

# 生态统计学

沈国春、李勤

2025-09-15



# Contents

<b>前言</b>	<b>5</b>
0.1 课程在线资源 . . . . .	5
0.2 学习方式 . . . . .	6
<b>1 统计编程基础</b>	<b>7</b>
1.1 R 语言介绍 . . . . .	7
1.2 数值向量创建与基本统计计算 . . . . .	13
1.3 字符型数据处理与向量索引操作 . . . . .	15
1.4 数据框结构理解与多类型数据管理 . . . . .	17
1.5 列表数据结构与数据分组管理 . . . . .	20
1.6 外部数据导入与条件筛选分析 . . . . .	23
1.7 缺失值和异常值的识别处理 . . . . .	26
1.8 描述性统计分析与基础数据可视化 . . . . .	30
1.9 条件判断、循环结构与函数编程 . . . . .	34
1.10 现代数据科学工具包应用 . . . . .	40
1.11 图形语法与科学绘图 . . . . .	46



# 前言

这是一本关于生态统计学的教材，旨在为生态学研究者提供实用的数据分析方法。本书结合 R 语言，介绍生态学研究中常用的统计技术。

本书特点：

- 面向生态学研究实际问题
- 基于 R 语言实现
- 包含大量生态数据案例
- 循序渐进的教学安排

本书使用以下 R 包：

```
install.packages(c(  
  "tidyverse", "vegan", "lme4", "ggplot2",  
  "bookdown", "knitr", "rmarkdown"  
)
```

## 0.1 课程在线资源

课程简明手册

- 网页版 <https://guochunshen.github.io/ecological-statistics>
- PDF 版 <https://gitee.com/gcshen/ecological-statistics/blob/master/docs/ecological-statistics.pdf>

## 0.2 学习方式



# Chapter 1

## 统计编程基础

### 1.1 R 语言介绍

- 理解为什么生态学专业需要学习 R 语言
- 掌握 R 和 RStudio 的安装和配置
- 建立良好的项目文件组织习惯
- 了解 R 包管理的基本方法

#### 1.1.1 为什么生态学专业需要学习 R?

##### 1.1.1.1 数据分析能力的必要性

现代生态学研究产生海量数据：野外调查数据、实验室测量数据、遥感影像数据、基因序列数据等。传统的 Excel 已无法满足复杂的统计分析需求，而 R 语言提供了完整的数据科学工具链。

##### 1.1.1.2 可重现研究的科学要求

- **重现性危机：**越来越多的科学研究无法被重现，影响科学可信度
- **R 脚本的优势：**
  - 每一步分析都有记录，任何人都可以重现你的分析过程
  - 错误检查：代码可以被审查，减少人为错误
  - 版本控制：分析过程的每次修改都有记录

##### 1.1.1.3 职业发展的核心竞争力

- **学术界要求：**顶级期刊越来越要求提供数据和代码
- **就业市场需求：**环保部门、研究院所、咨询公司都需要数据分析能力
- **跨学科合作：**与计算机科学、统计学等领域合作的桥梁
- **终身学习：**编程思维有助于快速学习新的分析方法

##### 1.1.1.4 开源免费的经济优势

- **成本优势：**SPSS 单机版数万元，SAS 更昂贵，R 完全免费
- **功能更新：**商业软件更新缓慢，R 社区每天都有新功能
- **全球社区：**遇到问题可以在全球社区寻求帮助
- **未来保障：**开源软件不会因为公司倒闭而消失

### 1.1.1.5 学术发表的必要工具

- **期刊要求:** Nature、Science 等顶级期刊要求提供分析代码
- **同行评议:** 审稿人可以检查你的分析方法是否正确
- **引用优势:** 提供代码的论文被引用次数更高
- **学术诚信:** 透明的分析过程展现严谨的科学态度

### 1.1.1.6 国际交流的通用语言

- **国际会议:** 生态学国际会议上, R 是数据分析的主流工具
- **合作研究:** 与国外学者合作时, R 是共同的工作语言
- **在线学习:** 全球最优秀的生态学分析教程都使用 R
- **职业流动:** 掌握 R 可以在全球范围内寻求工作机会

## 1.1.2 R 语言简介与趣味应用

### 1.1.2.1 什么是 R 语言?

- **统计计算语言:** 专门为统计分析和数据可视化设计的编程语言
- **开源免费:** 由全球统计学家共同维护发展
- **交互式环境:** 可以立即看到代码执行结果
- **扩展性强:** 超过 18,000 个专业扩展包

### 1.1.2.2 如何获取帮助?

```
# 查看函数帮助文档
?plot
help("plot")

# 搜索帮助文档
??"regression"

# 示例代码演示
example(plot)

# 在线资源:
# - R 官方文档: https://cran.r-project.org/manuals.html
# - RStudio 社区: https://community.rstudio.com
```

### 1.1.2.3 R 语言的趣味应用示例

```
# 安装必要包 (首次需要)
install.packages(c("ggplot2", "ggridge", "gapminder"))
library(ggplot2)
library(ggridge)
library(gapminder)

# 使用 gapminder 数据集 (包含各国多年生态经济数据)
# 绘制动态变化图
ggplot(gapminder, aes(gdpPercap, lifeExp, size = pop, color = continent)) +
  geom_point() +
  scale_size(range = c(2, 12)) +
  scale_x_log10() +
  labs(title = '年份: {frame_time}', x = '人均 GDP', y = '预期寿命') +
```

```

transition_time(year) +
  ease_aes('linear')

# 提示：运行后会生成展示生态经济数据随时间变化的动画
# 可以清楚地看到不同大陆国家生态经济指标的变化趋势

```

### 1.1.2.3.1 生态数据动态可视化

```

install.packages("audio")
library(audio)

# 创建简单旋律
notes <- c("C4", "D4", "E4", "F4", "G4", "A4", "B4", "C5")
durations <- rep(0.3, 8)

play(notes, durations)

```

### 1.1.2.3.2 生成音乐

### 1.1.2.3.3 更多有趣功能

- 动态报告：用 R Markdown 生成可交互报告
- 网络爬虫：抓取生态监测站数据
- 地图绘制：可视化物种分布
- 机器学习：预测生态变化趋势

## 1.1.3 环境设置和配置

### 1.1.3.1 R 语言安装

#### 1.1.3.1.1 下载和安装 R Windows 系统：

1. 访问 <https://cran.r-project.org/bin/windows/base/>
2. 下载最新版 R 安装包 (.exe)
3. 右键以管理员身份运行安装程序
4. 安装路径不要包含中文或空格
5. 勾选“创建桌面快捷方式”

#### macOS 系统：

1. 访问 <https://cran.r-project.org/bin/macosx/>
2. 下载最新版 R 安装包 (.pkg)
3. 双击安装，可能需要右键“打开”绕过 Gatekeeper 限制
4. 或通过 Homebrew 安装: `brew install --cask r`

**Linux 系统:** - Ubuntu/Debian: `sudo apt-get install r-base` - CentOS/RHEL: `sudo yum install R`

### 1.1.3.1.2 下载和安装 RStudio

1. 访问 <https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/>
2. 选择适合你系统的 RStudio Desktop 免费版

### 3. 安装注意事项:

- Windows: 确保已安装 R 后再安装 RStudio
- macOS: 可能需要允许来自“未知开发者”的应用
- Linux: 可能需要安装依赖库 `libssl-dev` 等

#### 1.1.3.1.3 常见安装问题解决

- 中文路径问题: 安装路径和用户名不要包含中文
- 防火墙拦截: 临时关闭防火墙或添加 R/RStudio 为例外
- 镜像源设置: 安装后运行:

```
options(repos = c(CRAN="https://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/CRAN/"))
```

- 依赖缺失:

- Windows: 安装 Rtools
- macOS: 安装 Xcode 命令行工具
- Linux: 安装开发工具链

```
# 在 RStudio 中运行这行代码, 应该显示 R 的版本信息
R.version.string

# 检查基本功能是否正常
1+1
plot(1:10)
```

#### 1.1.3.1.4 验证安装

**1.1.3.1.5 在 VSCode 中配置 R 环境** 为什么选择 VSCode? - 轻量高效: 启动速度快, 占用资源少 - 扩展性强: 丰富的扩展生态系统 - 多语言支持: 同时支持 R、Python、Markdown 等多种语言 - 版本控制集成: 内置 Git 支持, 便于代码管理 - 远程开发: 支持 SSH、容器、WSL 等远程开发环境

