456
## 8  31.54122  450.66588 1799.826   100   450.64285
## 9  31.63493  622.06640 1799.578   100   622.03873
## 10 31.73910  992.11803 1800.055   100   992.08737
## 11 31.86938 1559.00238 1800.022   100  1558.96968
## 12 31.96654 1756.19709 1799.585   100  1756.16396
##
## Root mean squared error:  1.889701
##
## Estimated parameters:
##      Estimate Std. Error
## Vcmax  49.261616  1.5152405
## Jmax   126.620537  2.2816267
## Rd      0.159449  0.4001302
## Note: Vcmax, Jmax are at 25C, Rd is at measurement T.
##
## Curve was fit using method:  default
##
## Parameter settings:
## Patm = 100
## alpha = 0.24
## theta = 0.85
## EaV = 82620.87
## EdVC = 0

```

```
## delsC = 645.1013
## EaJ = 39676.89
## EdVJ = 2e+05
## delsJ = 641.3615
##
## Estimated from Tleaf (shown at mean Tleaf):
## GammaStar = 58.61138
## Km = 1223.279
```

```
acifit_linear <- fitaci(aci, fitmethod = "bilinear", quiet = TRUE)
summary(acifit_linear)
```

```
## Result of fitaci.
```

```
##
```

```
## Data and predictions:
```

##		Ci	Ameas	Amodel	Ac	Aj	Ap	Rd
## 5		53.47985	-0.6575974	-0.7389447	-0.3560483	0.000000	1000	0.3828608
## 4		85.82530	1.7971569	1.7108198	2.0938246	5.138366	1000	0.3828608
## 3		150.67623	6.4525814	6.2098476	6.5933940	12.931333	1000	0.3828608
## 2		217.32002	10.6562220	10.3375299	10.7220229	17.761317	1000	0.3828608
## 1		286.39751	14.2848912	14.1477696	14.5338762	21.035722	1000	0.3828608
## 6		292.56161	15.4296572	14.7876514	15.1743678	21.139657	1000	0.3828608
## 7		292.96456	15.7134791	14.8694171	15.2562440	21.117718	1000	0.3828608
## 8		450.64285	22.2659015	22.8464806	23.2527613	25.533374	3000	0.3828608
## 9		622.03873	26.5135040	27.8030690	30.5004944	28.220254	3000	0.3828608
## 10		992.08737	30.3898585	30.8295808	42.5006398	31.221072	3000	0.3828608
## 11		1558.96968	33.6267056	32.8913778	55.1255986	33.279305	3000	0.3828608
## 12		1756.16396	33.3152783	33.3316070	58.7237587	33.719013	3000	0.3828608
##	VPD	Tleaf	Cc	PPFD	Patm	Ci_original		
## 5	1.5	31.12332	53.47911	1800.490	100	53.47985		
## 4	1.5	30.99093	85.82701	1800.558	100	85.82530		
## 3	1.5	30.82872	150.68244	1800.140	100	150.67623		

```

## 2  1.5 30.63983 217.33037 1800.524 100 217.32002
## 1  1.5 30.46890 286.41167 1800.701 100 286.39751
## 6  1.5 31.26338 292.57641 1799.923 100 292.56161
## 7  1.5 31.41866 292.97944 1799.975 100 292.96456
## 8  1.5 31.54122 450.66572 1799.826 100 450.64285
## 9  1.5 31.63493 622.06656 1799.578 100 622.03873
## 10 1.5 31.73910 992.11823 1800.055 100 992.08737
## 11 1.5 31.86938 1559.00260 1800.022 100 1558.96968
## 12 1.5 31.96654 1756.19733 1799.585 100 1756.16396
##
## Root mean squared error: 2.013045
##
## Estimated parameters:
##           Estimate Std. Error
## Vcmax 49.3787547 3.4815555
## Jmax 128.5546403 NA
## Rd 0.3828608 0.4697008
## Note: Vcmax, Jmax are at 25C, Rd is at measurement T.
##
## Curve was fit using method: bilinear
##
## Parameter settings:
## Patm = 100
## alpha = 0.24
## theta = 0.85
## EaV = 82620.87
## EdVC = 0
## delsC = 645.1013
## EaJ = 39676.89
## EdVJ = 2e+05
## delsJ = 641.3615
##
## Estimated from Tleaf (shown at mean Tleaf):

```

```
## GammaStar = 58.61138
## Km = 1223.279
```

```
# 仅查看拟合参数，比较两种拟合参数的差异
coef(acifit_linear)
```

```
##          Vcmax          Jmax          Rd
## 49.3787547 128.5546403  0.3828608
```

```
coef(acifit)
```

```
##          Vcmax          Jmax          Rd
## 49.261616 126.620537  0.159449
```

```
# 设置作图参数，图形的边距及分为 1 行两列输出图形
par(mar = c(4.5, 4.5, 2, 2))
par(mfrow = c(1, 2))
# 对两种拟合参数的结果作图，查看模型拟合是否正常
plot(acifit, addlegend = FALSE)
legend(x = 500, y = 10,
       legend = c(expression(paste(A[c])),
                    expression(paste(A[j])),
                    "Limiting rate"),
       lty = c(1, 1, 1),
       col = c("red", "blue", "black"))
mtext(" fitmethod = 'default' ")

plot(acifit_linear, addlegend = FALSE)
```

```

legend(x = 500, y = 10,
      legend = c(expression(paste(A[c])),
                    expression(paste(A[j])),
                    "Limiting rate"),
      lty = c(1, 1, 1),
      col = c("red", "blue", "black"))
)
mtext("fitmethod = 'bilinear' ")

```

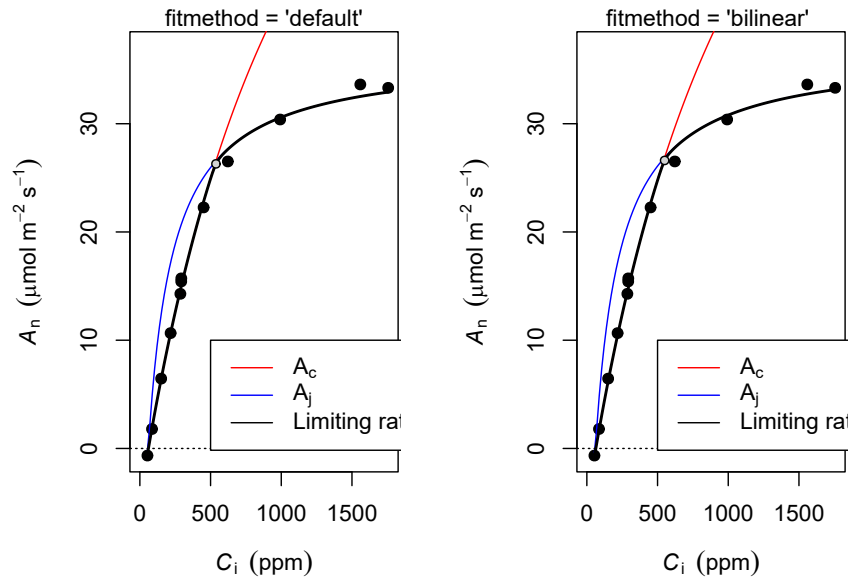


图 3.2: 光合速率的不同的限制阶段

如果需要导出数据做他用, 直接根据 `attributes` 中看到的名称, 选择对应的数据导出即可, 如果使用 Rstudio 的话, 其自动补全的功能在选择数据上更方便。例如导出预测值和系数分别使用如下方式:

```

# 将模型拟合结果中 df (即计算数据) 赋给 predictaci,
# 并用 write.csv 导出

```

```
predictaci <- acifit$df
write.csv(acifit$df, file = "acipredict.csv")
write.csv(coef(acifit), file = "coefaci.csv")
```

需要注意的是，因为非线性拟合需要一个初始值，因此，使用默认方式（非线性拟合）的时候，会存在可能的拟合失败现象，此时可以使用 `fitmethod = "bilinear"`，二者结果略有差别。

3.5.2.1 `fitmethod = "onepoint"` 介绍

De Kauwe et al. (2016) 发表了关于 one point 方法计算 V_{cmax} 和 J_{max} 方法的文章，在 2017 年 11 月的更新中，*plantecophys* 增加了响应的 R 软件实现方法，该方法并非使用一个点计算 V_{cmax} 和 J_{max} ，而是对数据集中的每一个点的值进行估计，使用的方法为逆向了光合作用方程。输出为对每个原始数据加入了 V_{cmax} 和 J_{max} ，当然一如既往的可以使用温度校准的方法。并不建议该方法应用于整个 ACi 曲线的的数据，它的假设是在外部环境 CO_2 浓度和饱和光下，受到 Rubisco 羧化速率的限制而不是 RUBP 的限制。

基于上面的描述，他们的模型如下：

$$\hat{V}_{cmax} = (A_{sat} + R_{day}) \frac{C_i + K_m}{C_i - \Gamma^*} \quad (3.12)$$

其中： K_m 为米氏常数，其计算为：

$$K_m = K_c \left(1 + \frac{O_i}{K_o}\right) \quad (3.13)$$

未知参数均由文献中的方法进行计算，具体可参考 De Kauwe et al. (2016) 的原文，但上述方法的缺陷为还要使用 ACi 曲线来估算 R_{day} ，因此作者使用了 1.5% V_{cmax} 作为 R_{day} ，因此公式 (3.12) 可变换为：

表 3.2: onepoint 使用的数据

Obs	HHMMSS	FTime	EBal.	Photo	Cond	Ci	Trmmol	VpdL	CTleaf
1	14:12:43	347.0	0	10.519216	0.1369336	263.0905	1.963046	1.445782	25.89411
2	14:13:04	369.0	0	10.361122	0.1357092	264.1135	1.946022	1.445559	25.89542
3	14:13:25	373.0	0	10.207166	0.1342114	264.8348	1.925734	1.445717	25.89660
4	14:13:41	389.5	0	9.547416	0.1281947	269.6337	1.854272	1.454248	25.94020
5	14:16:16	540.0	0	10.288968	0.1376602	267.9198	2.009217	1.471788	26.01813
6	14:16:32	555.5	0	10.178603	0.1381995	269.5898	2.016100	1.471138	26.01657

$$\hat{V}_{cmax} = A_{sat}(\frac{C_i + K_m}{C_i - \Gamma^*} - 0.015) \quad (3.14)$$

另一个重要的模型的假设为 J_{max} 与 V_{cmax} 是成比例的, J_{max} 的计算是通过 C_i transition point 来实现的, 文章中的比值均值为 1.9, 范围在 1.68 ~ 2.14 之间。

3.5.3 使用 ‘onepoint’ 单独计算 V_{cmax} 和 J_{max}

目前我手头没有相应数据, 仅有使用 LI-6400 测试 auto log 2 时的一个数据, 我们用这个来示范该方法的使用:

```
one_data <- read.csv("./data/onepoint.csv")
knitr::kable(head(one_data), booktabs = TRUE,
               caption = 'onepoint 使用的数据')
```

数据如上所示, 为同一个叶片连续记录数据, 故所有的光合速率十分接近。

使用方法:

表 3.3: onepoint 法计算的结果

aci_fit.Photo	aci_fit.Vcmax	aci_fit.Jmax
10.519216	47.06893	71.73759
10.361122	46.22091	70.51059
10.207166	45.44617	69.35838
9.547416	41.86217	64.24400
10.288968	45.09335	69.36954
10.178603	44.37360	68.41628

```
library(plantecophys)

one_data <- subset(one_data, Obs > 0)
one_data$Rd <- rep(-0.5, length(one_data$Obs))
aci_fit <- fitaci(one_data, fitmethod = "onepoint")

knitr::kable(head(data.frame(aci_fit$Photo,
                             aci_fit$Vcmax, aci_fit$Jmax)),
              booktabs = TRUE,
              caption = 'onepoint 法计算的结果')
```

需要注意，为保证结果的精确，如果不设定 *Rd*，也即文献中的 *Rday*，模型是无法计算的，因此上面的示例中虚构了一个，实际操作用一般使用标准的 *ACi* 测量计算。

3.5.4 多条 CO_2 响应曲线的拟合

fitacis 函数实际上是 *fitaci* 函数的扩展，方便一次拟合多条曲线⁹。函数的参数如下：

⁹需要注意，此时 *fitmethod* 一般推荐使用 *bilinear*。

```

fitacis(data, group, fitmethod = c("default",
  "bilinear"), progressbar = TRUE,
  quiet = FALSE, id = NULL, ...)

## S3 method for class 'acifits'
plot(x, how = c("manypLOTS", "oneplot"),
  highlight = NULL, ylim = NULL,
  xlim = NULL, add = FALSE, what = c("model",
  "data", "none"), ...)

```

主要参数详解:

实际上 `fitacis` 与 `fitaci` 模型算法完全一致, 只不过增加了一个 `group` 参数, 用于区分不同测量的数据, 具体请参考举例内容。

3.5.4.1 `fitacis` 函数应用举例

下文代码根据 `plantecophys` 中的示例代码修改, 进行演示, 原代码请参考其帮助文档。

```

library(plantecophys)
# 只提取前 10 个不同测量的数据, 节省时间进行举例
manyacidat2 <- droplevels(manyacidat[manyacidat$Curve %in%
  levels(manyacidat$Curve)[1:10],])

# 对多条曲线进行拟合, 使用 bilinear 方法,
# 仅仅因为其比非线性拟合节省时间
fits <- fitacis(manyacidat2, group = "Curve", fitmethod="bilinear", quiet = TRUE)

# 拟合结果为 list, 我们可以只提取第一个的拟合结果
fits[[1]]

## Result of fitaci.

```

##

Data and predictions:

##		Ci	Ameas	Amodel	Ac	Aj	Ap	Rd
## 2	53.23129	-0.4401082	0.1014381	0.9601119	2.548123	1000	0.8586158	
## 3	79.47367	2.4824630	2.1937702	3.0526198	7.036734	1000	0.8586158	
## 4	116.74688	5.4531712	4.9419337	5.8011511	11.392394	1000	0.8586158	
## 5	188.00801	9.7099879	9.5705964	10.4310194	16.447715	1000	0.8586158	
## 6	278.44662	14.8225766	14.4261545	15.2897486	19.977583	1000	0.8586158	
## 7	343.03259	17.7982155	17.4602014	18.3289218	21.639847	1000	0.8586158	
## 1	344.72152	17.9244012	17.3165146	18.1849643	21.534276	1000	0.8586158	
## 14	344.74839	16.7933747	17.6853306	18.5545917	21.774261	1000	0.8586158	
## 8	588.08078	23.8925326	24.1309683	27.0327638	25.020148	3000	0.8586158	
## 9	833.25547	26.5674409	25.7783026	33.0856065	26.647921	3000	0.8586158	
## 10	1136.99222	25.9787890	26.8108335	38.1296944	27.676768	3000	0.8586158	
## 11	1436.86370	26.6110657	27.5409345	42.0628463	28.405453	3000	0.8586158	
## 12	1536.46772	27.4018784	27.7965881	43.3773689	28.660781	3000	0.8586158	
## 13	1731.76400	28.6752069	28.0952804	45.2475932	28.959041	3000	0.8586158	

##	VPD	Tleaf	Cc	PPFD	Patm	Ci_original
## 2	1.5	24.55873	53.23139	1799.959	100	53.23129
## 3	1.5	24.58292	79.47586	1799.590	100	79.47367
## 4	1.5	24.71278	116.75183	1799.819	100	116.74688
## 5	1.5	24.73687	188.01759	1800.371	100	188.00801
## 6	1.5	24.67508	278.46106	1800.233	100	278.44662
## 7	1.5	24.76596	343.05006	1799.575	100	343.03259
## 1	1.5	24.51593	344.73886	1800.356	100	344.72152
## 14	1.5	24.94098	344.76609	1799.964	100	344.74839
## 8	1.5	24.83785	588.10494	1799.477	100	588.08078
## 9	1.5	24.91185	833.28127	1799.969	100	833.25547
## 10	1.5	24.87314	1137.01906	1799.525	100	1136.99222
## 11	1.5	24.95914	1436.89126	1799.615	100	1436.86370
## 12	1.5	25.04542	1536.49554	1799.784	100	1536.46772
## 13	1.5	25.07566	1731.79212	1799.160	100	1731.76400

##

```
## Root mean squared error: 2.196037
##
## Estimated parameters:
##           Estimate Std. Error
## Vcmax  65.0009909  1.3720635
## Jmax   131.7980133           NA
## Rd      0.8586158  0.2876248
## Note: Vcmax, Jmax are at 25C, Rd is at measurement T.
##
## Curve was fit using method: bilinear
##
## Parameter settings:
## Patm = 100
## alpha = 0.24
## theta = 0.85
## EaV = 82620.87
## EdVC = 0
## delsC = 645.1013
## EaJ = 39676.89
## EdVJ = 2e+05
## delsJ = 641.3615
##
## Estimated from Tleaf (shown at mean Tleaf):
## GammaStar = 42.31453
## Km = 698.2084
```

```
# 所有参数均可传递到 plot.acifit, 例如:
# 将所有数据点作图, 并将数据点标记为蓝色
par(mar = c(4.5, 4.5, 2, 2))
par(mfrow = c(1, 2))
plot(fits, how="oneplot", what="data", col="blue", addlegend = FALSE)
# 在上图的基础上增加模型拟合的线
```

```
plot(fits, how="oneplot", what="data", col="blue", addlegend = FALSE)
plot(fits, how="oneplot", add=TRUE, what="model", lwd=c(1,1), addlegend = FALSE)
```

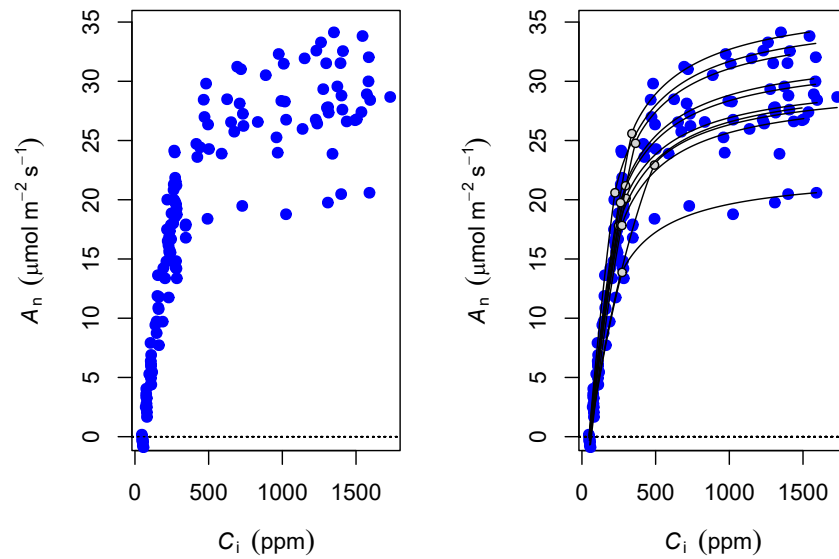


图 3.3: fitacis 作图结果

```
# 使用 sapply 提取拟合结果的 RMSE(均方根误差)
rmsees <- sapply(fits, "[", "RMSE")
plot(rmsees, type='h', ylab="RMSE", xlab="Curve nr")
# 对最差的拟合结果进行作图
plot(fits[[which.max(rmsees)])])
```

可以看出, *fitaci* 和 *fitacis* 用法基本一致, 各行代码均已经注释, 更详细用法请参考函数帮助。

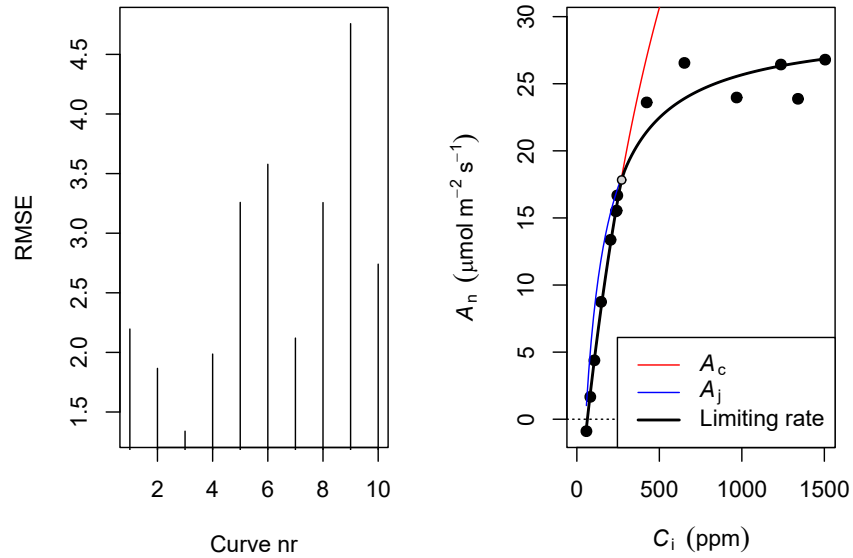


图 3.4: fitaci 作图结果

3.5.5 findCiTransition 函数

计算 CiTransition 的函数，第一点为 A_c & A_j ，第二点为 A_j & A_p ，并且仅在计算 TPU 的前提下才会有第二点出现。

```
findCiTransition(object, ...)
```

参数使用，object 为 fitaci 函数对象，或者整个的 Photosyn 函数。... 为使用 Photosyn 时可传递的参数。

3.6 C₄ 植物光合

之前的部分模型全部为关于 C₃ 植物的拟合，而 Caemmerer (2000) 的方法，则是针对 C₄ 植物的 A-Ci 曲线的实现。

```

AciC4(Ci, PPFD = 1500, Tleaf = 25, VPMAX25 = 120,
      JMAX25 = 400, Vcmax = 60, Vpr = 80,
      alpha = 0, gbs = 0.003, O2 = 210,
      x = 0.4, THETA = 0.7, Q10 = 2.3,
      RD0 = 1, RTEMP = 25, TBELOW = 0,
      DAYRESP = 1, Q10F = 2, FRM = 0.5, ...)

```

参数详解

- Ci: 胞间二氧化碳浓度 ($\mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$)。
- PPFD: 光合光子通量密度 ($\mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$)。
- Tleaf: 叶片温度 (°C)。
- VPMAX25: PEP 羧化最大速率 ($\mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$)。
- JMAX25: 最大电子传递速率 (°C))。
- Vcmax: 最大羧化速率 ($\mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$)。
- Vpr: PEP 再生 ($\mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$)。
- alpha: 维管束鞘细胞中 PSII 活性的比例。
- gbs: 维管束鞘导度 ($\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$)。
- O2: 叶肉细胞氧气浓度。
- x: 电子传递的分配因子。
- THETA: 曲角参数。
- Q10: Michaelis-Menten 系数中依赖于温度的参数。
- RD0: 基温下的呼吸 ($\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$)。
- RTEMP: 呼吸的基温 (°C)。
- TBELOW: 此温度以下呼吸为 0。
- DAYRESP: 明呼吸和暗呼吸的比值。

- Q10F: 呼吸依赖于温度的参数。
- FRM: 明呼吸中为叶肉呼吸的比例。

以上参数均来自 [Caemmerer \(2000\)](#), 括号中的参数值均为默认值, 具体应用时请按照实际情况修改。

3.6.1 C4 植物光合速率的计算

```
# 模拟 C4 植物的  $C_i$  值, 计算光合速率并作图  
library(plantecophys)  
aci <- AciC4(Ci=seq(5,600, length=101))  
with(aci, plot(Ci, ALEAF, type='l', ylim=c(0,max(ALEAF))))
```

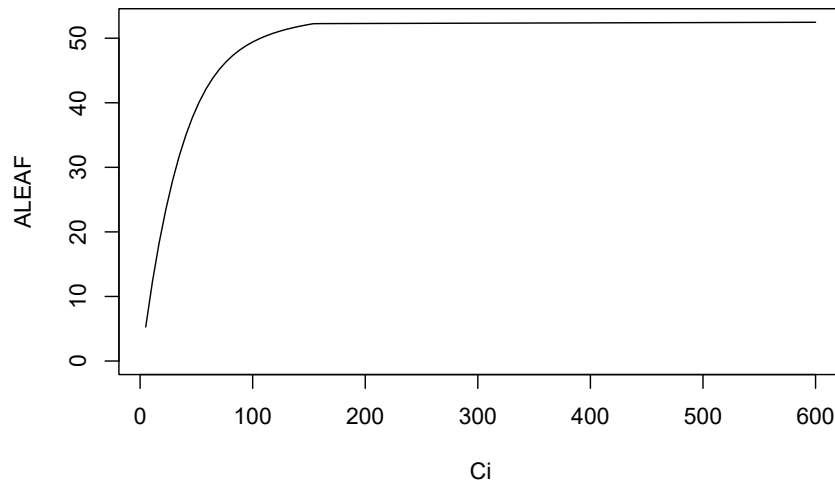


图 3.5: C4 植物 A-Ci 作图

4

气孔导度模型的拟合

气孔导度模型的拟合是通过 `fitBB` 来实现的，可以拟合三个 **Ball-Berry** 类型的气孔导度模型，共有下面几个参数：

- 气孔导度 (g_s),
- 光合 (A),
- 外界 CO_2 浓度 (C_a)
- 水气压亏缺 (VPD).

其三个模型的简介如下：

4.1 BallBerry 模型

[Ball et al. \(1987\)](#) 发表的文章中的模型：

$$g_s = g_0 + g_1 \left(\frac{Ah_r}{C_a} \right) \quad (4.1)$$

其中 A 为净光合速率， g_0 和 g_1 为拟合参数， h_r 为叶片表面的相对湿度， C_a 为叶片处 CO_2 浓度。

4.2 BBLearning 模型

Leuning (1995) 发表的文章中的模型:

$$g_s = g_0 + g_1 \left(\frac{A}{(C_a - \Gamma)(1 + \frac{D}{D_0})} \right) \quad (4.2)$$

其中 Γ 为 CO_2 补偿点, g_0 、 g_1 和 D_0 为拟合参数。

4.3 BBOptiFull 模型

Medlyn et al. (2011) 发表的文章中的模型:

$$g_s^* \approx g_0 + g_1 \left(1 + \frac{g_1}{D} \right) \frac{A}{C_a} \quad (4.3)$$

额外的参数 g_k 来自于 Duursma et al. (2013)

$$g_s = g_0 + 1.6 \left(1 + \frac{g_1}{D} (1 - g_k) \right) \frac{A}{C_a} \quad (4.4)$$

4.4 fitBB 函数

```
fitBB(data, varnames = list(
  ALEAF = "A", GS = "gsw", VPD = "VPDleaf",
  Ca = "CO2_s", RH = "RHcham"),
  gsmodel = c("BBOpti", "BBLearning", "BallBerry",
    "BBOptiFull"), fitg0 = FALSE)
```

参数的意义:

- data: 待分析的数据文件。
- varnames: 注意, 函数默认数据为 6400 格式, 因此 6800 的数据文件要安装上文的参数修改。相对湿度只有在使用 BallBerry 时才需要输入。
- gsmodel: 上述三个模型之一。
- fitg0: 默认不计算 g0, 若需要, 改为 TRUE。

代码示例:

```
library(plantecophys)

aci <- read.csv("./data/aci.csv")
aci <- subset(aci, Obs > 0)
fitBB(aci, gsmodel = "BBOpti", fitg0 = TRUE)

## Result of fitBB.
## Model : BBOpti
## Both g0 and g1 were estimated.
##
## Coefficients:
## g0 g1
## 0.326 -0.992
##
## For more details of the fit, look at summary(myfit$fit)
## To return coefficients, do coef(myfit).
## (where myfit is the name of the object returned by fitBB)
```

4.5 fitBBs 函数

如果我们有多个物种的数据，那么使用 `fitBBs` 则可以快速拟合多条曲线的数据。我们先整合两次的数据，然后再查看运行结果：

```
aci01 <- read.csv("../data/aci01.csv")
aci01 <- subset(aci01, Obs > 0)
multiBB <- data.frame(
  A = c(aci$Photo, aci01$Photo),
  GS = c(aci$Cond, aci01$Cond),
  CO2S = c(aci$CO2S, aci01$CO2S),
  VPD = c(aci$VpdL, aci01$VpdL),
  RH = c(aci$RH_S, aci01$RH_S),
  species = c(rep("species1", length(aci$Photo)),
    rep("species2", length(aci01$Photo)))
)

mod2 <- fitBBs(multiBB, group = "species",
  varnames = list(
    ALEAF = "A", GS = "GS", VPD = "VPD",
    Ca = "CO2S", RH = "RH"),
  gsmodel = "BallBerry", fitg0 = TRUE)
```

```
## RH provided in % converted to relative units.
## RH provided in % converted to relative units.
```

```
coef(mod2)
```

```
##      group      g0      g1
```

4.5 *fitBBs* 函数

43

```
## 1 species1 0.32638852 -0.1734554  
## 2 species2 0.05158725 -0.0218842
```



5

光合最优气孔导度耦合模型

Cowan and Farquhar (1977) 关于最优气孔导度的描述概括如下：最优气孔行为理论认为气孔的最优化行为就是在某一时间段内，最大化光合碳固定的同时最小化蒸腾作用，也就是说，对于一定的水分消耗，最大化光合碳固定。即使得：

$$A - \lambda E \quad (5.1)$$

有最大化，其中 λ 是临界水分利用效率，也即植物损耗单位水分的 C 生产量，单位一般为 $\text{mol CO}_2 \cdot \text{mol}^{-1} \text{H}_2\text{O}$ ，可通过光合速率和蒸腾速率计算。

5.1 FARAO 函数

FARAO 函数用于找到最大化 $A - \lambda E$ 的 ** Ci ** 值。

```
FARAO(lambda = 0.002, Ca = 400, VPD = 1,
      photo = c("BOTH", "VCMAX", "JMAX"),
      energybalance = FALSE, C4 = FALSE,
      Tair = 25, Wind = 2, Wleaf = 0.02,
      StomatalRatio = 1, LeafAbs = 0.86, ...)

FARAO2(lambda = 0.002, Ca = 400,
      energybalance = FALSE, ...)
```

其参数同 `fitaci` 和 `Photosyn`, 在此不多做介绍, 可参考 ([Cowan and Farquhar, 1977](#), [Buckley et al. \(2014\)](#), [Medlyn et al. \(2011\)](#))。

6

光合气孔导度耦合模型

Duursma (2015) 对于气体交换耦合模型的简述如下¹:

- 对于 FvCB 模型有:

$$A_n = \min(A_c, A_j) - R_d \quad (6.1)$$

- 在假定 g_m 为恒定的前提下:

$$C_c = C_i - \frac{A_n}{g_m} \quad (6.2)$$

- 根据 Ficker 定理

$$A_n = \frac{g_s}{1.6}(C_a - C_i) \quad (6.3)$$

以及前文 4.1 提到的气孔导度模型

$$g_s = g_0 + g_1 \frac{A_n}{C_a} f(D) \quad (6.4)$$

整合公式 (6.1), (6.2), (6.3) 和 (6.4), 气体交换耦合模型有很多更大尺度上的应用, 例如 Duursma and Medlyn (2012) 和 wang1998a, 可用于预测 A_n , g_s 和蒸腾速率对主要环境驱动因子的响应 (除土壤水分), 并包含了主要的叶片性状 (g_1 , V_{cmax} , J_{max} , R_d 以及他们的温度依赖性)。

¹详细内容请参考原文

6.1 Photosyn 函数

Photosyn 为耦合的光合-气孔导度模型，基于 Farquhar 光合模型和 Ball-Berry 气孔导度模型。

```
Photosyn(VPD = 1.5, Ca = 400, PPFD = 1500,
         Tleaf = 25, Patm = 100, RH = NULL,
         gsmodel = c("BBOpti", "BBLeuning",
                     "BallBerry", "BBdefine"),
         g1 = 4, g0 = 0, gk = 0.5, vpdmin = 0.5,
         D0 = 5, GS = NULL, BBmult = NULL,
         alpha = 0.24, theta = 0.85, Jmax = 100,
         Vcmax = 50, gmeso = NULL, TPU = 1000,
         alphag = 0, Rd0 = 0.92, Q10 = 1.92,
         Rd = NULL, TrefR = 25, Rdayfrac = 1,
         EaV = 82620.87, EdVC = 0, delsC = 645.1013,
         EaJ = 39676.89, EdVJ = 2e+05, delsJ = 641.3615,
         GammaStar = NULL, Km = NULL, Ci = NULL,
         Tcorrect = TRUE, returnParsOnly = FALSE,
         whichA = c("Ah", "Amin", "Ac", "Aj"))

Aci(Ci, ...)
```

因为是光合气孔导度模型的耦合，故而参数与之前的函数相同，参见 3.5.2 和 4.4 部分的内容。

6.1.1 Photosyn 使用举例

```
library(plantecophys)
# 仅使用下面几个参数运行模型
# (其他参数使用默认值)
# 利用已测量或计算的参数
Photosyn(VPD=2, g1=4, Ca=500)
```

```
##          Ci      ALEAF      GS      ELEAF      Ac      Aj      Ap      Rd VPD
## 1 369.3981 14.19466 0.1706377 3.412753 15.12654 17.03685 1000 0.92 2
## Tleaf Ca      Cc PPFD Patm
## 1 25 500 369.3981 1500 100
```

```
# 部分参数相同，而某一参数或某几个参数不同时，
# 可以将不同的参数设置为一个序列 (vectors)
r <- Photosyn(VPD=seq(0.5, 4, length=25),
              Vcmax=50, Jmax=100)
with(r, plot(VPD, ALEAF, type='l'))
```

不同 VPD 下的光合速率见 6.1。

```
# 设定叶肉导度的拟合
run1 <- Photosyn(PPFD=seq(50,1000,length=25),
                 gmeso=0.15, Vcmax=40, Jmax=85)
with(run1, plot(PPFD, GS, type='l'))
```