#### VSCode 安装和配置步骤:

1. 安装 VSCode
  - 访问 <https://code.visualstudio.com/>
  - 下载适合你操作系统的版本并安装
2. 安装 R 扩展
  - 打开 VSCode, 点击左侧扩展图标 (或按 Ctrl+Shift+X)
  - 搜索“R”并安装“R”扩展 (由 REditorSupport 开发)
  - 搜索“R Debugger”并安装调试器扩展
3. 基本配置
  - 打开设置 (Ctrl+,)
  - 搜索“r.rterm”设置 R 执行路径
  - 搜索“r.rpath”设置 R 语言服务器路径
  - 推荐设置:

```
{
  "r.rterm.windows": "C:\\Program Files\\R\\R-4.3.1\\bin\\x64\\R.exe",
  "r.rterm.mac": "/usr/local/bin/R",
  "r.rterm.linux": "/usr/bin/R",
  "r.lsp.path": "/usr/lib/R/bin/R",
  "r.sessionWatcher": true,
  "r.bracketedPaste": true
}
```

#### 4. 常用功能

- 代码执行: Ctrl+Enter 执行当前行或选中代码
- 代码补全: 自动提供函数和参数建议
- 语法高亮: 彩色显示代码结构
- 调试功能: 设置断点, 逐步调试代码
- 绘图查看: 内置绘图查看器
- **Markdown 支持:** 直接编写和预览 R Markdown 文档

#### 5. 推荐扩展

- **Rainbow CSV:** 彩色显示 CSV 文件
- **GitLens:** 增强的 Git 功能
- **Bracket Pair Colorizer:** 彩色匹配括号
- **Project Manager:** 项目管理工具
- **Live Share:** 实时协作编程

#### 6. 优势对比

- 相比 **RStudio:** 更轻量, 启动更快, 扩展更多
- 相比纯文本编辑器: 提供完整的 IDE 功能
- 适合场景: 大型项目、多语言开发、远程开发

**注意事项:** - 确保已安装 R 后再配置 VSCode - 路径设置需要根据实际安装位置调整 - 首次使用可能需要安装相关依赖包 ### 项目文件夹结构设置建立良好的文件组织习惯是数据分析的基础:

生态学 R 语言课程 /

第 01 课 - 森林调查 /

数据 /

脚本 /

结果 /

第 02 课 - 物种名称 /

数据 /

脚本 /

结果 /

...

参考资料 /

### 1.1.4 基本包管理

#### 1.1.4.1 R 包的概念

- **什么是 R 包:** R 包是扩展 R 功能的代码、数据和文档集合
- **包的作用:** 提供专业统计方法、可视化工具、数据导入等功能
- **生态学常用包:** vegan(群落分析)、ggplot2(可视化)、dplyr(数据处理) 等

#### 1.1.4.2 Rtools 的作用

- **Windows 专用:** 用于编译需要 C/C++/Fortran 代码的 R 包
- **适用场景:**
  - 安装需要编译的包 (如部分生态学模型包)
  - 开发自己的 R 包
  - 使用某些高性能计算功能
- **安装方法:** 从 CRAN 下载对应 R 版本的 Rtools 安装包

#### 1.1.4.3 包管理基础

```
# 检查已安装的包
installed.packages()

# 安装新包 (从 CRAN)
```

```

install.packages("ggplot2")

# 从 GitHub 安装开发版包
# install.packages("devtools")
# devtools::install_github(" 作者/包名 ")

# 加载包
library(ggplot2)

# 更新所有包
update.packages()

# 查看包帮助文档
help(package="ggplot2")

```

#### 1.1.4.4 如何寻找合适的包

- CRAN 任务视图: <https://cran.r-project.org/web/views/>  
— 如 Environmetrics 任务视图包含生态学相关包
- RStudio 包推荐: 通过 RStudio 的 Packages 面板浏览
- 学术文献: 参考领域内论文使用的方法和包
- 社区推荐: R-bloggers、Stack Overflow 等平台

#### 1.1.5 工作目录设置

##### 1.1.5.1 什么是工作目录?

- 简单理解: 就像你办公桌上的文件夹, R 会默认从这个文件夹里找文件
- 作用: 告诉 R 在哪里读取数据和保存结果
- 类比: 就像在图书馆找书需要知道书架位置一样

##### 1.1.5.2 为什么要设置工作目录?

- 方便管理: 所有课程文件可以分类存放
- 避免错误: R 能准确找到你的数据文件
- 提高效率: 不用每次都输入完整文件路径

##### 1.1.5.3 基本操作

```

# 查看当前工作目录 (就像查看你现在在哪个文件夹)
getwd()

# 设置工作目录 (告诉 R 使用哪个文件夹)
# 注意: 路径中的斜杠方向
setwd("C:/Users/你的用户名/生态学 R 语言课程")

# 列出当前目录下的文件 (看看这个文件夹里有什么)
list.files()

# 小技巧: 在 RStudio 中可以通过菜单设置工作目录更简单:
# Session → Set Working Directory → Choose Directory

```

##### 1.1.5.4 注意事项

- 路径中不要有中文

- Windows 系统使用正斜杠”/“或双反斜杠”\”
- 建议为每节课创建单独的子文件夹

### 1.1.6 课前准备检查清单

- R 软件安装成功
- RStudio 安装成功
  
- 能够运行简单的 R 代码
- 创建了课程文件夹结构
- 理解了学习 R 语言的重要性
- 准备好投入时间学习编程思维

## 1.2 数值向量创建与基本统计计算

### 1.2.1 生态学背景

在野外森林调查中，测量树木胸径（DBH，距地面 1.3 米处的直径）是评估森林生长状况的基本方法。我们需要计算样地内树木的平均胸径来了解林分特征。

### 1.2.2 演示数据

```
# 某样地内 10 棵马尾松的胸径测量值（单位：厘米）
tree_dbh <- c(15.2, 18.7, 22.1, 19.5, 16.8, 20.3, 17.9, 21.4, 19.2, 18.6)
```

### 1.2.3 课堂演示过程

```
# 1. 创建胸径数据向量
tree_dbh <- c(15.2, 18.7, 22.1, 19.5, 16.8, 20.3, 17.9, 21.4, 19.2, 18.6)

# 2. 查看数据
tree_dbh
length(tree_dbh) # 查看测量了多少棵树

# 3. 计算平均胸径
mean_dbh <- mean(tree_dbh)
mean_dbh

# 4. 计算总树数
tree_count <- length(tree_dbh)
tree_count

# 5. 简单的数学运算
max_dbh <- max(tree_dbh) # 最大胸径
min_dbh <- min(tree_dbh) # 最小胸径
total_dbh <- sum(tree_dbh) # 胸径总和
```

### 1.2.4 R 语言知识点详解

#### 1.2.4.1 向量创建函数 c()

- 是什么：c() 是 combine 的缩写，用于将多个值组合成一个向量
- 语法：c(值 1, 值 2, 值 3, ...)

- **重要特点：**
  - 向量中的所有元素必须是同一类型（数值、字符或逻辑）
  - 如果混合不同类型，R 会自动转换为最通用的类型
  - 向量是 R 中最基本的数据结构
- **常见错误：**忘记加逗号分隔值，如 `c(1 2 3)` 是错误的
- **最佳实践：**给向量起有意义的名字，如 `tree_dbh` 而不是 `x`

#### 1.2.4.2 变量赋值操作符 `<-`

- **是什么：**将右边的值赋给左边的变量名
- **语法：**变量名 `<- 值`
- **为什么用 `<-` 而不是 `=`：**
  - `<-` 是 R 的传统赋值符号，更清晰地表示赋值方向
  - `=` 也可以用，但在某些情况下可能引起混淆
  - 建议统一使用 `<-` 保持代码风格一致
- **变量命名规则：**
  - 只能包含字母、数字、点(.) 和下划线(\_)
  - 不能以数字开头
  - 区分大小写
  - 建议使用有意义的名称

#### 1.2.4.3 基本统计函数

##### 1.2.4.3.1 `mean()` - 计算平均值

- **语法：**`mean(x, na.rm = FALSE)`
- **参数说明：**
  - `x`: 数值向量
  - `na.rm`: 是否移除缺失值，默认 `FALSE`
- **返回值：**数值，向量的算术平均数
- **注意事项：**如果向量包含 NA 值，结果会是 NA，除非设置 `na.rm = TRUE`