```
# 运行 ACi 曲线数据 (提供 Ci 值而不是计算)
arun1 <- Aci(Ci=seq(50, 1200, length=101),
             Vcmax=40, Jmax=85)
arun2 <- Aci(Ci=seq(50, 1200, length=101),
```

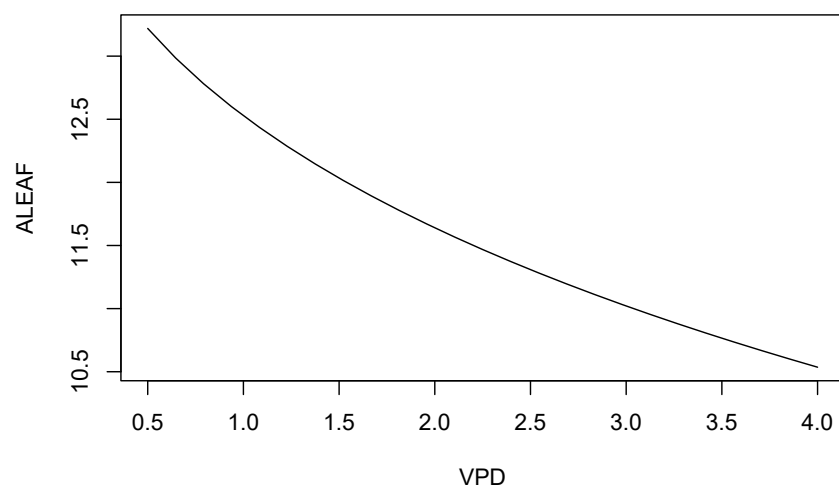


图 6.1: VPD VS. A_n

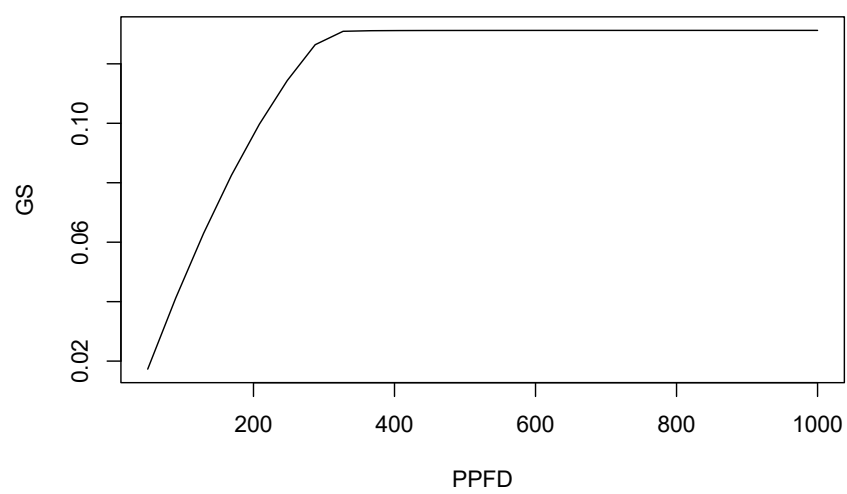


图 6.2: PPFD VS. GS

```
Vcmax=30, Jmax=70)
with(arun1, plot(Ci, ALEAF, type='l'))
with(arun2, points(Ci, ALEAF, type='l', lty=5))
```

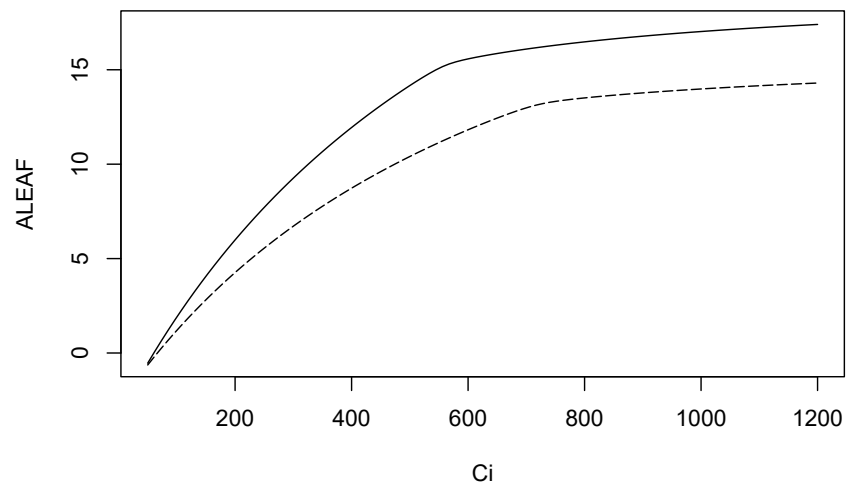


图 6.3: PPFD VS. GS

不同 ci 下的光合速率见 6.3。

```
# 找出 CO2 需求和供给的交叉点
# 设定部分参数
gs <- 0.2 # 对水的气孔导度
Ca <- 400 # 外部 CO2
gctogw <- 1.57 # 转换系数
gc <- gs / gctogw # 对 CO2 的气孔导度
# 需求曲线
p <- Aci(seq(60,500,length=101), Ca=400)
```

```

# 提供气孔导度及交叉点
g <- Photosyn(GS=gs, Ca=Ca)
# 交叉点可视化
par(yaxs="i")
with(p, plot(Ci, ALEAF, type='l',
             ylim=c(0,max(ALEAF))))
with(g, points(Ci, ALEAF, pch=19, col="red"))
abline(gc * Ca, -gc, lty=5)
legend("topleft", c(expression(
  "Demand: ~A==f(C[i]),
  expression("Supply: ~A==g[c]*(C[a]-C[i]),
              "Operating point"),
  lty=c(1,5,-1),pch=c(-1,-1,19),
  col=c("black","black","red"),
  bty='n', cex=0.9)

```

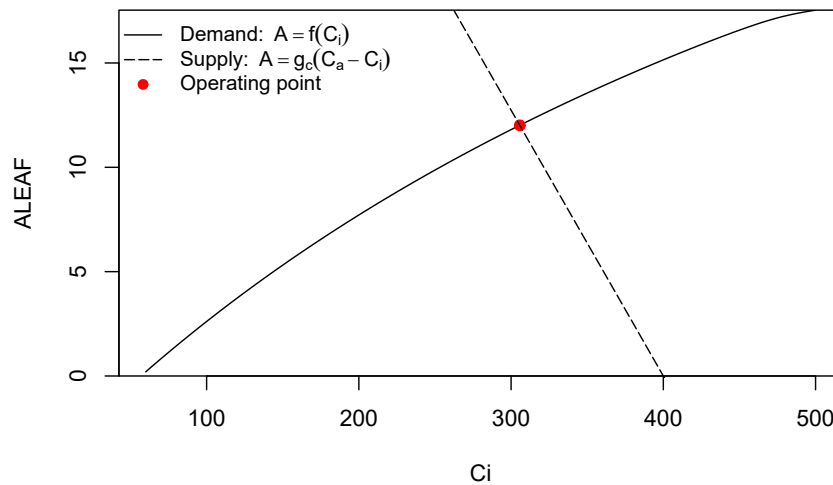


图 6.4: supply VS. demand

需求与供给的作图 6.4。

6.2 PhotosynEB 函数

使用同 Photosyn, 只不过使用能量平衡法来计算叶温。目前版本尚存在 bug, 不能直接提供 GS 来计算, 否则会出现未知错误。

6.3 PhotosynTuzet 函数

同样为光合气孔导度耦合模型, 只不过基于 Tuzet et al. (2003) 的气孔导度模型, 现将其描述如下:

$$g_{co2} = g_0 + \frac{aA}{C_i - \Gamma} f_{\Psi_v} \quad (6.5)$$

其中 g_{co2} 为对 CO_2 的气孔导度, g_0 是残余导度 (residual conductance) (在补偿点时限制 g_{CO_2} 的值), A 为光合速率, C_i 为胞间二氧化碳浓度, Γ 为 CO_2 补偿点, a 是经验系数。

一个根据经验的逻辑方程用于描述气孔对水势的敏感性:

$$f_{\Psi_v} = \frac{1 + \exp(s_f \Psi_f)}{1 + \exp(s_f (\Psi_f - \Psi_v))} \quad (6.6)$$

Ψ_v 是指叶片水势, Ψ_f 是参比势能, 该方程假设在水势接近于 0 时, 气孔对叶片水势不敏感, 并且气孔随着 Ψ_v 的下降快速关闭。 Ψ_f 和 s_f (曲线形状参数) 依赖于不同物种的形态学适应以及生长过程中所处的环境。

6.3.1 PhotosynTuzet 的参数

除 Tuzet et al. (2003) 模型中使用的参数外, 其他参数都继承了 Photosyn 的参数

```
PhotosynTuzet(g1 = 8, Ca = 400, psis = 0,  
              kl = 2, sf = 3, psif = -2,  
              ...)
```

- g1: 斜率参数, 要远比 fitBB 中的大。
- Ca: 外界大气 CO₂ 浓度
- psis, 土壤水势 (Mpa)。
- kl: Leaf-specific hydraulic conductance (叶片导水参数 ($\text{mmol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1} \cdot \text{MPa}^{-1}$), 叶片蒸腾量、叶片面积及叶片水势计算)。
- sf: 曲线形状参数。
- 在气孔导度为最大值 50% 时的叶片水势。

7

*RH*to*VPD* 函数

该函数为一系列的工具，用于温度、湿度不同单位之间的换算 [Jones \(1993\)](#)：

```
# RH 转为 VPD
RHtoVPD(RH, TdegC, Pa = 101)

# VPD 转为 RH
VPDtoRH(VPD, TdegC, Pa = 101)

# 饱和水气压计算
esat(TdegC, Pa = 101)

# 露点温度转换为 VPD
DewtoVPD(Tdew, TdegC, Pa = 101)

# 基于叶温的 VPD 转换为基于空气温度的 VPD
VPDleafToAir(VPD, Tleaf, Tair, Pa = 101)

# 基于空气温度的 VPD 转换为基于叶温的 VPD
VPDairToLeaf(VPD, Tair, Tleaf, Pa = 101)

# 基于叶温的相对湿度转换为基于空气温度的相对湿度
RHleafToAir(RH, Tleaf, Tair, Pa = 101)
```

```
# 基于空气温度的相对湿度转换为基于叶温的相对湿度  
RHairToLeaf(RH, Tair, Tleaf, Pa = 101)
```

注意事项及单位：

部分参数的转换需要准确的大气压用于计算，因此，有大气压选项的参数必须填入实际值。

RH: 相对湿度 (%)。

TdegC: 温度 (°C) (叶片或温度)。

Pa: 大气压 (kPa)

VPD: 水气压亏缺 (kPa)。

Tdew: 露点温度 (°C)。

Tleaf: 叶温 (°C)。

Tair: 空气温度 (°C)。

8

光响应曲线的拟合

光响应曲线模型有很多，主要分为四大类，直角双曲线，非直角双曲线，指数以及直角双曲线修正模型，我们分别对这四类进行阐述。

8.1 直角双曲线模型

Baly (1935) 提出了直角双曲线模型，它的表达式为：

$$P_n = \frac{\alpha I P_{nmax}}{\alpha I + P_{nmax}} - R_d \quad (8.1)$$

- 其中， P_n 为净光合速率；
- I 为光强；
- α 为光响应曲线在光强为 0 时的斜率，即光响应曲线的初始斜率，也称之为初始量子效率；
- P_{nmax} 为最大净光合速率；
- R_d 为暗呼吸速率。

对 (8.1) 求导可知其导数大于 0，也就是直角双曲线是一个没有极值的渐近线，因此，无法由 (8.1) 求得最大光合速率的饱和光强¹。

因此就需要使用弱光条件下 ($\leq 200 \mu mol \cdot m^{-2} \cdot s^{-1}$) 的数据得到表观量子

¹直角双曲线和非直角双曲线模型类似，如果测量时饱和光强之后光合速率不下降，则计算的 P_{nmax} 则远大于实测值。

效率 (apparent quantum efficiency, AQE), 利用非线性最小二乘法估算 P_{nmax} , 然后利用 ZiPiao (2010) 的式 (8.2) 求解 I_{sat} ,

$$P_{nmax} = AQE \times I_{sat} - R_d \quad (8.2)$$

但此方法测得的光饱和点远小于实测值, 我们采用 $0.7P_{nmax}$ Zhang et al. (2009)、 $0.9P_{nmax}$ Huang et al. (2009)、或其他设定的值来的来估算 I_{sat} 。

8.1.1 直角双曲线模型的实现

若没有安装 `minpack.lm`, 则需要首先:

```
install.packages("minpack.lm")
```

具体实现过程如下:

```
# 调用非线性拟合包 minpack.lm, 也可以直接使用 nls
library(minpack.lm)
# 读取数据, 同 fitaci 数据格式
lrc <- read.csv("../data/lrc.csv")
lrc <- subset(lrc, Obs > 0)

# 光响应曲线没有太多参数,
# 直接调出相应的光强和光合速率
# 方便后面调用
lrc_Q <- lrc$PARi
lrc_A <- lrc$Photo

# 采用非线性拟合进行数据的拟合
lrcnls <- nlsLM(lrc_A ~ (alpha * lrc_Q * Am) *
               (1/(alpha * lrc_Q + Am)) - Rd,
```

```

        start=list(Am=(max(lrc_A)-min(lrc_A)),
        alpha=0.05,Rd=-min(lrc_A))
    )
    fitlrc_rec <- summary(lrcnls)

    # 补偿点时净光合速率为 0,
    # 据此利用 uniroot 求解方程的根
    Ic <- function(Ic){(fitlrc_rec$coef[2,1] * Ic *
        fitlrc_rec$coef[1,1]) * (1/(fitlrc_rec$coef[2,1] *
        Ic + fitlrc_rec$coef[1,1])) - fitlrc_rec$coef[3,1]
    }

    uniroot(Ic, c(0,50))$root

```

```
## [1] 3.650053
```

```

    # 根据饱和点定义, 0.75 最大光合速率为饱和点,
    # 也可以是其他比例
    # 据此利用 uniroot 求解方程的根

    Isat <- function(Isat){(fitlrc_rec$coef[2,1] *
        Isat * fitlrc_rec$coef[1,1]) *
        (1/(fitlrc_rec$coef[2,1] * Isat +
        fitlrc_rec$coef[1,1])) - fitlrc_rec$coef[3,1] -
        0.75 * fitlrc_rec$coef[1,1]
    }

    # 求值区间根据具体实验确定

    uniroot(Isat, c(0,2500))$root

```

```
## [1] 700.0946
```

```

# 使用 ggplot2 进行作图并拟合曲线
library(ggplot2)

light <- data.frame(lrc_Q = lrc$PARi, lrc_A = lrc$Photo)

p <- ggplot(light, aes(x = lrc_Q, y = lrc_A))

p1 <- p + geom_point(shape = 16, size = 3, color = "green") +
  geom_smooth(method="nls", formula = y ~ (alpha * x * Am) *
    (1/(alpha * x + Am)) - Rd, se = FALSE,
    method.args =
      list(start = c(Am=(max(lrc_A)-min(lrc_A)),
        alpha=0.05,Rd=-min(lrc_A)),
        aes(x =lrc_Q, y = lrc_A, color='blue', size = 1.2))
  ) +
  labs(y=expression(paste("photosynthetic rate ",
    "(", mu, mol%.%m^-2%.%s^-1, ")")),
    x=expression(paste("PAR ",
    "(", mu, mol%.%m^-2%.%s^-1, ")")))

# 自定义坐标轴
p1 + scale_x_continuous(breaks = seq(0, 2100, by = 200)) +
  scale_y_continuous(breaks= round(light$lrc_A)) +
  theme(axis.text.x = element_text(
    size = 10, angle=30, vjust=0.5),
    axis.text.y = element_text(size = 10),
    axis.title.x = element_text(size = 12, face = 'bold'),
    axis.title.y = element_text(size = 12, face = 'bold')
  )

```

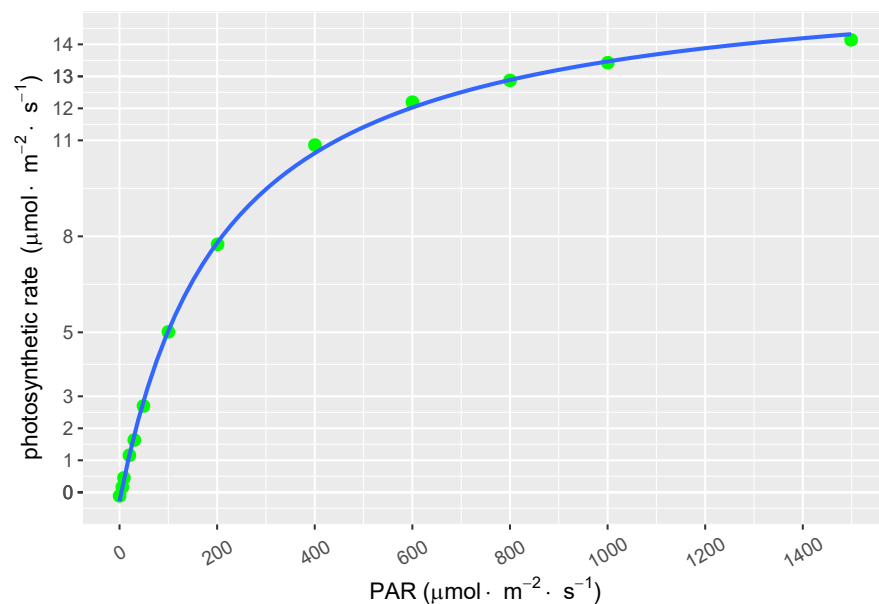


图 8.1: 直角双曲线模型拟合

代码目的见注释，其实现过程主要分三步：

- 数据的导入，这与之前相同，具体格式方法参考前文 ??。
- 光响应曲线的拟合，使用到了非线性模型 `nlsLM`，也可以使用 `nls`，具体实现方法请查看参考文档。
- 求饱和点和补偿点，补偿点的计算根据其定义，净光合速率为 0，求解模型在一定区间的根来计算，而饱和点则较为麻烦，若使用式 (8.2) 计算，那么饱和点远远低于我们实际需求的，因此，我们使用了 $0.75P_{nmax}$ 来计算，求得目标区间的根。当然也可以采用其他比例来作为饱和点光合速率。

最终的数据拟结果如图 8.1 所示，拟合的参数及结果见表 8.1。

表 8.1: 直角双曲线计算参数

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
Am	16.6721752	0.1522849	109.480151	0.0000000
alpha	0.0783312	0.0026774	29.256870	0.0000000
Rd	0.2810926	0.0789338	3.561117	0.0051716

8.2 非直角双曲线模型

Thornley (1976) 提出了非直角双曲线模型，它的表达式为：

$$P_n = \frac{\alpha I + P_{nmax} \sqrt{(\alpha I + P_{nmax})^2 - 4\theta \alpha I P_{nmax}}}{2\theta} - R_d \quad (8.3)$$

其中， θ 为表示曲线弯曲程度的曲角参数，取值为 $0 \leq \theta \leq 1$ 。其他参数意义同式 (8.1)。同样如同直角双曲线模型，式仍然没有极值，无法求得 I_{sat} ，可以仍然参考直角双曲线模型的方式进行计算。

8.2.1 非直角双曲线模型的实现

```
library(minpack.lm)

# 读取数据，同 fitaci 数据格式
lrc <- read.csv("./data/lrc.csv")
lrc <- subset(lrc, Obs > 0)

# 光响应曲线没有太多参数，
# 直接调出相应的光强和光合速率
# 方便后面调用
lrc_Q <- lrc$PARi
lrc_A <- lrc$Photo

# 非直角双曲线模型的拟合
lrcnls <- nlsLM(lrc_A ~
                (1/(2*theta))*
                (alpha*lrc_Q+Am-sqrt((alpha*lrc_Q+Am)^2 -
                4*alpha*theta*Am*lrc_Q))- Rd,
```

```

        start=list(Am=(max(lrc_A)-min(lrc_A)),
        alpha=0.05,Rd=-min(lrc_A),theta=1))

fitlrc_nrec <- summary(lrcnls)

# 光补偿点
Ic <- function(Ic){
  (1/(2 * fitlrc_nrec$coef[4,1])) *
  (fitlrc_nrec$coef[2,1] * Ic + fitlrc_nrec$coef[1,1] -
  sqrt((fitlrc_nrec$coef[2,1] * Ic + fitlrc_nrec$coef[1,1]
  )^2 - 4 * fitlrc_nrec$coef[2,1] *
  fitlrc_nrec$coef[4,1] * fitlrc_nrec$coef[1,1] * Ic)) -
  fitlrc_nrec$coef[3,1]
}

uniroot(Ic, c(0,50))$root

```

```
## [1] 2.234292
```

```

# 光饱和点
Isat <- function(Isat){
  (1/(2 * fitlrc_nrec$coef[4,1])) * (fitlrc_nrec$coef[2,1] *
  Isat + fitlrc_nrec$coef[1,1] - sqrt(
  (fitlrc_nrec$coef[2,1] * Isat +fitlrc_nrec$coef[1,1])^2 -
  4*fitlrc_nrec$coef[2,1] * fitlrc_nrec$coef[4,1] *
  fitlrc_nrec$coef[1,1] * Isat)) -
  fitlrc_nrec$coef[3,1] - (0.9*fitlrc_nrec$coef[1,1])}

uniroot(Isat, c(0,2000))$root

```

```
## [1] 1596.286
```

```

# 使用 ggplot2 进行作图并拟合曲线
library(ggplot2)
light <- data.frame(lrc_Q = lrc$PARi, lrc_A = lrc$Photo)

p <- ggplot(light, aes(x = lrc_Q, y = lrc_A))

p1 <- p + geom_point(shape = 16, size = 3, color = "green") +
  geom_smooth(method="nls", formula = y ~
    (1/(2*theta))*(alpha*x+Am-sqrt((alpha*x+Am)^2 -
    4*alpha*theta*Am*x))- Rd, se = FALSE,
    method.args = list(start = c(Am=(max(lrc_A)-min(lrc_A)),
    alpha=0.05, Rd=-min(lrc_A), theta=1),
    aes(x =lrc_Q, y = lrc_A, color='blue', size = 1.2))
  ) +
  labs(y=expression(paste("photosynthetic rate ",
    "(", mu, mol%.%m^-2%.%s^-1, ")")),
    x=expression(paste("PAR ",
    "(", mu, mol%.%m^-2%.%s^-1, ")")))

# 自定义坐标轴
p1 + scale_x_continuous(breaks = seq(0, 2100, by = 200)) +
  scale_y_continuous(breaks= round(light$lrc_A)) +
  theme(axis.text.x = element_text(
    size = 10, angle=30, vjust=0.5),
    axis.text.y = element_text(size = 10),
    axis.title.x = element_text(size = 12, face = 'bold'),
    axis.title.y = element_text(size = 12, face = 'bold')
  )

```

最终的数据拟结果如图 8.2 所示，拟合的参数及结果见表 8.2。单纯从作图来看，本例数据使用非直角双曲线与散点图重合程度更高。

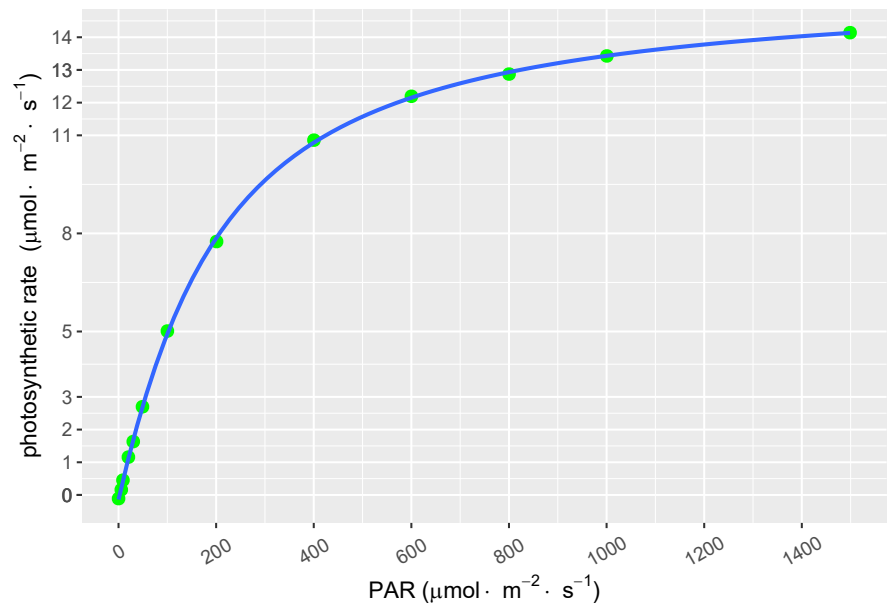


图 8.2: 非直角双曲线模型拟合

表 8.2: 非直角双曲线计算参数

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
Am	15.8017296	0.1513064	104.435285	0.0000000
alpha	0.0658067	0.0020216	32.551422	0.0000000
Rd	0.1461717	0.0420800	3.473659	0.0070082
theta	0.3700908	0.0493403	7.500783	0.0000369

8.3 指数模型

光合指数模型较多，我们此处使用的指数函数的模型 [Prado and Moraes \(1997\)](#)，其表达式为：

$$P_n = P_{nmax}[1 - e^{-b(I-I_c)}] \quad (8.4)$$

其中， I_c 为光补偿点， e 为自然对数的底， b 为常数，其他参数意义同 (8.4)。同样，该方程仍然是没有极值的函数，但我们可以直接求得光补偿点。

8.3.1 指数模型的实现

```
library(minpack.lm)

# 读取数据，同 fitaci 数据格式
lrc <- read.csv("../data/lrc.csv")
lrc <- subset(lrc, Obs > 0)

# 光响应曲线没有太多参数，
# 直接调出相应的光强和光合速率
# 方便后面调用
lrc_Q <- lrc$PARi
lrc_A <- lrc$Photo

# 模型的拟合
lrcnls <- nlsLM(lrc_A ~ Am*(1-exp((-b)*(lrc_Q-Ic))),
               start=list(Am=(max(lrc_A)-min(lrc_A)),
                           Ic=5, b=1)
               )
fitlrc_exp <- summary(lrcnls)
```

```
# 光饱和点
Isat <- function(Isat){fitlrc_exp$coef[1,1]*
  (1-exp((-fitlrc_exp$coef[3,1])*(Isat-
    fitlrc_exp$coef[2,1]))) - 0.9*fitlrc_exp$coef[1,1]}

uniroot(Isat, c(0,2000))$root
```

```
## [1] 558.6038
```

```
## 拟合图形
library(ggplot2)
light <- data.frame(lrc_Q = lrc$PARi, lrc_A = lrc$Photo)

p <- ggplot(light, aes(x = lrc_Q, y = lrc_A))

p1 <- p +
  geom_point(shape = 16, size = 3, color = "green") +
  geom_smooth(method="nls", formula =
    y ~ Am*(1-exp((-b)*(x -Ic))),
    se = FALSE, method.args = list(
      start = c(Am=(max(lrc_A)-min(lrc_A)),
        Ic=5, b=0.002), aes(x =lrc_Q, y = lrc_A,
          color='blue', size = 1.2))
    ) +
  labs(y=expression(paste("photosynthetic rate ",
    "(", mu, mol%.%m^-2%.%s^-1, ")")),
    x=expression(paste("PAR ",
    "(", mu, mol%.%m^-2%.%s^-1, ")"))))
```

```
# 自定义坐标轴
p1 + scale_x_continuous(breaks = seq(0, 2100, by = 200)) +
  scale_y_continuous(breaks = round(light$lrc_A)) +
  theme(axis.text.x = element_text(
    size = 10, angle=30, vjust=0.5),
    axis.text.y = element_text(size = 10),
    axis.title.x = element_text(size = 12, face = 'bold'),
    axis.title.y = element_text(size = 12, face = 'bold')
  )
)
```

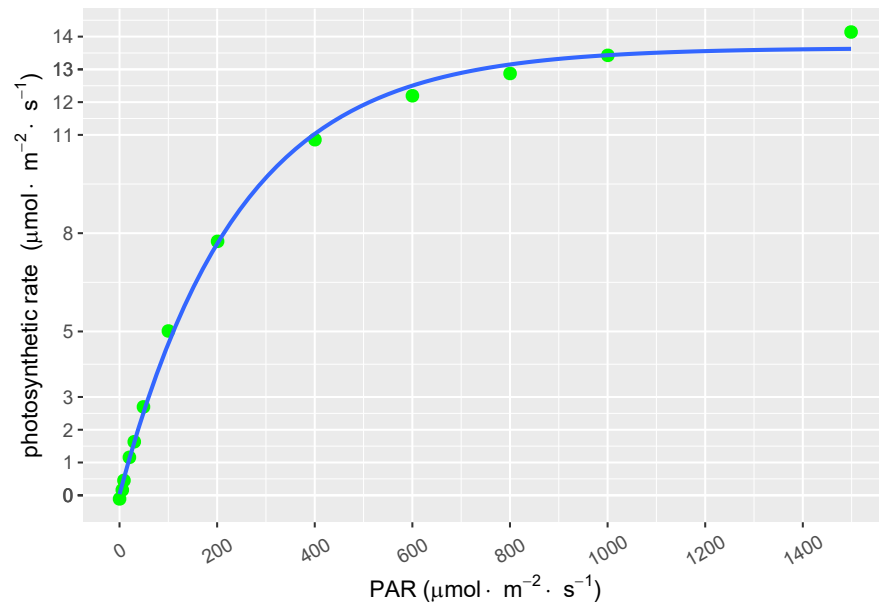


图 8.3: 指数模型拟合

最终的数据拟结果如图 8.3 所示，拟合的参数及结果见表 8.3。

表 8.3: 指数模型计算参数

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
Am	13.6547568	0.1723363	79.233185	0.0000000
Ic	-0.5133438	2.3370250	-0.219657	0.8305573
b	0.0041183	0.0002012	20.467032	0.0000000

8.4 直角双曲线的修正模型

ZiPiao (2010) 直角双曲线修正模型的表达式如式 (8.5) 所示:

$$P_n = \alpha \frac{1 - \beta I}{1 + \gamma I} I - R_d \quad (8.5)$$

其中, β 和 γ 为系数, β 光抑制项, γ 光饱和项, 单位为 $m^2 \cdot s \cdot \mu mol^{-1}$, 其他参数与上文相同, 因为该式 (8.5) 存在极值, 因此, 必然存在饱和光强和最大净光合速率, 分别用式 (8.6) 和式 (8.7) 求得。

$$I_{sat} = \frac{\sqrt{\frac{(\beta + \gamma)}{\beta}} - 1}{\gamma} \quad (8.6)$$

$$P_{nmax} = \alpha \left(\frac{\sqrt{\beta + \gamma} - \sqrt{\beta}}{\gamma} \right)^2 - R_d \quad (8.7)$$

该模型的优点为拟合结果中光饱和点和最大净光合速率均接近实测值, 还可以拟合饱和光强之后光合速率随光强下降段的曲线。

8.4.1 直角双曲线修正模型的实现

```
library(minpack.lm)

# 读取数据, 同 fitaci 数据格式
lrc <- read.csv("../data/lrc.csv")
lrc <- subset(lrc, Obs > 0)

# 光响应曲线没有太多参数,
# 直接调出相应的光强和光合速率
# 方便后面调用
```

```

lrc_Q <- lrc$PARi
lrc_A <- lrc$Photo

# 模型的拟合
lrcnls <- nlsLM(lrc_A ~ alpha * ((1 -
    beta*lrc_Q)/(1 + gamma * lrc_Q)) * lrc_Q - Rd,
    start=list(alpha = 0.07, beta = 0.00005,
    gamma=0.004, Rd = 0.2)
)
fitlrc_mrec <- summary(lrcnls)

# 饱和点计算
Isat <- sqrt((fitlrc_mrec$coef[2,1] + fitlrc_mrec$coef[3,1])/
    fitlrc_mrec$coef[2,1]-1)/fitlrc_mrec$coef[3,1]

# 补偿点计算
Ic <- (fitlrc_mrec$coef[1,1] - fitlrc_mrec$coef[4,1])/
    (fitlrc_mrec$coef[3,1]*fitlrc_mrec$coef[4,1]+
    fitlrc_mrec$coef[1,1]*fitlrc_mrec$coef[2,1])

## 拟合图形
library(ggplot2)
light <- data.frame(lrc_Q = lrc$PARi, lrc_A = lrc$Photo)

p <- ggplot(light, aes(x = lrc_Q, y = lrc_A))

p1 <- p +
    geom_point(shape = 16, size = 3, color = "green") +
    geom_smooth(method="nls", formula =
    y ~ alpha * ((1 -
        beta*x)/(1 + gamma * x)) * x - Rd,
    se = FALSE, method.args = list(
    start = c(alpha = 0.07, beta = 0.00005,

```

表 8.4: 直角双曲线修正模型计算参数

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
alpha	0.0730858	0.0021209	34.460183	0.0000000
beta	0.0000501	0.0000133	3.776115	0.0043751
gamma	0.0040622	0.0001955	20.773916	0.0000000
Rd	0.2156186	0.0543505	3.967190	0.0032685

```

        gamma=0.004, Rd = 0.2),
aes(x =lrc_Q, y = lrc_A,
color='blue', size = 1.2))
) +
labs(y=expression(paste("photosynthetic rate ",
      "(", mu, mol%.%m^-2%.%s^-1, ")")),
x=expression(paste("PAR ",
      "(", mu, mol%.%m^-2%.%s^-1, ")")))