##### 1.2.4.3.2 `length()` - 计算向量长度

- **语法：**`length(x)`
- **作用：**返回向量中元素的个数
- **应用场景：**统计样本数量、检查数据完整性

##### 1.2.4.3.3 `max()` 和 `min()` - 最大值和最小值

- **语法：**`max(x, na.rm = FALSE), min(x, na.rm = FALSE)`
- **作用：**找出向量中的最大值和最小值
- **参数：**与 `mean()` 相同，可以设置 `na.rm` 参数

##### 1.2.4.3.4 `sum()` - 求和

- **语法：**`sum(x, na.rm = FALSE)`
- **作用：**计算向量所有元素的总和
- **应用：**计算总量、累计值等

#### 1.2.4.4 数据查看

- **直接输入变量名：**最简单的查看方式，直接显示变量内容
- **自动打印机制：**R 会自动显示表达式的结果
- **向量显示格式：**会显示 [1] 表示第一个元素的位置

### 1.2.5 课后练习

题目：某湿地调查中测量了 8 棵柳树的树高（单位：米）：`tree_height <- c(4.2, 5.1, 3.8, 4.7, 5.3, 4.9, 4.1, 4.6)`

请完成（仅使用本课学过的向量和基本统计函数）：

1. 创建树高向量并查看数据
2. 计算平均树高
3. 找出最高的树有多高
4. 统计总共测量了多少棵树
5. 计算所有树的总高度
6. 计算树高的标准差（提示：使用 `sd()` 函数）

## 1.3 字符型数据处理与向量索引操作

### 1.3.1 生态学背景

在野外鸟类观察中，需要记录观察到的鸟类物种名单，这是生物多样性调查的基础工作。我们要学会如何在 R 中管理物种名称数据。

### 1.3.2 演示数据

```
# 某公园早晨观察到的鸟类物种
bird_species <- c("白头鹎", "麻雀", "喜鹊", "乌鸦", "红嘴蓝鹊", "大山雀")
```

### 1.3.3 课堂演示过程

```
# 1. 创建鸟类物种名单
bird_species <- c("白头鹎", "麻雀", "喜鹊", "乌鸦", "红嘴蓝鹊", "大山雀")

# 2. 查看物种名单
bird_species
print(bird_species) # 另一种显示方法

# 3. 统计观察到的物种数量
species_count <- length(bird_species)
species_count

# 4. 访问特定位置的物种
bird_species[1] # 第一个物种
bird_species[3] # 第三个物种

# 5. 添加新观察到的物种
bird_species <- c(bird_species, "燕子")
bird_species

# 6. 字符串操作
paste("今天观察到", length(bird_species), "种鸟类")
```

### 1.3.4 R 语言知识点详解

#### 1.3.4.1 字符型数据 (Character Data)

- 是什么：用引号包围的文本数据，R 中的基本数据类型之一
- 语法：“文本内容”或‘文本内容’
- 重要特点：
  - 单引号和双引号都可以，但要成对使用
  - 如果文本中包含引号，需要转义或使用另一种引号包围
  - 字符型数据在 R 中以向量形式存储
- 与数值的区别：
  - 字符型：“123” - 这是文本，不能进行数学运算
  - 数值型：123 - 这是数字，可以进行数学运算
- 编码注意：中文字符需要确保 R 的编码设置正确

#### 1.3.4.2 向量索引 (Vector Indexing)

- 是什么：通过位置编号访问向量中特定元素的方法
- 语法：向量名 [位置]
- 索引规则：
  - R 的索引从 1 开始（不是 0!）
  - 可以使用负数排除特定位置：bird\_species[-1]（排除第一个）
  - 可以一次访问多个位置：bird\_species[c(1,3,5)]
- 超出范围：如果索引超出向量长度，返回 NA
- 实际应用：在生态学中用于提取特定样本、物种等

#### 1.3.4.3 数据显示函数

##### 1.3.4.3.1 print() 函数

- 语法：print(x)
- 与直接输入变量名的区别：
  - 直接输入：仅在交互模式下显示
  - print()：在脚本和函数中也会显示，更可控
- 应用场景：在循环、函数中需要显示结果时

#### 1.3.4.4 向量合并和扩展

- 添加元素：c(原向量, 新元素)
- 重要概念：R 中的向量是不可变的，每次“添加”实际上是创建新向量
- 效率考虑：频繁添加元素效率较低，大量数据建议预先分配空间
- 实际应用：野外调查中动态添加新发现的物种

#### 1.3.4.5 字符串连接函数 paste()

- 语法：paste(..., sep = " ", collapse = NULL)
- 参数详解：
  - ...：要连接的多个元素
  - sep：分隔符，默认是空格
  - collapse：如果提供，将结果向量合并为单个字符串
- 相关函数：
  - paste0()：等同于 paste(..., sep = ""), 不使用分隔符
  - sprintf()：格式化字符串，类似其他语言的 printf
- 实际应用：生成报告文本、标签、文件名等

### 1.3.5 课后练习

题目：某湿地调查中记录的水生植物: `water_plants <- c("荷花", "芦苇", "菖蒲", "水葫芦", "睡莲")`

请完成（使用向量、字符串操作、索引等已学内容）：

1. 创建植物名称向量并显示所有植物名称

2. 计算记录了多少种植物（使用 `length()` 函数）
3. 显示第 2 种和第 4 种植物的名称（使用向量索引）
4. 添加“慈姑”到植物名单中（使用 `c()` 函数合并）
5. 用 `paste()` 函数创建一句完整的调查报告
6. 尝试查找“芦苇”在向量中的位置（提示：使用 `which()` 函数和 `==` 运算符）

## 1.4 数据框结构理解与多类型数据管理

### 1.4.1 生态学背景

在植物群落调查中，需要同时记录多种信息：样方编号、物种名称、株高、是否存活等。这些不同类型的数据需要组织在一个表格中，这就需要用到数据框。

### 1.4.2 演示数据

```
# 某山坡 5 个样方的植物调查数据
plot_data <- data.frame(
  plot_id = c("S001", "S002", "S003", "S004", "S005"),
  species = c("马尾松", "杉木", "樟树", "栎树", "枫香"),
  height_m = c(12.5, 8.3, 15.2, 10.7, 9.8),
  diameter_cm = c(18.2, 12.5, 22.1, 16.8, 14.3),
  alive = c(TRUE, TRUE, FALSE, TRUE, TRUE)
)
```

### 1.4.3 课堂演示过程

```
# 1. 创建植物调查数据框
plot_data <- data.frame(
  plot_id = c("S001", "S002", "S003", "S004", "S005"),
  species = c("马尾松", "杉木", "樟树", "栎树", "枫香"),
  height_m = c(12.5, 8.3, 15.2, 10.7, 9.8),
  diameter_cm = c(18.2, 12.5, 22.1, 16.8, 14.3),
  alive = c(TRUE, TRUE, FALSE, TRUE, TRUE)
)

# 2. 查看数据框
plot_data
print(plot_data)

# 3. 查看数据框结构
str(plot_data) # 显示每列的数据类型

# 4. 查看数据框维度
nrow(plot_data) # 行数
ncol(plot_data) # 列数
```

```

dim(plot_data)      # 行数和列数

# 5. 查看前几行和后几行
head(plot_data, 3)  # 前 3 行
tail(plot_data, 2)  # 后 2 行

# 6. 访问特定列
plot_data$species    # 物种列
plot_data$height_m    # 高度列

# 7. 计算统计量
mean(plot_data$height_m)  # 平均高度
sum(plot_data$alive)       # 存活植物数量

```

#### 1.4.4 R 语言知识点详解

##### 1.4.4.1 数据框 (Data Frame)

- 是什么: R 中最重要的数据结构, 类似于 Excel 表格或数据库表
- 语法: `data.frame(列名 1 = 向量 1, 列名 2 = 向量 2, ...)`
- 核心特点:
  - 每列可以是不同的数据类型 (数值、字符、逻辑)
  - 但每列内部必须是相同类型
  - 所有列必须有相同的长度 (行数)
  - 每行代表一个观察单位, 每列代表一个变量
- 与矩阵的区别:
  - 矩阵: 所有元素必须是相同类型
  - 数据框: 不同列可以是不同类型
- 生态学应用: 完美适合存储野外调查数据

##### 1.4.4.2 R 中的数据类型系统

###### 1.4.4.2.1 数值型 (Numeric/Double)

- 特点: 包含小数点的数字
- 示例: 12.5, 8.3, 15.2
- 用途: 测量值、计数、比例等

###### 1.4.4.2.2 字符型 (Character)

- 特点: 文本数据, 用引号包围
- 示例: "S001", "马尾松", "杉木"
- 用途: 名称、标识符、分类标签

###### 1.4.4.2.3 逻辑型 (Logical)

- 特点: 只有两个值: TRUE 和 FALSE
- 示例: TRUE, FALSE
- 用途: 是/否判断、条件标记
- 运算: 可以进行数学运算 (TRUE=1, FALSE=0)

##### 1.4.4.3 数据框结构查看函数

###### 1.4.4.3.1 `str()` - Structure 函数

- 作用: 显示数据框的完整结构信息

- 显示内容:
  - 数据框类型和维度
  - 每列的数据类型
  - 前几个值的预览
- 读法技巧:
  - 'data.frame': 5 obs. of 5 variables - 5 行 5 列的数据框
  - \$ plot\_id : chr - plot\_id 列是字符型
  - \$ height\_m: num - height\_m 列是数值型

#### 1.4.4.3.2 head() 和 tail()

- 语法: head(x, n = 6), tail(x, n = 6)
- 作用: 查看数据框的开头或结尾几行
- 参数: n 指定显示的行数, 默认 6 行
- 应用场景:
  - 快速了解数据格式
  - 检查数据导入是否正确
  - 大数据集的初步查看

#### 1.4.4.3.3 维度函数

- nrow(): 返回行数 (观察数量)
- ncol(): 返回列数 (变量数量)
- dim(): 返回维度向量 c(行数, 列数)
- names() 或 colnames(): 返回列名

#### 1.4.4.4 数据框列访问

##### 1.4.4.4.1 美元符号 \$ 操作符

- 语法: 数据框名 \$ 列名
- 特点:
  - 返回该列的向量
  - 支持名称自动补全 (在 RStudio 中)
  - 最常用的列访问方式
- 注意: 列名不需要引号

##### 1.4.4.4.2 双括号 [[ ]] 操作符

- 语法: 数据框名 [[ "列名"] ] 或 数据框名 [[列位置]]
- 与 \$ 的区别:
  - 支持变量名作为列名: df[[var\_name]]
  - 可以使用数字索引: df[[1]]

##### 1.4.4.4.3 单括号 [] 操作符

- 语法: 数据框名 [行, 列]
- 特点: 返回数据框 (保持原结构)
- 示例: plot\_data[, "species"] - 选择 species 列但保持数据框格式

#### 1.4.5 课后练习

题目: 某河流生态调查数据:

```
river_survey <- data.frame(
  site_id = c("R01", "R02", "R03", "R04"),
  fish_species = c("草鱼", "鲤鱼", "鲫鱼", "青鱼"),
```

```

length_cm = c(25.3, 18.7, 12.4, 31.2),
weight_g = c(680, 420, 180, 1200),
mature = c(TRUE, FALSE, FALSE, TRUE)
)

```

请完成（使用数据框操作、向量计算等已学内容）：

1. 创建数据框并显示整个数据框
2. 使用 `str()` 函数查看数据框的结构
3. 计算鱼类的平均长度和平均重量（使用 `mean()` 和 `$` 操作符）
4. 统计有多少条成熟的鱼（使用 `sum()` 和逻辑值运算）
5. 显示所有鱼类的名称（使用 `$` 操作符）
6. 计算最大和最小的鱼重量（使用 `max()` 和 `min()` 函数）
7. 创建一个包含调查总结的字符串（使用 `paste()` 函数）

## 1.5 列表数据结构与数据分组管理

### 1.5.1 生态学背景

不同栖息地类型的物种多样性差异很大。我们需要比较森林、草地、湿地三种生境中的物种数量，这种多组数据的管理需要用到列表结构。

### 1.5.2 演示数据

```

# 不同栖息地的物种数量调查（每个生境调查了 4 个样点）
forest_species <- c(25, 30, 28, 32)
grassland_species <- c(15, 18, 20, 16)
wetland_species <- c(12, 14, 11, 13)

```

### 1.5.3 课堂演示过程

```

# 1. 创建各栖息地物种数据
forest_species <- c(25, 30, 28, 32)
grassland_species <- c(15, 18, 20, 16)
wetland_species <- c(12, 14, 11, 13)

# 2. 创建栖息地数据列表
habitats <- list(
  forest = forest_species,
  grassland = grassland_species,
  wetland = wetland_species
)

# 3. 查看列表内容
habitats
str(habitats) # 查看列表结构

# 4. 访问列表中的元素
habitats$forest      # 使用 $ 访问
habitats[["forest"]] # 使用 [[]] 访问

```

```

habitats[[1]]          # 使用位置索引

# 5. 计算各生境的平均物种数
forest_mean <- mean(habitats$forest)
grassland_mean <- mean(habitats$grassland)
wetland_mean <- mean(habitats$wetland)

# 6. 创建结果向量
habitat_means <- c(forest_mean, grassland_mean, wetland_mean)
names(habitat_means) <- c("森林", "草地", "湿地")

# 7. 比较结果
habitat_means
max(habitat_means)  # 哪个生境物种最多
which.max(habitat_means)  # 物种最多的生境位置

```

## 1.5.4 R 语言知识点详解

### 1.5.4.1 列表 (List) 数据结构

- 是什么: R 中最灵活的数据结构, 可以存储不同类型、不同长度的数据
- 语法: list(名称 1 = 数据 1, 名称 2 = 数据 2, ...)
- 核心特点:
  - 每个元素可以是不同的数据类型 (向量、数据框、甚至其他列表)
  - 每个元素可以有不同的长度
  - 元素可以有名称, 也可以没有
  - 是递归数据结构 (可以包含其他列表)
- 与向量、数据框的区别:
  - 向量: 同类型, 一维
  - 数据框: 不同列可以不同类型, 但同列必须同类型, 二维表格
  - 列表: 最灵活, 可以存储任何类型的 R 对象

### 1.5.4.2 列表元素访问方法

#### 1.5.4.2.1 美元符号 \$ 访问 (推荐)

- 语法: 列表名 \$ 元素名
- 特点:
  - 最直观、最常用的方法
  - 只能用于有名称的元素
  - 支持 RStudio 中的自动补全
  - 返回元素的原始类型

#### 1.5.4.2.2 双括号 [[ ]] 访问

- 语法: 列表名 [[ " 元素名 " ]] 或 列表名 [[位置]]
- 特点:
  - 更灵活, 可以使用变量作为索引
  - 可以使用数字位置索引
  - 返回元素的原始类型
- 示例:

```
element_name <- "forest"
habitats[[element_name]] # 使用变量
habitats[[1]] # 使用位置
```

#### 1.5.4.2.3 单括号 [] 访问

- 语法: 列表名 [元素名或位置]
- 特点: 返回包含该元素的子列表 (仍然是列表类型)
- 与 [[]] 的区别:
  - habitats[1] 返回包含第一个元素的列表
  - habitats[[1]] 返回第一个元素本身 (向量)

#### 1.5.4.3 向量命名系统

##### 1.5.4.3.1 names() 函数

- 作用: 为向量的每个元素分配名称
- 语法: names(向量) <- c("名称 1", "名称 2", ...)
- 好处:
  - 增加数据的可读性
  - 便于后续的数据访问和处理
  - 在图表中自动显示有意义的标签
- 应用:

```
# 创建时命名
scores <- c(数学 = 95, 英语 = 88, 物理 = 92)

# 后续命名
scores <- c(95, 88, 92)
names(scores) <- c("数学", "英语", "物理")
```

#### 1.5.4.4 比较和查找函数

##### 1.5.4.4.1 max() 和 min()

- 作用: 找到向量中的最大值或最小值
- 语法: max(x, na.rm = FALSE)
- 参数: na.rm 控制是否忽略缺失值

##### 1.5.4.4.2 which.max() 和 which.min()

- 作用: 返回最大值或最小值的位置索引
- 语法: which.max(x)
- 返回值: 整数, 表示最大值在向量中的位置
- 应用场景: 找到最优样地、最佳条件等
- 注意: 如果有多个相同的最大值, 只返回第一个的位置