# 自定义坐标轴
p1 + scale_x_continuous(breaks = seq(0, 2100, by = 200)) +
scale_y_continuous(breaks= round(light$lrc_A)) +
theme(axis.text.x = element_text(
size = 10, angle=30, vjust=0.5),
axis.text.y = element_text(size = 10),
axis.title.x = element_text(size = 12, face = 'bold'),
axis.title.y = element_text(size = 12, face = 'bold')
)

```

尽管修正模型可以方便的计算饱和点和补偿点,但如同 Lobo et al. (2013) 所

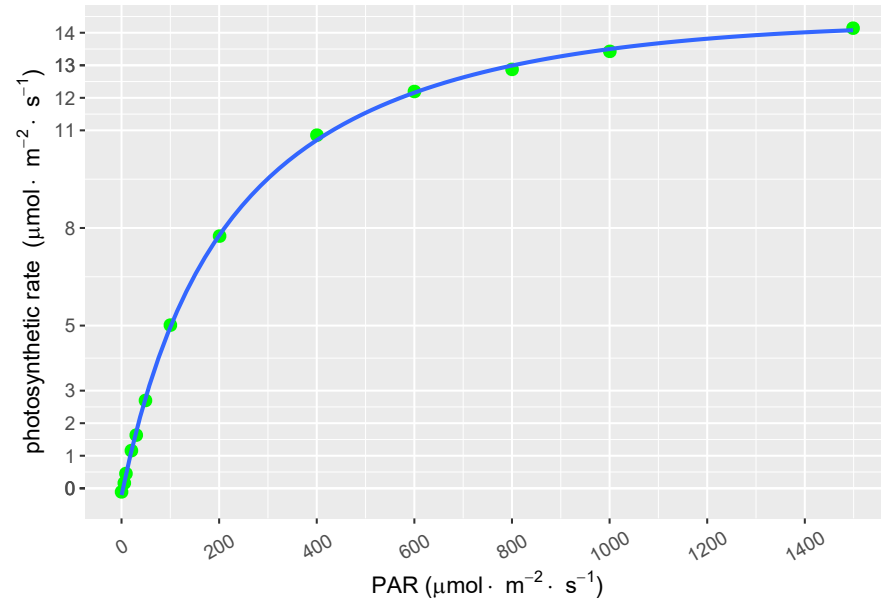


图 8.4: 直角双曲线修正模型拟合

指出，双曲线模型对其结果的计算常有超出生态学意义范围的值²，因此对模型的选择不能一概而论，需根据实际情况而选择。

²例如本例的数据结果

9

关于非线性拟合的初始值

在解释初始值之前我们首先需要了解一个数学上的概念——迭代，

“迭代法”也称“辗转法”是一种不断用变量的旧值递推新值的过程。

用通俗但不是特别严谨的说法可解释为：每次执行这种算法是，程序都会从原值（也就是我抄的上面迭代法定义的旧值）推出一个新值。

之所以先介绍这个迭代，原因很简单，非线性拟合就是通过迭代的方法，需要对每一个变量最初的估计值进行不断的迭代，得到一个向一个点收缩或汇聚的值，这个估计值必须在实际值的一定范围内，程序通过不断调整这个值来改善拟合结果。这就解释了上面的问题，初始值是让程序开始运行的前提，不然没法迭代，必须设定。我下面的内容将以 LI-6800 的光响应曲线的测试数据，使用非直角双曲线模型进行拟合来讲解具体的 R 中的一些实现方法，我们首先导入数据，然后再利用这些数据逐个举例不同的确定初始值的方式。

```
nls <- read.csv("data/nlstest.csv")
```

```
# 光响应曲线比较简单，我们将需要的数据直接提取，方便后面操作
```

```
lrc_Q <- nls$Qin
lrc_A <- nls$A
```

9.1 nlsLM 解决方案

nlsLM 来自于 [Elzhov et al. \(2016\)](#) 的 `minpack.lm`, 利用 C 语言的 MINPACK 库, 修改了 Levenberg-Marquardt 算法, 在实际操作中, 很多时候并不准确的输入初始值, 他也能得出比较好的拟合结果。但结果未必完美, 出现下面让人烦恼的报错:

```
singular gradient matrix at initial parameter estimates
```

的概率会大大降低, 而且尽管结果不如意, 我们也可以利用他的结果缩小初始值的范围, 继续尝试其他初始值。

例如下面的例子中, 非直角双曲线的 `Rd` 的初始值我们可以利用暗呼吸的实测值大致估计, 同理最大光合速率也是如此, 剩下的分别为非直角双曲线速率, 我们暂定为 1, `alpha` 也暂定为 0.1, 使用 `nlsLM` 进行拟合, 结果如下:

```
library(minpack.lm)

lrcnls_lm <- nlsLM(lrc_A ~ (1/(2*theta))*
  (alpha*lrc_Q+Am-sqrt((alpha*lrc_Q+Am)^2 -
  4*alpha*theta*Am*lrc_Q))-
  Rd, start=list(Am=(max(lrc_A)-min(lrc_A)),
  alpha=0.1,Rd=-min(lrc_A),theta=0.8))
```

结果没有报错，看上去没有问题，那我们观察一下具体的拟合结果：

```
summary(lrcnls_lm)
```

```
##
## Formula: lrc_A ~ (1/(2 * theta)) * (alpha * lrc_Q + Am - sqrt((alpha *
##      lrc_Q + Am)^2 - 4 * alpha * theta * Am * lrc_Q)) - Rd
##
## Parameters:
##      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## Am      12.307570   0.406739  30.259 2.30e-10 ***
## alpha   0.045706   0.003423  13.352 3.09e-07 ***
## Rd       0.656638   0.132646   4.950 0.000791 ***
## theta   0.707522   0.079738   8.873 9.59e-06 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.1852 on 9 degrees of freedom
##
## Number of iterations to convergence: 8
## Achieved convergence tolerance: 1.49e-08
```

结果看上去还可以¹。

9.2 作图比对法

模型很多参数可以用已有数据去估计，我们可以只来分析难以判断的参数，流程如下：

¹ 有些时候结果并不理想，该方法并不是万无一失

- R_d 、 A_m 等我们可以利用测量值来确定一个范围。
- 剩余的参数，我们也可以根据经验或文献来有一个大致的判断。
- 然后我们根据数学的方式来判断哪个参数对曲线形状影响最大（例如在分母上的参数，或者是乘以该参数，该参数可以显著改变计算结果，例如整体乘以或除以 0.1 还是 0.01，像 R_d 之类的参数本身就很很小，多数公式中都是减去该值，对结果影响很小，我们通常直接使用实测值）。
- 将该参数取一系列值带入模型来求解净光合速率。
- 将计算的 A 值与光强进行作图，看我们计算的曲线与测量数据点的重合程度，必要时在修改其他参数，使曲线和散点重合度最好，重合程度最高的参数值即为我们需要的初始值。

9.2.1 实现过程

```
# 我们选择的模型，将其写为一个函数，用于计算净光合速率
expfct <- function(x, Am, alpha, Rd, theta) {
  (1/(2 * theta)) * (alpha * x + Am -
    sqrt((alpha * x + Am)^2 - 4 * alpha * theta * Am * x)) - Rd
}

# 我们的数据
test <- data.frame(x = lrc_Q, y = lrc_A)
```

```
# 先做实测数据的散点图
plot(y ~ x, data = test)

# 利用上面的函数，假定 alpha 的值为 0.8，看计算值与测量值重合程度
curve(expfct(x, Am = (max(lrc_A)-min(lrc_A)),
  alpha=0.8, Rd=-min(lrc_A), theta=0.8), add = TRUE
)
```

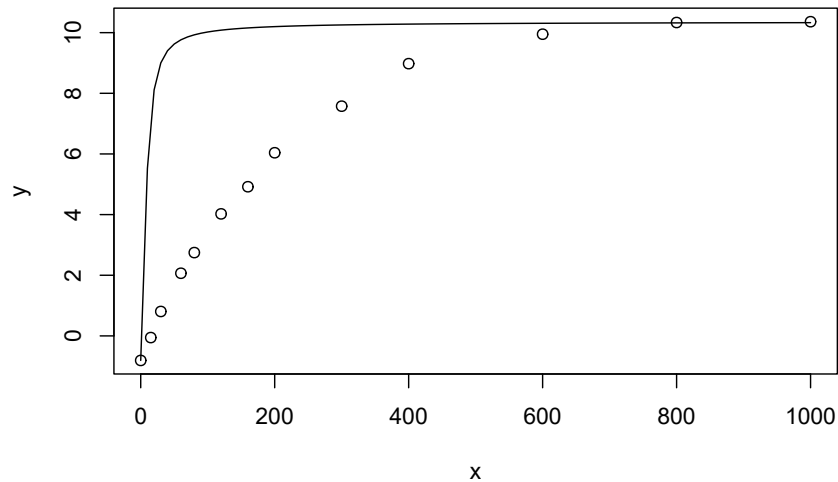
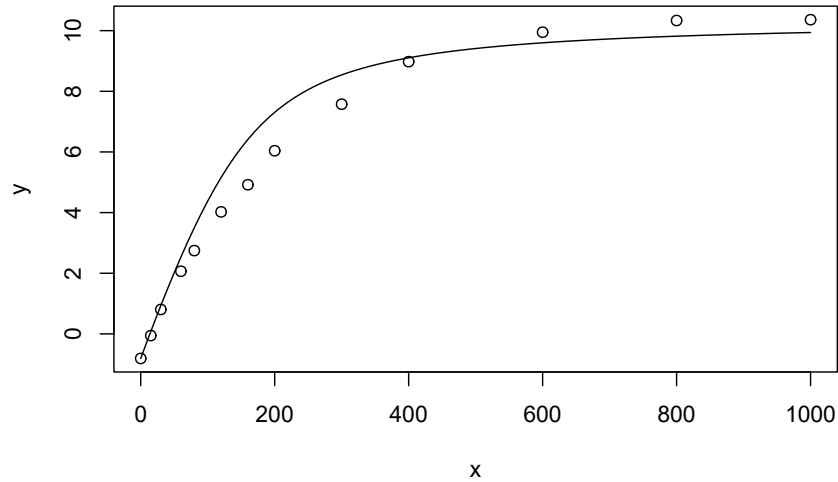



图 9.1: 初步判断 alpha 的初始值

观察上图 9.1 的结果可以看到，曲线在 0-600 的范围内，拟合值明显偏大，观察模型的方程式，以及其他起始值的设定方式，我们初步判断 alpha 的值偏大，于是乎我们将其改小观察，观察曲线和测量点的重合仍然不是很好，我们尝试修改 theta 值与 alpha 值（也即曲线高于测量点，则需要减小纵坐标的值，低于测量点，则需要增加该值，该过程省略，我大概设置了五分钟完成），最终得出的结果如下：

```
plot(y ~ x, data = test)
curve(expfct(x, Am = (max(lrc_A)-min(lrc_A)),
              alpha=0.06, Rd=-min(lrc_A), theta=0.82), add = TRUE)
```

图 9.2 尽管看上去效果仍然不满意，但我们可试着进行拟合，看能否得到显著差异的结果：

图 9.2: 初修正后断 α 的初始值

```
lrcnls_manual <- nls(lrc_A ~
  (1/(2*theta))*
  (alpha*lrc_Q+Am-sqrt((alpha*lrc_Q+Am)^2 -
    4*alpha*theta*Am*lrc_Q))-
  Rd, start=list(Am=(max(lrc_A)-min(lrc_A)),
    alpha=0.03,Rd=-min(lrc_A),theta=0.6))
summary(lrcnls_manual)
```

```
##
## Formula: lrc_A ~ (1/(2 * theta)) * (alpha * lrc_Q + Am - sqrt((alpha *
##   lrc_Q + Am)^2 - 4 * alpha * theta * Am * lrc_Q)) - Rd
##
## Parameters:
##      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## Am      12.307585   0.406741  30.259 2.30e-10 ***
```

```
## alpha  0.045706    0.003423   13.352 3.09e-07 ***
## Rd      0.656642    0.132646    4.950 0.000791 ***
## theta   0.707518    0.079739    8.873 9.59e-06 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.1852 on 9 degrees of freedom
##
## Number of iterations to convergence: 7
## Achieved convergence tolerance: 4.601e-06
```

```
# 对拟合之后的结果作图，观察使用我们的估计值，
# 迭代的最终值与元数据的重合程度
plot(y ~ x, data = test, ylim = c(-2, 14))
curve(expfct(x, Am = 12.307586,
               alpha=0.045706, Rd= 0.656643, theta=0.707518), add = TRUE)
```

从 9.3 的呈现以及 F 检验的 p 值来讲，图形已经比较完美了。也就是说尽管我们作图的时候看到重合度并不高，但是非线性拟合本来就是一个迭代的过程，只要我们的数据与真实值相差不大，还是能够得到完美结果的。

9.2.2 直观展示

上面的表述太啰嗦，直接用下面的图形说明一下，其中 α 的取值在此处选择从 0.01 到 0.07，每次增加 0.05，其他值分别为 $A_m = 12.31$, $R_d = 0.66$, $\theta = 0.71$ （此处为展示效果和方便，将这些值直接按照拟合结果设定了，实际差别不大）

```
library(ggplot2)
library(purrr)
```

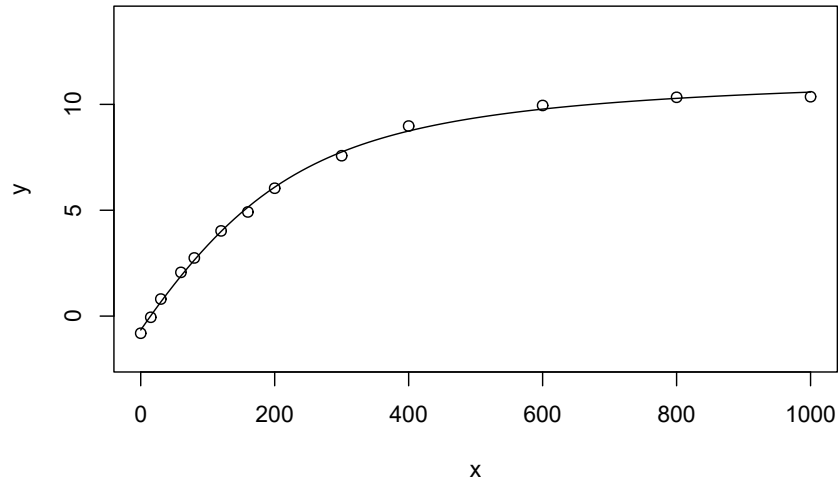


图 9.3: 检验作图法的初始值判断

```
lrc <- read.csv("data/nlstest.csv")

# 光响应曲线比较简单，我们将需要的数据直接提取，方便后面操作
lrc_Q <- lrc$Qin
lrc_A <- lrc$A
n <- length(lrc_A)

alp <- paste0("a=", seq(0.01, 0.07, by = 0.005))
alpn <- rep(alp, each = n)

expfct <- function(x, Am, alpha, Rd, theta) {(1/(2 * theta)) * (alpha * x + Am - sqrt(
})

paras <- data.frame(alpha = rep(seq(0.01, 0.07, by = 0.005), each = n),
```

```

      x = rep(lrc_Q, n), Am = rep(12.31, n), Rd = rep(0.66, n),
      theta = rep(0.71, n))
y = unlist(pmap(paras, expfct))

show <- data.frame(x = rep(lrc_Q, 14),
  y = c(lrc_A, y),
  a = factor(c(rep("measured", n), alpn),
  level = c("measured", alp)
  ))

ggplot(data = show, aes(x, y, group = a, color=a)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(se = FALSE)

```

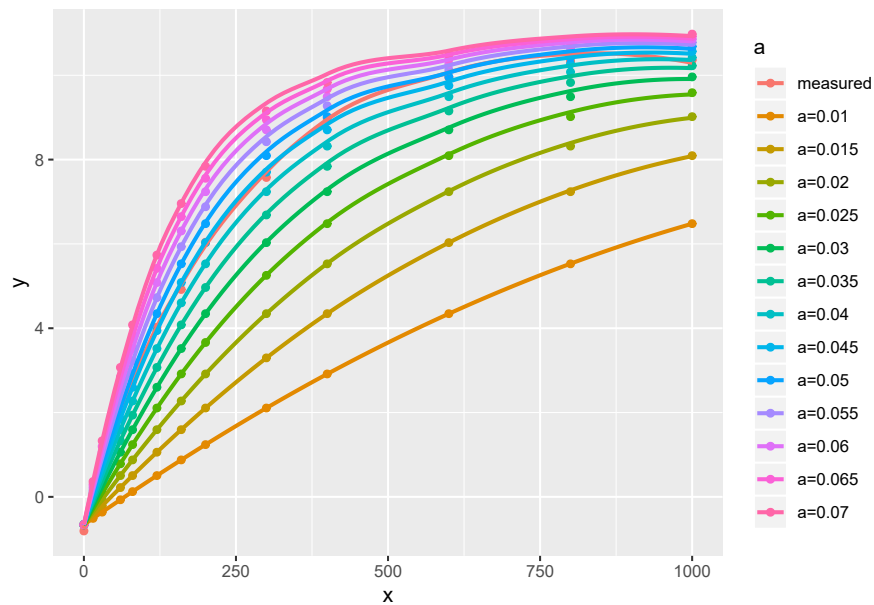


图 9.4: 多个 alpha 取值的差异

从上图 9.4 我们我们可以看到，实测值在 $\alpha = 0.04$ 和 $\alpha = 0.05$ 两条

曲线之间，在 0.045 时最接近测量点，也就是我们把初始值设为 0.04 和 0.05 之间最接近，本例中可认为是 0.045，实际这三个值均可。

9.3 自动多次尝试法

该方法实际为使用 `nls2` 来实现，具体方法参考 [Bouvier and Huet \(1994\)](#) 的文章，可简单概括为使用一系列的起始值梯度（例如下面的代码中，`alpha` 的取值在 0.01 到 0.08 之间），然后软件循序使用不同的起始值，即排列组合所有的起始值序列，最终找到合适的值，具体实现如下：

```
library(nls2)
```

```
## Loading required package: proto
```

```
grid.test <- expand.grid(list(
  Am=c(12),
  alpha = seq(0.01, 0.08, by =0.01),
  Rd = seq(0, 3),
  theta=seq(0.1, 1, by = 0.1)
))

lrcnls2 <- nls2(lrc_A ~
  (1/(2*theta))*
  (alpha*lrc_Q+Am-sqrt((alpha*lrc_Q+Am)^2 -
                        4*alpha*theta*Am*lrc_Q))-
  Rd, start = grid.test, algorithm = "brute-force")
summary(lrcnls2)
```