#### 1.5.4.5 数据组织策略

- 何时使用列表:
  - 存储相关但结构不同的数据
  - 分组存储实验数据
  - 存储分析结果的不同组成部分
- 命名的重要性:

- 提高代码可读性
- 便于数据访问
- 减少错误发生
- **最佳实践:**
  - 使用有意义的名称
  - 保持命名风格一致
  - 适当添加注释说明数据来源

### 1.5.5 课后练习

题目：某保护区三个监测站的哺乳动物目击次数：

```
station_a <- c(8, 12, 6, 10)
station_b <- c(15, 18, 14, 16)
station_c <- c(3, 5, 2, 4)
```

请完成（使用向量、列表、命名等已学内容）：

1. 将三个监测站的数据组织成一个列表（使用 `list()` 函数）

2. 计算每个监测站的平均目击次数（使用 `mean()` 和列表访问）
3. 创建一个命名向量显示三个站点的平均值（使用 `names()` 函数）
4. 找出哪个监测站的平均目击次数最高（使用 `which.max()` 函数）
5. 计算所有监测站的总目击次数（使用 `sum()` 和向量合并）
6. 创建一个数据框，包含站点名称和对应的平均目击次数
7. 比较站点 A 和站点 B 的数据变异程度（使用 `sd()` 函数计算标准差）

## 1.6 外部数据导入与条件筛选分析

### 1.6.1 生态学背景

长期鸟类监测项目通常将数据保存在 Excel 或 CSV 文件中。我们需要学会将这些外部数据导入 R 中进行分析，并根据研究需要筛选特定时间段的数据。

### 1.6.2 演示数据文件 (`bird_monitoring.csv`)

```
date,month,species,count,observer
2023-03-15,3, 白头鵙,12, 张三
2023-03-15,3, 麻雀,25, 张三
2023-04-20,4, 喜鹊,8, 李四
2023-04-20,4, 白头鵙,15, 李四
2023-05-10,5, 燕子,20, 王五
2023-06-05,6, 麻雀,18, 张三
2023-06-05,6, 白头鵙,22, 张三
2023-07-12,7, 喜鹊,10, 李四
```

### 1.6.3 课堂演示过程

```
# 1. 读取鸟类监测数据
bird_data <- read.csv("bird_monitoring.csv", stringsAsFactors = FALSE)

# 2. 查看数据概况
head(bird_data)      # 前几行
tail(bird_data)      # 后几行
```

```

str(bird_data)      # 数据结构
summary(bird_data)  # 数据摘要

# 3. 查看数据维度
nrow(bird_data)    # 有多少条记录
ncol(bird_data)    # 有多少个变量

# 4. 查看具体列的信息
unique(bird_data$species)   # 观察到哪些物种
unique(bird_data$observer)  # 有哪些调查员
range(bird_data$month)      # 调查的月份范围

# 5. 筛选春季数据 (3-5 月)
spring_birds <- subset(bird_data, month %in% c(3, 4, 5))
spring_birds

# 6. 筛选特定物种
baijitou_data <- subset(bird_data, species == "白头鹎")
baijitou_data

# 7. 条件组合筛选
spring_bajitou <- subset(bird_data, month %in% c(3, 4, 5) & species == "白头鹎")
spring_bajitou

# 8. 计算统计量
total_count <- sum(bird_data$count)
mean_count <- mean(bird_data$count)
paste("总观察个体数:", total_count, "平均每次观察:", round(mean_count, 1))

```

## 1.6.4 R 语言知识点详解

### 1.6.4.1 数据导入函数 `read.csv()`

- 作用：从 CSV（逗号分隔值）文件中读取数据，创建数据框
- 语法：`read.csv(file, header = TRUE, sep = ",", stringsAsFactors = FALSE, ...)`
- 重要参数详解：
  - `file`: 文件路径，可以是本地文件或网络 URL
  - `header = TRUE`: 第一行是否为列名，默认 TRUE
  - `sep = ","`: 字段分隔符，CSV 默认逗号
  - `stringsAsFactors = FALSE`: 是否将字符串转换为因子，建议设为 FALSE
  - `encoding`: 文件编码，中文文件可能需要设置为“UTF-8”
- 文件路径注意事项：
  - Windows 系统使用反斜杠 \，但 R 中需要转义 \\ 或使用正斜杠 /
  - 使用相对路径时，基于当前工作目录
  - 可用 `getwd()` 查看当前工作目录，`setwd()` 设置工作目录

### 1.6.4.2 数据概览函数集

#### 1.6.4.2.1 `summary()` - 数据摘要

- 作用：提供每列数据的统计摘要
- 不同数据类型的摘要：
  - 数值型：最小值、第一四分位数、中位数、均值、第三四分位数、最大值
  - 字符型：长度、类别、模式
  - 因子型：各水平的频数

- **应用价值:** 快速了解数据分布、发现异常值

#### 1.6.4.2.2 `unique()` - 唯一值

- **作用:** 返回向量中的所有不重复值
- **语法:** `unique(x)`
- **应用场景:**
  - 查看分类变量的所有类别
  - 检查数据录入是否有错误（如拼写错误）
  - 了解数据的多样性
- **相关函数:** `duplicated()` 检查重复值

#### 1.6.4.2.3 `range()` - 值域范围

- **作用:** 返回向量的最小值和最大值
- **语法:** `range(x, na.rm = FALSE)`
- **返回值:** 长度为 2 的向量, `c(最小值, 最大值)`
- **应用:** 快速了解数据的取值范围

### 1.6.4.3 数据筛选系统

#### 1.6.4.3.1 `subset()` 函数 (推荐方式)

- **作用:** 根据条件筛选数据框的行
- **语法:** `subset(x, subset, select)`
- **参数详解:**
  - `x`: 要筛选的数据框
  - `subset`: 逻辑条件表达式
  - `select`: 选择的列 (可选)
- **优势:** 语法简洁, 不需要重复写数据框名称

#### 1.6.4.3.2 逻辑操作符详解

##### 1.6.4.3.2.1 `%in%` 操作符

- **作用:** 检查左边的值是否在右边的向量中
- **语法:** `x %in% y`
- **示例:** `month %in% c(3, 4, 5)` 检查月份是否是 3、4、5 中的一个
- **与 `==` 的区别:**
  - `==` 只能比较单个值
  - `%in%` 可以同时比较多个值

##### 1.6.4.3.2.2 `==` 等于操作符

- **作用:** 检查两个值是否相等
- **注意事项:**
  - 区分大小写: `"A" == "a"` 为 FALSE
  - 精确匹配: `"cat" == "cats"` 为 FALSE
  - 用于字符串时必须完全匹配

##### 1.6.4.3.2.3 `&` 逻辑与操作符

- **作用:** 连接多个条件, 所有条件都必须为 TRUE
- **语法:** 条件 1 `&` 条件 2 `&` ...
- **相关操作符:**
  - `|`: 逻辑或, 任一条件为 TRUE 即可
  - `!`: 逻辑非, 取反

#### 1.6.4.4 4. 数值处理函数

##### 1.6.4.4.1 round() - 四舍五入

- 语法: `round(x, digits = 0)`
- 参数:
  - `x`: 要舍入的数值
  - `digits`: 保留的小数位数
- 应用: 美化输出结果, 控制精度

#### 1.6.4.5 数据导入最佳实践

- 文件检查: 导入前先用文本编辑器查看文件格式
- 编码处理: 中文数据注意编码问题
- 数据验证: 导入后立即检查数据结构和内容
- 备份原始数据: 避免在原始数据上直接修改
- 路径管理: 使用项目文件夹, 保持文件路径的一致性

### 1.6.5 课后练习

题目: 假设有一个植被监测数据文件包含以下列: - date: 调查日期 - season: 季节 (春、夏、秋、冬)  
 - plot: 样地编号 - coverage: 植被覆盖度 (%) - height: 平均高度 (cm)

请完成 (使用数据导入、数据框操作、条件筛选等已学内容):

1. 创建模拟数据或读取数据文件

2. 查看数据的基本信息 (使用 `nrow()`, `ncol()`, `str()`, `summary()`)
3. 筛选夏季的数据 (使用 `subset()` 函数)
4. 筛选植被覆盖度大于 80% 的记录 (使用 `subset()` 函数和条件)
5. 计算所有样地的平均植被覆盖度和平均高度 (使用 `mean()` 函数)
6. 找出覆盖度最高的样地 (使用 `which.max()` 函数)
7. 创建一个汇总报告 (使用 `paste()` 函数)