```
##
## Formula: lrc_A ~ (1/(2 * theta)) * (alpha * lrc_Q + Am - sqrt((alpha *
##      lrc_Q + Am)^2 - 4 * alpha * theta * Am * lrc_Q)) - Rd
##
## Parameters:
##      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## Am      12.000000    0.623023  19.261 1.27e-08 ***
## alpha   0.050000    0.006414   7.795 2.72e-05 ***
## Rd       1.000000    0.260153   3.844 0.00394 **
## theta   0.800000    0.102143   7.832 2.62e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.3663 on 9 degrees of freedom
##
## Number of iterations to convergence: 320
## Achieved convergence tolerance: NA
```

通过结果可以看到，虽然和之前采用手动方法判定的结果比较接近，但是还是略有差异，可以看一下他们各自的结果同测量值的重合程度：

```
plot(lrc_Q, lrc_A)
lines(lrc_Q, predict(lrcnls2), col="red")
lines(lrc_Q, predict(lrcnls_manual), col="blue")
```

图 9.5 可以看到，使用 `nls2` 的拟合结果似乎和测量值更匹配，当然这只是第一印象，后续的判断还要进一步通过 F 检验、AIC、BIC 等统计方式才能判定。

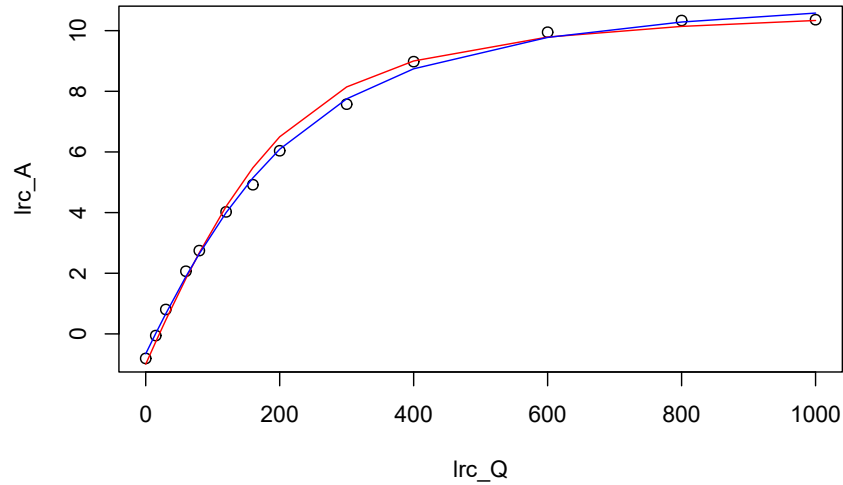


图 9.5: 两种方法结果的对比展示

9.4 小结

采用如上三种方式都可以有效的解决起始值的问题，**nlsLM** 操作上更易实现，对初始值的大小不敏感，但设置不能太离谱，否则仍然会报错。作图比对法操作上更麻烦一些，但是这种方式一定能得出合理的初始值设置。采用 **nls2** 类似于将手动作图方式自动化，类似于 SPSS 中非线性拟合中需要给出一个初始值的范围，且该范围不能过大。如有一定的经验，操作起来将非常迅速。

需要注意的是，这三种方法结合起来使用会更好，例如，即使使用 **nlsLM** 的结果不合理，也可以参考他们参数的范围（部分结果也可能是差异显著），然后将这些结果用于手动作图判定参数或者 **nls2** 中判定参数范围，或者使用作图法确定大致的范围，将该范围输入到 **nls2** 中，这样会节省时间，也更加方便。

10

LI-6800 的数据分析

10.1 数据格式

LI-6800 的数据前处理同 LI-6400 相同，如表 10.1 所示的样式。

表 10.1: 推荐 LI-6800 整理后数据样式

obs	time	elapsed	date	TIME	E
1	1471425750	0.0	20160817 17:22:30	1471425726	0.0007614
2	1471425855	104.5	20160817 17:24:14	1471425829	0.0009221
3	1471426153	403.1	20160817 17:29:13	1471426144	0.0009900
4	1471426244	494.0	20160817 17:30:44	1471426235	0.0010249
5	1471426335	585.1	20160817 17:32:15	1471426326	0.0010632
6	1471426426	676.0	20160817 17:33:46	1471426417	0.0011190

10.2 LI-6800 与 LI-6400 使用时的差别

plantecophys 使用时建立在 LI-6400XT 基础之上的软件包，因此在 LI-6800 代码中，需要改动的是 fitaci、fitacis 及 fitBB 中的 varnames 选项，也就是将 LI-6400XT 的表头改为 LI-6800 的表头。以 fitaci 函数为例：

```
fitaci(aci, varnames =  
  list(ALEAF = "A", Tleaf = "Tleaf", Ci = "Ci",  
        PPFD = "Qin", Rd = "Rd"))
```

10.3 光响应曲线注意事项

光响应曲线的拟合相对简单，仅需要光强和光合速率的值，其中需要修改的部分仅为光强的赋值部分，在文件名一致的前提下，修改如下代码即可：

```
lrc_Q <- lrc$Qin  
lrc_A <- lrc$A
```

10.4 LI-6800 RACiR™ 的测量与拟合

在评估作物性状时， V_{cmax} 及 J_{max} 时非常有用，传统的 A-Ci 曲线测量要求植物叶片要在一定浓度 CO_2 下适应几分钟后完成测量，这样的测量有几个缺点：

- 测量时间长，一条曲线至少需要 20 – 30 min，样本量多，重复多时，这种方法几乎没有可行性。
- 整个测量过程中，时间长，酶的激活状态会有变化，叶绿体会移动，气孔的开度也会发生变化。

而 LI-6800 独有的 auto control 功能在算法上允许用户自定义 CO_2 的起始浓度和种植浓度、变化方式（线性或其他）、所花费的时间，再加上其 IRGAs 极快的响应频率，使得短时间内的 A-Ci 的测量成为现实，即快速 CO_2 响应

曲线 RACiR™ 测量实验，该功能使得 5 min 内测量 A-Ci 曲线成为可能。该方法的实现可参考 [Stinziano et al. \(2017\)](#) 的文章。

[Stinziano et al. \(2018\)](#) 针对 RACiR™ 技术的疑问做了解答并提出了准确测量的建议，概括如下：

- 首先，采用 100 ppm/min 的变化速率是与标准方法重合度最高的测量。
- 其次，明确研究问题，目前已有研究表明 V_{cmax} 与 J_{max} 的计算结果与标准测量方法结果无显著差异。
- 任何条件的改变，都需要做空叶室校准，例如：流速，气体浓度变化方向、温度，斜率等。
- 空叶室校准与叶片测量采用严格的同一次校准，因为 IRGA 的漂移，需要再次匹配时，或者环境条件改变时，需要重新做空叶室校准。是否需要匹配，可通过不加叶片的最初状态查看，此时 A 值应接近为 0，reference 和 sample 气体浓度读数接近相等。
- IRGA 分析器使用 5 次多项式进行校准，推荐使用 1 次到 5 次多项式进行拟合，然后根据 BIC 指数来确定最合适的空叶室校准系数（即非参数拟合的模型选择的问题）。确定最合适的浓度变化范围。通常需要去掉最初和最后 30 s 的数据。
- 最小化校准和测量值之间的水分摩尔分数差异。甚至有可能需要控制 reference 或 sample 的水的摩尔分数而不是 V_{pdleaf} 。通过预实验来确定合适的 CO_2 变化范围和随时间的斜率。

10.5 racir 软件包实现 RACiR™ 数据分析

可能软件包作者没有更改叶面积的需求，他的软件包只支持原始数据的处理，但这对有更改需求的客户来讲没那么友好，而且这样导致了大量代码的重复，我根据作者原来的代码，结合我自己数据分析的习惯，重新制作了一份软件包，下面代码实现是基于我的软件包实现的，如有需求，也可使用作者原来的代码实现

```
devtools::install_github("zhujiedong/racir")  
library(racir)
```

软件包的函数很多，但可以分为下面几类：

- 首先使用 `find_cut` 来查看使用数据的范围（排除野点）。
- 使用 `racircheck` 来检查校正数据（非必须，但建议进行数据质量检查）
- 使用 `racircal` 进行数据的校准

10.5.1 实现过程

手上暂时没有原始数据格式的 `racir` 数据，因而现在使用以前的 `csv` 数据进行操作（空叶室测量数据和带叶片测量数据转为 `csv` 格式）。

首先检查空叶室校准：

```
library(racir)  
# only check the empty chamber data here  
em1 <- read.csv("./data/racirem/em-1.csv")  
le1 <- read.csv("./data/racirle/le-1.csv")  
find_cut(em1)
```

上述代码查看参比室 CO_2 浓度在两者之间的数据，确定后面代码使用的 `mincut`, `maxcut` 范围。此处我选择的范围如下问代码：

```
racircheck(em1, mincut = 21 , maxcut = 463 )
```

没有问题可直接进行校准

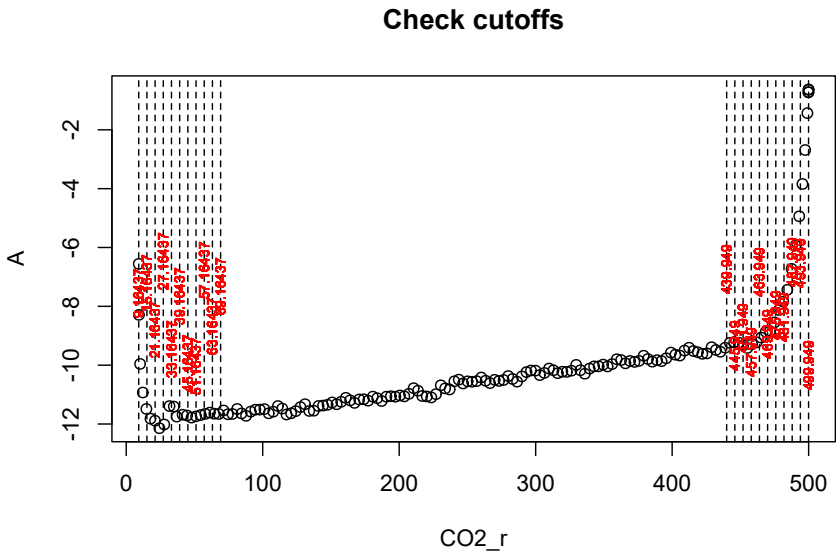


图 10.1: 找出最合理的校准曲线数据范围

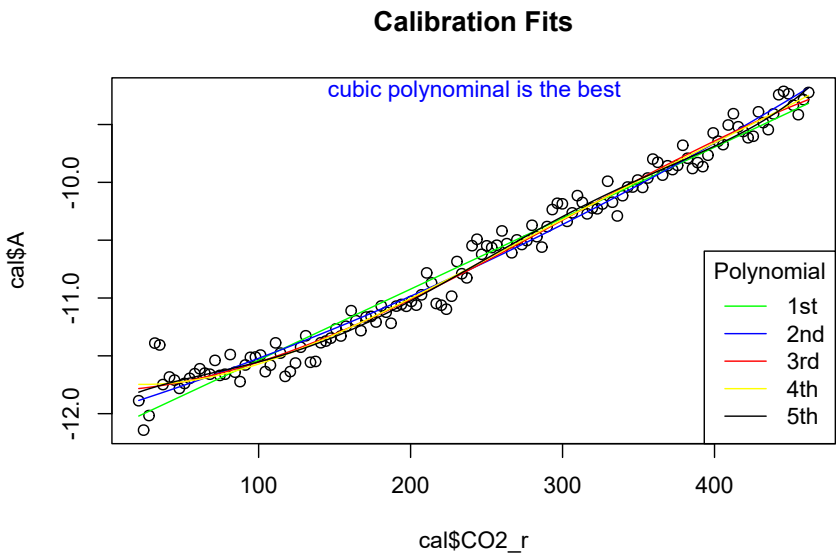
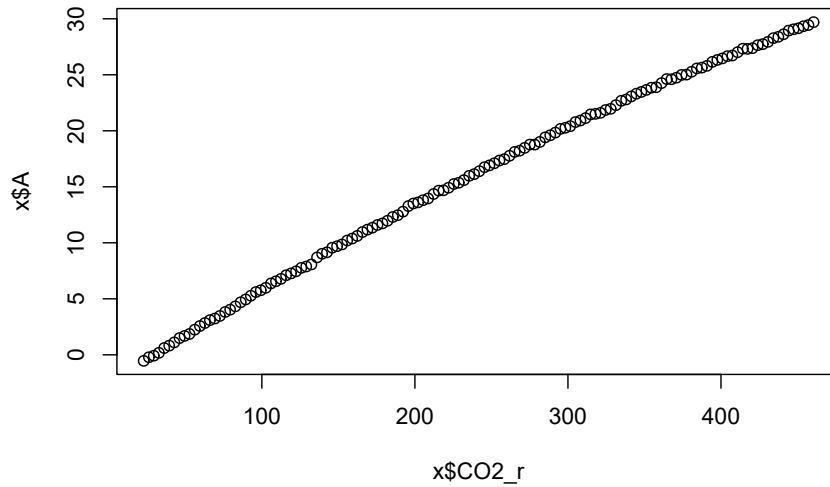


图 10.2: 校准曲线查看

```
x <- racircal(em1, le1, mincut = 21, maxcut = 463)
plot(x$CO2_r, x$A)
```



前两个参数分别为空叶室数据，带叶片测量数据，后面的最大最小值为 `racircal` 确定，剩余工作就是使用 `plantecophys` 进行分析，在此不再重复这个过程。

注意：`RACiR` 的本意是表型研究中求 `Vcmax` 和 `Jmax`，因而，请忽略 `Rd` 等参数的计算结果

10.5.2 数据的批量处理

10.5.2.1 readphoto 导入

如果数据的导入是使用 `readphoto` 批量处理，那么所在数据文件有 `files` 列，作为不同文件数据的区分，那么可以使用向量化处理方式实现数据的分析，参考如下代码：

```
library(readphoto)
# read all empty data set
all_empty <- read_bat_6800("./empty_data")
# read all leaf data set
all_leaf <- read_bat_6800("./leaf_data")
listem <- split(all_empty, files)
listle <- split(all_leaf, files)
cordata <- purrr::map2(listem, listle, racircal, mincut = 21, maxcut = 463)
```

所有的数据均保存在 cordata 中，特别注意 此处要求 listem 与 listle 长度相同，因此，如果一个空叶室对多个带叶片测量数据，请将空叶室测量文件复制几份（注意对应顺序），使其每个带叶片测量的数据文件和空叶室测量数据文件数量相同，并且一一对应，例如 empty-1-1 数据文件对应 leaf-1-1，文件命名前即制定好命名规则，方便后续数据处理。

10.5.2.2 处理大量 csv 文件

```
# suppose leaf and empty data in 2 files in disk D:
le=list.files("d:/racirle/")
em=list.files("d:/racirem/")

# construct the path of these csv files
pathle = paste0("d:/racirle/", le)
pathem = paste0("d:/racirem/", em)

# import all leaf data and empty data separately
xx <- lapply(pathle, read.csv)
yy <- lapply(pathem, read.csv)

# correct all the data
all_correc <- purrr::map2(yy, xx, racircal, mincut = 21, maxcut=463)
```

```
# export all data to csv files, these file have the same name with leaf data
dirc <- dir.create("d:/data/")
filename <- "d:/data/"
filename <- paste0(filename, le)
purrr::walk2(all_correc, filename, write.csv)
```

以上代码仅供参考，主要是实现批量导入并校正，在批量将校正后数据导出为 csv 文件，为方便，将导出的文件名字命名为同原来带叶片测量数据相同的文件名，。

10.6 批量计算 V_{cmax} 和 J_{max}

```
#use csv data above
csvdata <- lapply(all_correc, plantecophys::fitaci,
  varnames = list(ALEAF = "A", Tleaf = "Tleaf",
    Ci = "Ci", PPFD= "Q", Rd = "Rd"), fitmethod ="bilinear")

# use readphoto data above
photodata <- lapply(cordata, plantecophys::fitaci,
  varnames = list(ALEAF = "A", Tleaf = "Tleaf",
    Ci = "Ci", PPFD= "Q", Rd = "Rd"), fitmethod ="bilinear")
```

批量分析同样使用向量化来进行，避免了循环，效率比较高，也可以将拟合结果 `coef` 中的 V_{cmax} 和 J_{max} 结果批量导入文件，参考 `@??imbycsv` 部分的代码。

10.7 RACiR™ 分析的手动实现

以下内容是我之前写的内容，部分代码的实现和上述软件包相似，仅供参考，尤其是当您使用 `racir` 软件包报错时，可以参考下文代码手动实现 RACiR 数据的分析。

```
# 分别读取未校准空叶室数据
# 未校准带叶片测量数据
# 标准 aci 曲线测量数据
uemp500 <- read.csv("./data/uncorr_emp500.csv")
uleaf500 <- read.csv("./data/uncorr_leaf500.csv")
acin <- read.csv("./data/aci_ex.csv")