## 1.7 缺失值和异常值的识别处理

### 1.7.1 生态学背景

在水质监测中, 由于仪器故障、人为记录错误等原因, 经常出现缺失值和异常值。数据清理是生态学数据分析的重要步骤, 需要识别和处理这些问题数据。

### 1.7.2 演示数据

```
# 湖泊水质监测数据 (包含缺失值和异常值)
water_quality <- data.frame(
  site_id = c("湖心", "入水口", "出水口", "湖心", "入水口", "出水口"),
  date = c("2023-05-01", "2023-05-01", "2023-05-01", "2023-05-15", "2023-05-15", "2023-05-15"),
  pH = c(7.2, 6.8, NA, 7.5, 6.9, 7.1),
  temperature_C = c(18.5, 19.2, 20.1, 999, 19.8, 20.3), # 999 为仪器错误读数
  dissolved_oxygen = c(8.2, 7.5, 8.8, 8.1, NA, 8.4)
)
```

### 1.7.3 课堂演示过程

```

# 1. 创建包含问题的水质数据
water_quality <- data.frame(
  site_id = c("湖心", "入水口", "出水口", "湖心", "入水口", "出水口"),
  date = c("2023-05-01", "2023-05-01", "2023-05-01", "2023-05-15", "2023-05-15", "2023-05-15"),
  pH = c(7.2, 6.8, NA, 7.5, 6.9, 7.1),
  temperature_C = c(18.5, 19.2, 20.1, 999, 19.8, 20.3),
  dissolved_oxygen = c(8.2, 7.5, 8.8, 8.1, NA, 8.4)
)

# 2. 查看原始数据
print(water_quality)
str(water_quality)

# 3. 检查缺失值
is.na(water_quality) # 显示所有缺失值位置
sum(is.na(water_quality$pH)) # pH 缺失值个数
sum(is.na(water_quality$dissolved_oxygen)) # 溶解氧缺失值个数

# 4. 识别异常值
summary(water_quality$temperature_C) # 查看温度的统计摘要
water_quality$temperature_C > 50 # 找出不合理的高温值

# 5. 处理缺失值 - 用均值填补
ph_mean <- mean(water_quality$pH, na.rm = TRUE) # 计算 pH 均值 (忽略 NA)
water_quality$pH[is.na(water_quality$pH)] <- ph_mean

# 6. 处理异常值 - 替换为 NA
water_quality$temperature_C[water_quality$temperature_C > 50] <- NA

# 7. 查看清理后的数据
print(water_quality)

# 8. 删除包含 NA 的整行 (如果需要)
clean_data <- na.omit(water_quality)
print(clean_data)

# 9. 计算清理后的统计量
mean(clean_data$temperature_C)
mean(clean_data$pH)
mean(clean_data$dissolved_oxygen)

```

### 1.7.4 R 语言知识点详解

#### 1.7.4.1 缺失值 (Missing Values) 处理系统

##### 1.7.4.1.1 缺失值的概念

- 什么是 NA: Not Available 的缩写, 表示缺失或不可用的数据
- NA 的特点:
  - 任何包含 NA 的运算结果都是 NA
  - NA 具有传染性:  $1 + \text{NA} = \text{NA}$
  - NA 不等于任何值, 包括它自己:  $\text{NA} == \text{NA}$  返回 NA 而不是 TRUE

#### 1.7.4.1.2 `is.na()` 函数

- 作用: 检测缺失值的位置
- 语法: `is.na(x)`
- 返回值: 与输入同样结构的逻辑向量/矩阵, TRUE 表示缺失
- 应用方式:
  - 检查单个向量: `is.na(vector)`
  - 检查整个数据框: `is.na(data.frame)`
  - 统计缺失值数量: `sum(is.na(vector))`

#### 1.7.4.1.3 `na.rm` 参数

- 作用: 在统计计算中移除缺失值
- 语法: `function(x, na.rm = FALSE)`
- 适用函数: `mean()`, `sum()`, `max()`, `min()`, `sd()` 等
- 重要性: 不设置 `na.rm = TRUE` 时, 有 NA 的计算结果都是 NA
- 示例对比:

```
x <- c(1, 2, NA, 4)
mean(x)          # 返回 NA
mean(x, na.rm = TRUE) # 返回 2.33
```

#### 1.7.4.1.4 `na.omit()` 函数

- 作用: 删除包含任何缺失值的完整行
- 语法: `na.omit(x)`
- 返回值: 不含任何 NA 的数据框
- 注意事项:
  - 可能导致大量数据丢失
  - 需要评估删除行对分析的影响
  - 适合缺失值较少且随机分布的情况

### 1.7.4.2 异常值 (Outliers) 识别与处理

#### 1.7.4.2.1 异常值的识别方法

- 统计方法: 使用 `summary()` 查看数据分布, 识别明显不合理的值
- 业务逻辑: 基于专业知识判断, 如温度 999°C 明显错误
- 可视化方法: 使用箱线图、散点图等发现异常值
- 统计阈值: 如超出 3 倍标准差的值

#### 1.7.4.2.2 异常值处理策略

1. **删除异常值**: 适用于明显的录入错误
2. **替换为 NA**: 保留数据结构, 标记为缺失
3. **替换为合理值**: 用中位数、均值等替换
4. **保留但标记**: 在分析中特殊处理

### 1.7.4.3 条件替换技术

#### 1.7.4.3.1 逻辑索引替换

- 语法: `data[condition] <- new_value`
- 原理: 通过逻辑条件选择满足条件的元素进行替换

- 示例：

```
# 将所有负值替换为 0
data[data < 0] <- 0

# 将异常高值替换为 NA
data[data > threshold] <- NA
```

#### 1.7.4.3.2 which() 函数

- 作用：返回满足条件的元素位置索引
- 语法：which(condition)
- 与直接逻辑索引的区别：
  - 逻辑索引：返回 TRUE/FALSE 向量
  - which()：返回位置数字向量
- 应用：当需要知道具体位置时使用

#### 1.7.4.4 数据清理流程和最佳实践

##### 1.7.4.4.1 标准数据清理流程

- 数据探索：使用 str(), summary(), head(), tail() 了解数据
- 缺失值检查：使用 is.na(), sum(is.na()) 统计缺失情况
- 异常值识别：结合统计和专业知识识别异常值
- 清理决策：选择合适的处理方法
- 执行清理：应用处理方法
- 验证结果：检查清理后的数据质量

##### 1.7.4.4.2 数据清理的注意事项

- 保留原始数据：清理前备份原始数据
- 记录清理过程：文档化所有清理步骤和决策理由
- 验证合理性：确保清理后的数据符合业务逻辑
- 评估影响：分析清理对后续分析的影响

##### 1.7.4.4.3 缺失值填补方法选择

- 均值填补：适用于数值变量，数据接近正态分布
- 中位数填补：适用于有偏斜的数值变量
- 众数填补：适用于分类变量
- 前向/后向填补：适用于时间序列数据
- 预测模型填补：基于其他变量预测缺失值

#### 1.7.5 课后练习

题目：某森林土壤调查数据：

```
soil_data <- data.frame(
  plot = c("A1", "A2", "A3", "B1", "B2", "B3"),
  organic_matter = c(3.2, NA, 2.8, 3.5, 2.9, 3.1),
  nitrogen_mg = c(45, 52, -10, 48, 51, 49), # -10 为异常负值
  moisture = c(25.5, 28.2, 22.1, NA, 26.8, 24.9)
)
```

请完成（使用缺失值处理、条件判断、数据清理等已学内容）：1. 检查每列的缺失值个数（使用 is.na() 和 sum() 函数）

2. 识别 nitrogen\_mg 列中的异常值（使用逻辑判断和 which() 函数）
3. 用均值填补 organic\_matter 的缺失值（使用 mean() 和 na.rm 参数）
4. 将 nitrogen\_mg 中的异常值替换为 NA（使用条件赋值）
5. 创建一个完全没有缺失值的干净数据集（使用 na.omit()）
6. 计算清理后数据的各项平均值（使用 mean() 函数）
7. 对比清理前后数据的 summary() 结果

## 1.8 描述性统计分析与基础数据可视化

### 1.8.1 生态学背景

不同森林类型的物种多样性存在显著差异。通过比较松林、栎林、混交林的物种数量，我们可以了解森林结构对生物多样性的影响。这需要用到描述性统计和基础可视化。

### 1.8.2 演示数据

```
# 三种森林类型各 5 个样地的物种数量
pine_forest <- c(22, 25, 20, 28, 24)      # 松林
oak_forest <- c(35, 32, 38, 30, 34)      # 栎林
mixed_forest <- c(45, 42, 48, 40, 46)      # 混交林
```

### 1.8.3 课堂演示过程

```
# 1. 创建三种森林类型数据
pine_forest <- c(22, 25, 20, 28, 24)
oak_forest <- c(35, 32, 38, 30, 34)
mixed_forest <- c(45, 42, 48, 40, 46)

# 2. 计算描述性统计
# 平均值
pine_mean <- mean(pine_forest)
oak_mean <- mean(oak_forest)
mixed_mean <- mean(mixed_forest)

# 标准差
pine_sd <- sd(pine_forest)
oak_sd <- sd(oak_forest)
mixed_sd <- sd(mixed_forest)

# 最大值和最小值
range(pine_forest)
range(oak_forest)
range(mixed_forest)

# 3. 创建汇总表
forest_summary <- data.frame(
  森林类型 = c("松林", "栎林", "混交林"),
  平均物种数 = c(pine_mean, oak_mean, mixed_mean),
  标准差 = c(pine_sd, oak_sd, mixed_sd),
  最大值 = c(max(pine_forest), max(oak_forest), max(mixed_forest)),
```

```

    最小值 = c(min(pine_forest), min(oak_forest), min(mixed_forest))
)
print(forest_summary)

# 4. 箱线图比较
boxplot(pine_forest, oak_forest, mixed_forest,
         names = c("松林", "栎林", "混交林"),
         ylab = "物种数量",
         main = "不同森林类型物种多样性比较",
         col = c("lightgreen", "lightblue", "lightyellow"))

# 5. 添加平均值点
points(1:3, c(pine_mean, oak_mean, mixed_mean),
       col = "red", pch = 19, cex = 1.5)

# 6. 条形图显示平均值
barplot(c(pine_mean, oak_mean, mixed_mean),
         names.arg = c("松林", "栎林", "混交林"),
         ylab = "平均物种数",
         main = "各森林类型平均物种数量",
         col = c("lightgreen", "lightblue", "lightyellow"))

# 7. 方差分析 (简单介绍)
all_data <- c(pine_forest, oak_forest, mixed_forest)
forest_type <- rep(c("松林", "栎林", "混交林"), each = 5)
forest_df <- data.frame(species_count = all_data, type = forest_type)

```

## 1.8.4 R 语言知识点详解

### 1.8.4.1 描述性统计函数深入解析

#### 1.8.4.1.1 sd() - 标准差函数

- 作用：计算样本标准差，衡量数据的离散程度
- 语法：`sd(x, na.rm = FALSE)`
- 数学含义：
  - 标准差越大，数据越分散
  - 标准差越小，数据越集中在均值附近
  - 单位与原数据相同
- 与方差的关系：标准差 =  $\sqrt{\text{方差}}$
- 相关函数：
  - `var()`：计算方差
  - `mad()`：计算中位数绝对偏差（对异常值更稳健）

#### 1.8.4.1.2 range() - 值域函数

- 作用：返回最小值和最大值组成的向量
- 语法：`range(x, na.rm = FALSE)`
- 返回值：长度为 2 的数值向量 `c(min, max)`
- 应用：
  - 快速了解数据的取值范围
  - 检查数据是否在合理范围内
  - 设置图形的坐标轴范围

### 1.8.4.2 R 基础绘图系统详解

#### 1.8.4.2.1 boxplot() - 箱线图函数

- 作用: 绘制箱线图, 显示数据的分布特征
- 语法: `boxplot(..., names, main, xlab, ylab, col)`
- 箱线图解读:
  - 盒子: 第一四分位数 (Q1) 到第三四分位数 (Q3), 包含 50% 的数据
  - 中线: 中位数 (Q2)
  - 频线: 延伸到 1.5 倍四分位数间距的范围
  - 点: 超出频线的异常值
- 参数详解:
  - `names`: 各组的标签
  - `main`: 图形标题
  - `xlab, ylab`: x 轴和 y 轴标签
  - `col`: 填充颜色
  - `border`: 边框颜色
  - `notch`: 是否显示置信区间缺口

#### 1.8.4.2.2 barplot() - 条形图函数

- 作用: 绘制条形图, 比较不同组的数值
- 语法: `barplot(height, names.arg, main, xlab, ylab, col)`
- 参数详解:
  - `height`: 条形的高度值
  - `names.arg`: 条形的标签
  - `beside`: 并排显示多组数据时设为 TRUE
  - `horiz`: 是否绘制水平条形图
- 应用场景:
  - 比较不同组的均值
  - 显示分类数据的频数
  - 展示比例或百分比

### 1.8.4.3 图形参数和美化

#### 1.8.4.3.1 颜色参数 col

- 预定义颜色: "red", "blue", "green" 等
- 颜色名称: `colors()` 查看所有可用颜色名称
- 十六进制: "#FF0000" (红色)
- RGB 函数: `rgb(1, 0, 0)` (红色)
- 颜色向量: 为不同元素指定不同颜色

#### 1.8.4.3.2 点的形状参数 pch

- 常用形状:
  - `pch = 1`: 空心圆
  - `pch = 19`: 实心圆
  - `pch = 2`: 空心三角形
  - `pch = 17`: 实心三角形
  - `pch = 15`: 实心方形
- 字符形状: `pch = "A"` 使用字符 A 作为点

#### 1.8.4.3.3 大小参数 cex

- 作用: 控制图形元素的大小
- 默认值: 1.0

- **用法:**
  - `cex = 1.5`: 放大 1.5 倍
  - `cex = 0.8`: 缩小为 0.8 倍
- **相关参数:**
  - `cex.main`: 标题大小
  - `cex.lab`: 轴标签大小
  - `cex.axis`: 轴数字大小

#### 1.8.4.4 图形叠加和增强

##### 1.8.4.4.1 `points()` - 添加点

- **作用:** 在现有图形上添加点
- **语法:** `points(x, y, col, pch, cex)`
- **坐标系统:** 使用与原图相同的坐标系统
- **应用:** 在箱线图上标记均值、在散点图上突出特定点

##### 1.8.4.4.2 图形叠加的原理

- **图层概念:** R 绘图采用图层叠加的方式
- **顺序重要:** 后绘制的元素会覆盖先绘制的元素
- **坐标统一:** 所有叠加元素必须使用相同的坐标系统

#### 1.8.4.5 数据重组和整理

##### 1.8.4.5.1 `rep()` - 重复函数

- **作用:** 重复向量元素
- **语法:** `rep(x, times, each, length.out)`
- **参数说明:**
  - `times`: 整个向量重复的次数
  - `each`: 每个元素重复的次数
  - `length.out`: 输出向量的长度
- **示例:**

```
rep(c("A", "B"), times = 2)      # "A" "B" "A" "B"
rep(c("A", "B"), each = 2)        # "A" "A" "B" "B"
rep(c("A", "B"), length.out = 5)  # "A" "B" "A" "B" "A"
```

#### 1.8.4.6 图形设计最佳实践

##### 1.8.4.6.1 色彩选择原则

- **对比度:** 确保不同组别容易区分
- **色盲友好:** 避免仅依赖红绿色区分
- **一致性:** 同一类型数据使用相同色系
- **专业性:** 避免过于鲜艳的颜色

##### 1.8.4.6.2 标签和标题

- **信息完整:** 包含变量名称和单位
- **简洁明了:** 避免过长的标题
- **中文支持:** 确保中文字符正确显示

#### 1.8.4.6.3 图形尺寸和比例

- **合适的比例**: 避免图形过于压缩或拉伸
- **合理的尺寸**: 适合展示媒介的大小
- **留白空间**: 给图形元素足够的空间

#### 1.8.5 课后练习

题目: 某保护区三种植被类型的蝴蝶物种数调查:

```
shrubland <- c(12, 15, 10, 14, 13)      # 灌丛
meadow <- c(18, 22, 20, 19, 21)        # 草甸
riparian <- c(25, 28, 23, 27, 26)       # 河岸林
```