# 防止读入空白行
m <- length(which(uemp500$obs >= 1))
n <- length(which(uleaf500$obs >= 1))
uemp500 <- uemp500[1:m,]
uleaf500 <- uleaf500[1:n,]

# 观察空叶室未校准数据 reference 对 A 的图形
plot(uemp500$C02_r, uemp500$A)
# 选取线性部分用于校准
locator()
# 执行 locator 命令后，在上图中的目标位置选点，
# 选好后按 esc 可以返回所选点的坐标（选点即为在
# 预期位置鼠标单击）

# 根据上面的点，利用二氧化碳的值过滤掉不需要的数据
# 只要在线性范围内选点，拟合结果相差很小
cemp <- uemp500[which(uemp500$C02_r >
```

```

                                45.28 & uemp500$C02_r < 459.12),]
plot(cemp$C02_r, cemp$A)

# 采用 1~5 次多项式分别拟合
cal1st <- lm(A ~ C02_r, data = cemp)
cal2nd <- lm(A ~ poly(C02_r, 2), data = cemp)
cal3rd <- lm(A ~ poly(C02_r, 3), data = cemp)
cal4th <- lm(A ~ poly(C02_r, 4), data = cemp)
cal5th <- lm(A ~ poly(C02_r, 5), data = cemp)

# 利用 BIC 找出最合理的校准方程
bics <- BIC(cal1st, cal2nd, cal3rd, cal4th, cal5th)
# noquote 也就是没引号, 成为名字
best <- noquote(rownames(bics)[bics$BIC == min(bics$BIC)])
best

# 校准带叶片测量的数据
uleafc <- uleaf500
uleafc$A <- uleafc$A - predict(cal4th, uleafc)
uleafc$Ci <- ((uleafc$gtc - uleafc$E / 2) * uleafc$C02_s -
              uleafc$A) / (uleafc$gtc + uleafc$E / 2)

# 对校准前后的数据进行作图, 查看校准效果
plot(uleaf500$C02_r, uleaf500$A, pch = 2, ylim = c(-20, 40))
points(uleafc$C02_r, uleafc$A)
locator()
cleaf <- uleafc[which(uleafc$C02_r > 16.6 &
                     uleafc$C02_r < 478),]
plot(cleaf$C02_r, cleaf$A)

# 利用 plantecophys 拟合标准曲线和 racir 曲线
library("plantecophys")

```

```

acifit <- fitaci(cleaf, varnames =
  list(ALEAF = "A", Tleaf = "Tleaf", Ci = "Ci",
        PPFD = "Qin", Rd = "Rd"), Patm = 84.09)
acifit_normal <- fitaci(acin, varnames =
  list(ALEAF = "A", Tleaf = "Tleaf", Ci = "Ci",
        PPFD = "Qin", Rd = "Rd"), Patm = 84.09)

# 查看拟合数据
acifit$pars
acifit_normal$pars

# 对快速曲线作图拟合结果进行查看
plot(acifit, linecols = c("green", "blue", "red"))

#### ggplot2 作图
ddata <- acifit$df

alldata <- data.frame(A = c(acin$A, ddata$Ac, ddata$Aj, cleaf$A),
  Ci = c(acin$Ci, ddata$Ci, ddata$Ci, cleaf$Ci),
  Atype = c(
    rep("standard Aci curve", length(acin$A)),
    rep("Ac", length(ddata$Ac)),
    rep("Aj", length(ddata$Aj)),
    rep("A corrected", length(cleaf$A))
  )
)

alldata$Atype <- factor(alldata$Atype,
  levels = c("standard Aci curve",
    "Ac", "Aj", "A corrected"))

library(ggplot2)
p <- ggplot(alldata)

```

```

p1 <- p + geom_point(aes(Ci,A, colour = Atype), alpha = 0.5)

p2 <- p1 + geom_smooth(aes(Ci, A, colour = Atype),
                      method = 'auto') +
  labs(y=expression(paste("A ", "(", mu,
                          mol%.%m^-2%.%s^-1, ")")),
       x=expression(paste(C[i], " ",
                          "(" , mu, mol%.%mol^-1, ")"))))

p2 + scale_x_continuous(limits=c(0, 1800),
                       breaks=seq(0, 1800, 200)) +
  scale_y_continuous(limits=c(-3, 50),
                   breaks=seq(0, 50, 10)) +
  scale_colour_hue(name=" ",
                  labels=c('ACi curve data; ',
                          expression(paste(A[c], ' data; ')),
                          expression(paste(A[j], ' data; ')),
                          'RACiR data')
) + theme_set(theme_bw()) +
  theme(axis.text.x = element_text(size = 10,
                                    angle=30, vjust=0.5),
        axis.text.y = element_text(size = 10),
        axis.title.x = element_text(
          size = 12, face = 'bold'),
        axis.title.y = element_text(
          size = 12, face = 'bold'),
        legend.text.align = 0,
        legend.position = c(0.8, 0.6))

```

最终采用常规方法和 RACiR™ 方法结果如图 10.3 所示，其中 A_j 与 A_c 结果采用 RACiR™ 计算¹。

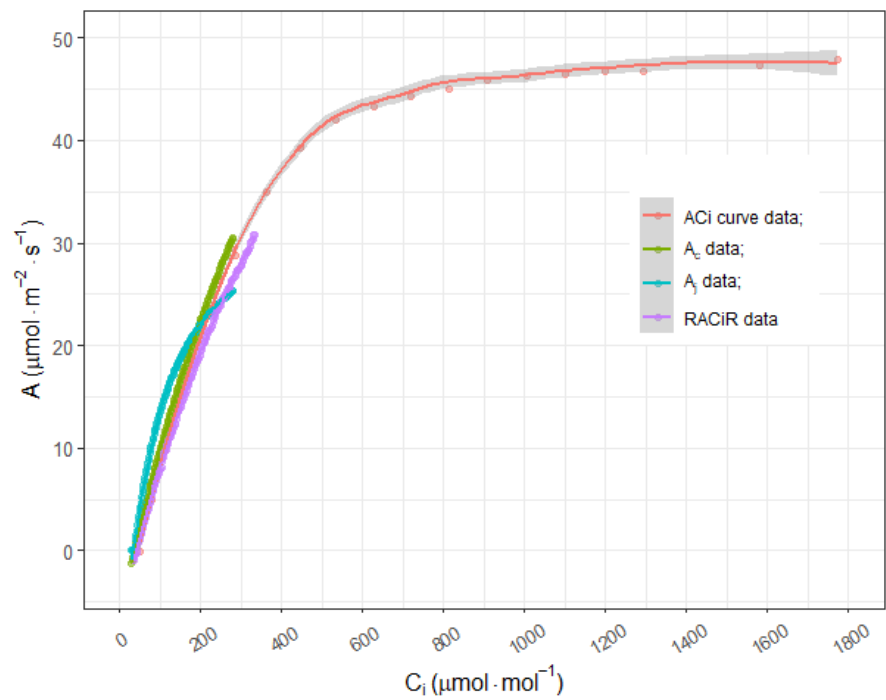


图 10.3: RACiR 方法与常规结果的比较

10.8 LI-6800 荧光数据分析

LI-6800 能够直接提供基本的叶绿素荧光参数，其他参数均可通过这些基本的参数进行计算，计算也较简单，在此不赘述，需要注意的是快相荧光部分的数据，因为分析 ojip 数据的模型有很多，很多都需要复杂的计算，在此我们先将其中较为简单的 jip test 数据分析进行介绍。

¹注意，注意数据表头的大小写，此处代码中，为处理数据的方便，我更改了大小写，分析自己的数据时需要注意

10.8.1 jip test 的实现

LI-6800 增加了 ojip 曲线测量功能，本功能主要是针对测量数据的 jip test 的实现。

10.8.2 jiptest 软件包安装

目前 jiptest 暂时放在 github 我的软件仓库内，并没提交 CRAN，因此需要 devtools 的支持，然后才能从 github 安装 jiptest。

```
install.packages("devtools")  
library(devtools)  
install_github("zhujiedong/jiptest")
```

10.8.3 read_files 及 read_dcfiles 函数

read_files 用于批量读取所有调制光测量数据，方便用于其他的数据分析。函数要求所有数据必须是 **xlsx** 格式，并且所有测量数据都保存在同一文件夹内。如有其他文件或测量数据则会报错。read_dcfiles 用于批量读取所有连续光测量数据，其他与 read_dcfiles 相同。

函数仅有一个参数，即保存数据文件夹的路径，使用如下：

```
library(jiptest)  
jipdata <- read_files("./data/ojip")
```

```
dcjipdata <- read_dcfiles("./data/ojip")
```

表 10.2: jiptest 批量导入数据后的样式

SECS	FLUOR	SOURCE
2.41e-05	887	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
2.81e-05	998	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
3.19e-05	1013	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
3.60e-05	1055	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
4.01e-05	1044	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
4.41e-05	1205	INDUCTION-484-20171225-13_15_58

表 10.3: jiptest DC 数据批量导入数据后的样式

SECS	FLUOR	SOURCE
2.41e-05	154000	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
2.81e-05	157566	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
3.19e-05	161261	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
3.60e-05	165114	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
4.01e-05	169069	INDUCTION-484-20171225-13_15_58
4.41e-05	173231	INDUCTION-484-20171225-13_15_58

10.8.4 jip_test 及 jip_dctest 函数

`jip_test` 是 `jip_test` 的核心函数，用于所有数据的 `jip test` 分析，函数仅包一个参数，测量数据的保存文件夹路径。`jip_dctest` 与 `jip_test` 相似，用于连续光测量数据的分析。

```
jip_results <- jip_test("./data/ojip")
```

```
## for the current version, we suggest you use the default settings of
##
## the duration (1000 ms or more) in the induction settings of LI-6800
```

```
## New names:
## * `` -> `..1`
## * `` -> `..2`
## New names:
## * `` -> `..1`
## * `` -> `..2`
## New names:
## * `` -> `..1`
## * `` -> `..2`
## New names:
## * `` -> `..1`
## * `` -> `..2`
```

表 10.4: jiptest 输出的计算参数

parameters	data_file1	data_file2	data_file3	data_file4
Fo	887.000	849.000	981.000	914.000
Fm	4649.520	3714.270	4225.240	3754.270
F300	2181.400	1798.600	2067.800	2537.200
FJ	2594.300	2104.600	2456.800	2569.000
FI	4443.110	3547.110	4009.220	3556.530
Tfmax	256.016	316.016	272.016	200.016

```
dcjip_results <- jip_dctest("./data/ojip")
```

表 10.5: jiptest DC 数据输出的计算参数

parameters	data_file1	data_file2	data_file3	data_file4
Fo	154000.000	133191.000	156664.000	153589.000
Fm	713839.000	560610.000	647660.000	584839.000
F300	338091.000	275476.800	322859.200	388110.400

FJ	400744.000	320245.000	376885.000	406671.000
FI	681505.000	534314.000	614590.000	552253.000
Tfmax	276.016	300.016	288.016	212.016

计算参数见表 10.4 及 10.5，考虑到排版，仅显示部分内容。若需要将数据导出，可以使用相关命令，如：

```
# export the results of jiptest to a csv file
write.csv(jip_results, "d:/data/jip_resluts.csv")
write.csv(dcjip_results, "d:/data/dcjip_resluts.csv")
```

10.8.5 jip_plot 及 jip_dcplot 函数

jip_plot 和 jip_dcplot 基于 ggplot2，用于快速预览所有测量结果的 ojip 曲线。函数仅有一个参数，即保存数据文件夹的路径，使用如下：

```
jip_plot("./data/ojip")
```

```
jip_dcplot("./data/ojip")
```

ojip 调制式测量光 ojip 曲线的快速预览如图 10.4

ojip 连续式测量光 ojip 曲线的快速预览如图 10.5

建议在开始分析数据前，使用如上方式作图查看数据质量，若使用调制光数据测量的荧光信号太弱，数据点太散，则可以使用连续光测量信号进行分析，对于归一化的荧光参数，二者几乎无差别，当然避免陷入被动的最好方式还是最开始测量时注意检查数据质量

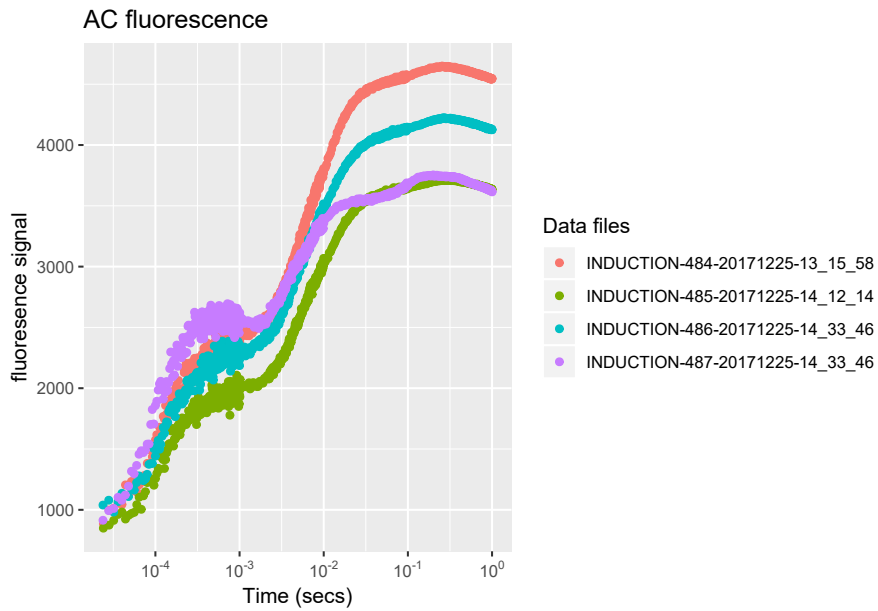


图 10.4: 调制式测量的 ojip 曲线的快速预览

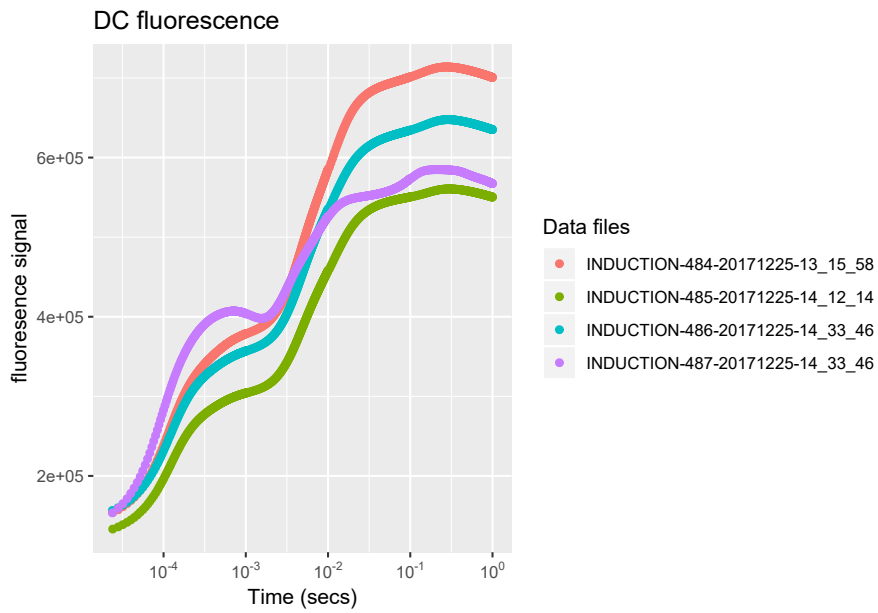


图 10.5: 连续式测量的 ojip 曲线的快速预览

11

PCA 分析

PCA 作为一个基础的方法，应用领域覆盖很广，涵盖的统计学相关的内容有均值、标准差、协方差，线性代数中的特征向量及特征值。当然在与光合仪相关的应用方面多数是测量的光合速率、气孔导度等配合植物的其他性状来进行研究。下面的内容将使用不那么数学的语言来观察其实现方式。

11.1 特征向量与特征值

特征向量和特征值的数学描述为：

$$A\vec{x} = \lambda\vec{x} \quad (11.1)$$

其中 A 为 $n \times n$ 的矩阵， \vec{x} 为非零 $n \times 1$ 列向量， λ 是标量，那么 \vec{x} 为 A 的特征向量， λ 为 A 的特征值。

如果仅从数学描述上看，是十分不适合我这样没基础的人来理解的，但我们可以这么理解：

A 为我们观测值（也即我们生态学上测量的数据）组成的 $n \times n$ 矩阵，每行的数据代表了一个观测值，例如光合速率是其中的一行，我们有 n 个，那么 \vec{x} 和 λ 意味着什么呢？再看一眼上面的 (11.1)，这是一个等式，而 \vec{x} 是 $n \times 1$ 维度，原来的数据是 $n \times n$ 维度，这就是主轴分析是降维分析的意义了，一个一维的特征向量和特征值与我们多维的观测值之间有一个相等的关系。当然，也有很多人在描述时喜欢用坐标轴旋转或这投影来形容的，如果你觉得这样好理解也没问题，不过我脑袋不擅长想象这种多维的空间。这样描述并不十

分准确，只是我觉得便于理解，更正确描述应为我们下面所述的例子 (Smith (2002))，但降维的原理即来自此处：

$$finaldata = rowfeaturevector \times rowdataadjust \quad (11.2)$$

`finaldata` 很好理解，我们用于 PCA 的最终数据，`rowfeature vector` 则是我们根据协相关矩阵求得的特征向量的转置，最大的特征向量再最上面，`rowdataadjust` 则为原始数据减去标准值。

11.2 PCA R 语言实现

因为我手头没有相关的数据（我这里最多的就是培训时演示用的数据，当然客户给发的数据也有，但大家都明白，基本到我这里都是怀疑有问题的数据，即使没问题，我要使用也要经过人家的同意），想来想去，我们在 R 里见到最多的与生态学相关的数据也就是 `iris`，一个关于不同 `iris` 品种的叶片性状相关的数据，非常生态，我们来看一下：

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
5.4	3.9	1.7	0.4	setosa

数据并不复杂，但是想要得出一些规律性的东西确不那么容易，因为数据量太大了。R 语言里面很多函数可以直接实现 PCA，例如 `prcomp`。我们先按照最原始的方法实现一下，加深对原理的理解：

11.2.1 手动实现过程

11.2.1.1 均值的计算

```
iris_mean <- apply(iris[, 1:4], 2, function(x) x - mean(x))
```

我只使用了前四列的性状数据，仅仅是方便结果的展示。

11.2.1.2 计算协方差矩阵

```
iris_cov <- cov(iris_mean)
```

11.2.1.3 计算特征值和特征向量

```
iris_eigen <- eigen(iris_cov)
```

这里就可以看到之前提到的，特征值和特征向量是根据协方差矩阵计算的。我们选取特征值最大的两个，他们的特征值之和已经占所有的特征值之和相当大的比例：

```
sum(iris_eigen$values[1:2])/sum(iris_eigen$values)
```

```
## [1] 0.9776852
```

也就是说特征值对应的前两项是我们最终降维所需要的，即最终的两个主轴为 150×2 维矩阵，即我们原来的 150×4 的矩阵乘以我们选取的前两个特征值对应的 4×2 组成的矩阵。

实际应用中我们不需要这么做了，因为太浪费时间了，我们直接用函数来得到结果即可。

11.2.2 prcomp 的实现

我们用 `prcomp` 来简化实现过程，注意，根据 [Kemp \(2003\)](#)，我们把 `iris` 数据对数化一下，并提取所有物种名字：

```
data("iris")
iris_pca <- log(iris[, 1:4])
iris_species <- iris$Species
```

需要注意，我们处理时使用特征中心化。即每一维的数据都减去该维的均值。这里的“维”指的就是一个特征（或属性），变换之后每一维的均值都变成了 0（参考 [\(11.2\)](#)）。

```
value_pca <- prcomp(iris_pca, center = TRUE, scale. = TRUE)
## 查看结果
summary(value_pca)
```

```
## Importance of components:
##              PC1      PC2      PC3      PC4
## Standard deviation    1.7125 0.9524 0.36470 0.16568
## Proportion of Variance 0.7331 0.2268 0.03325 0.00686
## Cumulative Proportion 0.7331 0.9599 0.99314 1.00000
```

可以看到结果同我们最开始的计算相似，不同的是我们进行了对数化，而且根据 [Kemp \(2003\)](#)，这个结果更合适。

11.2.3 作图

这个我们不做过多说明了，推荐两个非常好的软件包，分别是 ‘`ggbiplot`’，‘`factoextra`’：

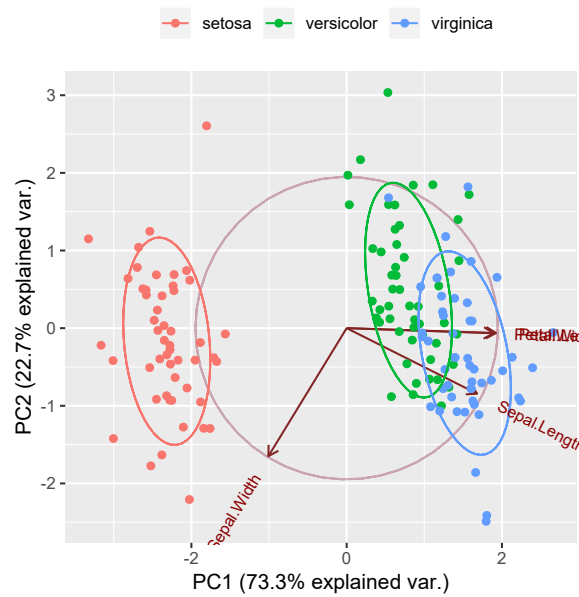
ggbiplot 作图

```
library(ggbiplot)

p <- ggbiplot(value_pca, obs.scale = 1, var.scale = 1,
              groups = iris_species, ellipse = TRUE,
              circle = TRUE) + scale_color_discrete(name = '')

p1 <- p + theme(legend.direction = 'horizontal',
               legend.position = 'top')

p1
```



factoextra 作图

```
library(factoextra)

fviz_pca_ind(value_pca, col.ind = "cos2",
              gradient.cols = c("#00AFBB", "#E7B800", "#FC4E07"),
```


12

环境与配置

本文的内容所完成的 sessioninfo 如下：

```
sessionInfo()
```

```
## R version 3.5.2 (2018-12-20)
## Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)
## Running under: Windows 10 x64 (build 17134)
##
## Matrix products: default
##
## locale:
## [1] LC_COLLATE=Chinese (Simplified)_China.936
## [2] LC_CTYPE=Chinese (Simplified)_China.936
## [3] LC_MONETARY=Chinese (Simplified)_China.936
## [4] LC_NUMERIC=C
## [5] LC_TIME=Chinese (Simplified)_China.936
##
## attached base packages:
## [1] grid      stats      graphics  grDevices  utils      datasets  methods
## [8] base
##
## other attached packages:
## [1] factoextra_1.0.5  ggbiplot_0.55      scales_1.0.0
## [4] plyr_1.8.4        jiptest_0.1.3      racir_1.0.0
```

```
## [7] nls2_0.2          proto_1.0.0        purrr_0.2.5
## [10] ggplot2_3.1.0      minpack.lm_1.2-1   plantecophys_1.3-2
## [13] readphoto_0.0.1
##
## loaded via a namespace (and not attached):
## [1] ggrepel_0.8.0      Rcpp_1.0.0         lattice_0.20-38
## [4] prettyunits_1.0.2 png_0.1-7          ps_1.3.0
## [7] assertthat_0.2.0  rprojroot_1.3-2    digest_0.6.18
## [10] R6_2.3.0           cellranger_1.1.0   backports_1.1.3
## [13] evaluate_0.12      highr_0.7          pillar_1.3.1
## [16] geepack_1.2-1      rlang_0.3.1        rematch_1.0.1
## [19] lazyeval_0.2.1     curl_3.3           readxl_1.2.0
## [22] rstudioapi_0.9.0   callr_3.1.1        Matrix_1.2-15
## [25] rmarkdown_1.11     desc_1.2.0         labeling_0.3
## [28] devtools_2.0.1     stringr_1.3.1      munsell_0.5.0
## [31] geeM_0.10.1        compiler_3.5.2     xfun_0.4
## [34] pkgconfig_2.0.2    pkgbuild_1.0.2     htmltools_0.3.6
## [37] tidyselect_0.2.5   tibble_2.0.1       bookdown_0.9
## [40] ggpubr_0.2         crayon_1.3.4       dplyr_0.7.8
## [43] withr_2.1.2        gtable_0.2.0       magrittr_1.5
## [46] MESS_0.5.4         cli_1.0.1          stringi_1.2.4
## [49] fs_1.2.6           remotes_2.0.2      bindrcpp_0.2.2
## [52] tools_3.5.2        glue_1.3.0         processx_3.2.1
## [55] pkgload_1.0.2      yaml_2.2.0         colorspace_1.4-0
## [58] sessioninfo_1.1.1 memoise_1.1.0      knitr_1.21
## [61] bindr_0.1.1        usethis_1.4.0
```

参考文献

- Aganchich, B., Wahbi, S., Loreto, F., and Centritto, M. (2009). Partial root zone drying: regulation of photosynthetic limitations and antioxidant enzymatic activities in young olive (*olea europaea*) saplings. *Tree Physiology*, 29(5):685.
- Ball, J. T., Woodrow, I. E., and Berry, J. A. (1987). *A Model Predicting Stomatal Conductance and its Contribution to the Control of Photosynthesis under Different Environmental Conditions*. Springer Netherlands.
- Baly, E. (1935). The kinetics of photosynthesis. *Proceedings of the Royal Society of London Series B (Biological Sciences)*, (117):218–239.
- Bouvier, A. and Huet, S. (1994). nls2 nonlinear regression by s plus functions. *Computational Statistics & Data Analysis*, 18(1):187–190.
- Buckley, T. N., Martorell, S., Diazspejo, A., Tomàs, M., and Medrano, H. (2014). Is stomatal conductance optimized over both time and space in plant crowns? a field test in grapevine *vitis vinifera*. *Plant Cell & Environment*, 37(12):2707.
- Caemmerer, S. V. (2000). Biochemical models of leaf photosynthesis. *Quarterly Review of Biology*, page 165.
- Centritto, M., Loreto, F., and Chartzoulakis, K. (2003). The use of low CO_2 to estimate diffusional and non-diffusional limitations of photosynthetic capacity of salt-stressed olive saplings. *Plant Cell and Environment*, 26(4):585–594.
- Cowan, I. R. and Farquhar, G. D. (1977). Stomatal function in relation

- to leaf metabolism and environment. *Symposia of the Society for Experimental Biology*, 31(23):471.
- De Kauwe, M. G., Lin, Y. S., Wright, I. J., Medlyn, B. E., Crous, K. Y., Ellsworth, D. S., Maire, V., Prentice, I. C., Atkin, O. K., and Rogers, A. (2016). A test of the one point method for estimating maximum carboxylation capacity from field measured, light saturated photosynthesis. *New Phytologist*, 210(3):1130.
- Duursma, R. A. (2015). Plantecophys-an r package for analysing and modelling leaf gas exchange data. *Plos One*, 10(11):e0143346.
- Duursma, R. A. and Medlyn, B. E. (2012). Maespa: a model to study interactions between water limitation, environmental drivers and vegetation function at tree and stand levels, with an example application to CO_2 drought interactions. *Geoscientific Model Development Discussions*, 5(4):919–940.
- Duursma, R. A., Payton, P., Bange, M. P., Broughton, K. J., Smith, R. A., Medlyn, B. E., and Tissue, D. T. (2013). Near-optimal response of instantaneous transpiration efficiency to vapour pressure deficit, temperature and CO_2 in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Agricultural & Forest Meteorology*, 168(1):168–176.
- Ellsworth, D. S., Crous, K. Y., Lambers, H., and Cooke, J. (2015). Phosphorus recycling in photorespiration maintains high photosynthetic capacity in woody species. *Plant Cell and Environment*, 38(6):1142–1156.
- Elzhov, T. V., Mullen, K. M., Spiess, A. N., and Bolker, B. (2016). minpack.lm: R interface to the levenberg-marquardt nonlinear least-squares algorithm found in minpack, plus support for bounds.
- Farquhar, G. D., Caemmerer, S. V., and Berry, J. A. (1980). A biochemical model of photosynthetic CO_2 assimilation in leaves of C_3 species. *Planta*, 149(1):78–90.
- Flexas J, A. A. and A, B. J. (2007). Analysis of leakage in irga's leaf

- chambers of open gas exchange systems: quantification and its effects in photosynthesis parameterization. *Journal of Experimental Botany*, 58(6):1533.
- Gu, L., Pallardy, S. G., Tu, K., Law, B. E., and Wullschleger, S. D. (2010). Reliable estimation of biochemical parameters from c-3 leaf photosynthesis-intercellular carbon dioxide response curves. *Plant Cell & Environment*, 33(11):1852–1874.
- Haworth, M., Killi, D., Materassi, A., and Raschi, A. (2015). Coordination of stomatal physiological behavior and morphology with carbon dioxide determines stomatal control. *American Journal of Botany*, 102(5):677–688.
- Haworth, M., Marino, G., and Centritto, M. (2018). An introductory guide to gas exchange analysis of photosynthesis and its application to plant phenotyping and precision irrigation to enhance water use efficiency. *Journal of Water and Climate Change*.
- Heath, J. R., Ayres, E., Possell, M., Bardgett, R. D., Black, H. I. J., Grant, H., Ineson, P., and Kerstiens, G. (2005). Rising atmospheric co2 reduces sequestration of root-derived soil carbon. *Science*, 309(5741):1711–1713.
- Hikosaka, K., Ishikawa, K., Borjigidai, A., Muller, O., and Onoda, Y. (2006). Temperature acclimation of photosynthesis: mechanisms involved in the changes in temperature dependence of photosynthetic rate. *Journal of Experimental Botany*, 57(2):291.
- Huang, H., Dou, X., Sun, P., Deng, B., Wu, G., and Peng, C. (2009). Comparison of photosynthetic characteristics in two ecotypes of *Jatropha curcas* in summer. *Acta Ecologica Sinica*, (29):2861–2867.
- Jones, H. G. (1993). *Plants and microclimate. A quantitative approach to environmental plant physiology*. Cambridge University Press.
- Kemp, F. (2003). Modern applied statistics with s. *Journal of The Royal Statistical Society Series D-the Statistician*, 52(4):704–705.

- Lauteri, M., Haworth, M., Serraj, R., Monteverti, M. C., and Centritto, M. (2014). Photosynthetic diffusional constraints affect yield in drought stressed rice cultivars during flowering. *PLOS ONE*, 9(10).
- Leuning, R. (1995). A critical appraisal of a combined stomatal-photosynthesis model for c_3 plants. *Plant Cell and Environment*, 18(4):339–355.
- Lobo, F. D. A., Barros, M. P. D., Dalmagro, H. J., Dalmolin, . C., Pereira, W. E., de Souza, . C., Vourlitis, G. L., and Ortíz, C. E. R. (2013). Fitting net photosynthetic light-response curves with microsoft excel a critical look at the models. *Photosynthetica*, 51(3):445–456.
- Long, S. P. and Bernacchi, C. J. (2003). Gas exchange measurements, what can they tell us about the underlying limitations to photosynthesis? procedures and sources of error. *Journal of Experimental Botany*, 54(392):2393.
- Marshall, B. and Biscoe, P. V. (1980). A model for c_3 leaves describing the dependence of net photosynthesis on irradiance. *Journal of Experimental Botany*, 31(1):29–39.
- Medlyn, B. E., Dreyer, E., Ellsworth, D., Forstreuter, M., Harley, P. C., Kirschbaum, M. U. F., Roux, X. L., Montpied, P., Strassmeyer, J., and Walcroft, A. (2002). Temperature response of parameters of a biochemically based model of photosynthesis. ii. a review of experimental data review. *Plant Cell & Environment*, 25(9):1167–1179.
- Medlyn, B. E., Duursma, R. A., Eamus, D., Ellsworth, D. S., Prentice, I. C., Barton, C. V. M., Crous, K. Y., Angelis, P. D., Freeman, M., and Wingate, L. (2011). Reconciling the optimal and empirical approaches to modelling stomatal conductance. *Global Change Biology*, 17(6):2134–2144.
- Prado, C. H. and Moraes, J. A. P. V. D. (1997). Photosynthetic capacity and specific leaf mass in twenty woody species of cerrado vegetation under field conditions. *Photosynthetica*, 33(1):103–112.

- Smith, L. I. (2002). A tutorial on principal component analysis.
- Stinziano, J. R., Mcdermitt, D. K., Lynch, D. J., Saathoff, A. J., Morgan, P. B., and Hanson, D. T. (2018). The rapid a/ci response: a guide to best practices. *New Phytologist*.
- Stinziano, J. R., Morgan, P. B., Lynch, D. J., Saathoff, A. J., Mcdermitt, D. K., and Hanson, D. T. (2017). The rapid a-ci response: photosynthesis in the phenomic era. *Plant Cell & Environment*, 40.
- Thornley, J. H. M. (1976). Mathematical models in plant physiology. *London: Academic Press*.
- Tuzet, A., Perrier, A., and Leuning, R. (2003). A coupled model of stomatal conductance, photosynthesis and transpiration. *Plant Cell and Environment*, 26(7):1097–1116.
- Wullschleger, S. D. (1993). Biochemical limitations to carbon assimilation in c3 plants—a retrospective analysis of the a-ci curves from 109 species. *Journal of Experimental Botany*, 44(262):907–920.
- Yin, X., Struik, P. C., Romero, P., Harbinson, J., Evers, J. B., Der Putten, P. E. L. V., and Vos, J. (2009). Using combined measurements of gas exchange and chlorophyll fluorescence to estimate parameters of a biochemical c3 photosynthesis model: a critical appraisal and a new integrated approach applied to leaves in a wheat (*triticum aestivum*) canopy. *Plant Cell and Environment*, 32(5):448–464.
- Zhang, X., Shen, S., and Song, J. (2009). The vertical distribution of cotton leaf nitrogen content and photosynthetic characteristics in the north china plain. *Acta Ecologica Sinica*, (29):1893–1898.
- ZiPiao, Y. (2010). A review on modeling of responses of photosynthesis to light and co_2 . *Chinese Journal of Plant Ecology*, (06).