请完成 (使用描述统计、基础绘图等已学内容): 1. 计算三种植被类型的平均物种数和标准差 (使用 mean() 和 sd() 函数)

2. 创建一个汇总表显示基本统计信息 (使用 data.frame())
3. 绘制箱线图比较三种植被类型 (使用 boxplot() 函数)
4. 绘制条形图显示平均物种数 (使用 barplot() 函数)
5. 在箱线图上添加平均值点 (使用 points() 函数)
6. 判断哪种植被类型的蝴蝶多样性最高 (使用 which.max() 和 max() 函数)
7. 计算每种植被类型的变异系数 (标准差/平均值 × 100)

### 1.9 条件判断、循环结构与函数编程

#### 1.9.1 生态学背景

在群落生态学研究中, 经常需要根据不同条件对物种进行分类处理, 或者对大量样地数据进行批量处理。这需要用到编程中的条件判断和循环结构, 让 R 能够自动化完成重复性工作。

#### 1.9.2 演示数据

```
# 某自然保护区不同海拔的物种调查数据
sites_data <- data.frame(
  site_id = paste0("S", 1:10),
  elevation = c(1200, 1450, 1800, 2100, 2350, 1650, 1900, 2200, 1750, 2050),
  species_count = c(45, 52, 38, 28, 22, 48, 35, 25, 42, 30),
  dominant_species = c("栎树", "栎树", "云杉", "冷杉", "高山杜鹃", "栎树", "云杉", "冷杉", "云杉", "冷杉")
)
```

#### 1.9.3 课堂演示过程

##### 1.9.3.1 条件判断基础

```
# 创建示例数据
sites_data <- data.frame(
  site_id = paste0("S", 1:10),
  elevation = c(1200, 1450, 1800, 2100, 2350, 1650, 1900, 2200, 1750, 2050),
  species_count = c(45, 52, 38, 28, 22, 48, 35, 25, 42, 30),
  dominant_species = c("栎树", "栎树", "云杉", "冷杉", "高山杜鹃", "栎树", "云杉", "冷杉", "云杉", "冷杉")
)
```

```
# 简单的 if 语句
elevation_threshold <- 2000
if (sites_data$elevation[1] > elevation_threshold) {
  print("高海拔样地")
} else {
  print("低海拔样地")
}

# if-else 判断所有样地
for (i in 1:nrow(sites_data)) {
  if (sites_data$elevation[i] > 2000) {
    print(paste(sites_data$site_id[i], "是高海拔样地"))
  } else {
    print(paste(sites_data$site_id[i], "是低海拔样地"))
  }
}
```

### 1.9.3.2 向量化条件判断

```
# 使用 ifelse() 函数进行向量化判断
sites_data$elevation_zone <- ifelse(sites_data$elevation > 2000, "高海拔", "低海拔")
print(sites_data[, c("site_id", "elevation", "elevation_zone")])

# 多层条件判断
sites_data$vegetation_type <- ifelse(sites_data$elevation < 1500, "阔叶林",
                                         ifelse(sites_data$elevation < 2000, "混交林", "针叶林"))
print(sites_data[, c("site_id", "elevation", "vegetation_type")])
```

### 1.9.3.3 for 循环处理

```
# 计算每个样地的多样性指数类别
diversity_categories <- character(nrow(sites_data))

for (i in 1:nrow(sites_data)) {
  species_num <- sites_data$species_count[i]
  if (species_num >= 40) {
    diversity_categories[i] <- "高多样性"
  } else if (species_num >= 30) {
    diversity_categories[i] <- "中等多样性"
  } else {
    diversity_categories[i] <- "低多样性"
  }
}

sites_data$diversity_category <- diversity_categories
print(sites_data[, c("site_id", "species_count", "diversity_category")])
```

### 1.9.3.4 自定义函数编写

```
# 编写海拔带判断函数
classify_elevation_zone <- function(elevation) {
  if (elevation < 1500) {
```

```

    return(" 低山带")
} else if (elevation < 2000) {
    return(" 中山带")
} else {
    return(" 高山带")
}
}

# 测试函数
classify_elevation_zone(1800)
classify_elevation_zone(2200)

# 批量应用函数
sites_data$elevation_belt <- sapply(sites_data$elevation, classify_elevation_zone)
print(sites_data[, c("site_id", "elevation", "elevation_belt")])

```

### 1.9.3.5 复杂条件处理

```

# 编写综合评估函数
assess_conservation_value <- function(elevation, species_count, dominant_sp) {
  score <- 0

  # 海拔因子
  if (elevation > 2000) {
    score <- score + 2
  } else if (elevation > 1500) {
    score <- score + 1
  }

  # 物种多样性因子
  if (species_count > 40) {
    score <- score + 2
  } else if (species_count > 30) {
    score <- score + 1
  }

  # 优势种稀有性因子
  rare_species <- c(" 高山杜鹃", " 冷杉")
  if (dominant_sp %in% rare_species) {
    score <- score + 1
  }

  # 返回保护价值等级
  if (score >= 4) {
    return(" 极高价值")
  } else if (score >= 3) {
    return(" 高价值")
  } else if (score >= 2) {
    return(" 中等价值")
  } else {
    return(" 一般价值")
  }
}

```

```
# 应用综合评估
sites_data$conservation_value <- mapply(assess_conservation_value,
                                         sites_data$elevation,
                                         sites_data$species_count,
                                         sites_data$dominant_species)

print(sites_data[, c("site_id", "conservation_value")])
```

## 1.9.4 R 语言知识点详解

### 1.9.4.1 条件判断结构

#### 1.9.4.1.1 if 语句

- 语法: `if (条件) { 执行代码 }`
- 条件: 必须是逻辑值 (TRUE/FALSE)
- 执行规则: 条件为 TRUE 时执行大括号内的代码
- 注意事项: 条件必须是长度为 1 的逻辑向量

#### 1.9.4.1.2 if-else 语句

- 语法:

```
if (条件) {
  # 条件为 TRUE 时执行
} else {
  # 条件为 FALSE 时执行
}
```

- 多重条件: `else if` 可以链式连接
- 最佳实践: 始终使用大括号, 即使只有一行代码

#### 1.9.4.1.3 ifelse() 函数 (向量化)

- 语法: `ifelse(test, yes, no)`
- 优势: 可以处理向量, 一次性判断多个元素
- 参数:
  - `test`: 逻辑向量条件
  - `yes`: 条件为 TRUE 时返回的值
  - `no`: 条件为 FALSE 时返回的值
- 嵌套使用: 可以嵌套实现多重条件判断

### 1.9.4.2 循环结构

#### 1.9.4.2.1 for 循环

- 语法: `for (变量 in 序列) { 循环体 }`
- 常见用法:

```
# 按索引循环
for (i in 1:10) { }

# 按元素循环
for (item in vector) { }
```

```
# 按名称循环
for (name in names(list)) { }
```

- 循环控制:
  - break: 跳出循环
  - next: 跳过当前迭代

#### 1.9.4.2.2 其他循环类型

- while 循环: while (条件) { 循环体 }
- repeat 循环: repeat { 循环体; if(条件) break }

#### 1.9.4.3 函数定义

##### 1.9.4.3.1 基本函数语法

- 语法:
 

```
函数名 <- function(参数 1, 参数 2 = 默认值) {
  # 函数体
  return(返回值)
}
```

- 参数:
  - 必需参数: 调用时必须提供
  - 可选参数: 有默认值, 可省略
- 返回值:
  - 显式返回: 使用 return()
  - 隐式返回: 函数最后一个表达式的值

##### 1.9.4.3.2 函数设计原则

- 单一职责: 一个函数只做一件事
- 参数验证: 检查输入参数的有效性
- 错误处理: 使用 stop()、warning() 处理异常
- 文档化: 添加注释说明函数用途和参数

#### 1.9.4.4 高级应用函数

##### 1.9.4.4.1 sapply() - 简化的 apply

- 作用: 对向量或列表的每个元素应用函数
- 语法: sapply(X, FUN, ...)
- 返回值: 简化后的向量或矩阵
- 与 lapply() 的区别:
  - lapply() 总是返回列表
  - sapply() 尝试简化结果

##### 1.9.4.4.2 mapply() - 多变量 apply

- 作用: 同时对多个向量应用函数
- 语法: mapply(FUN, ..., MoreArgs = NULL)
- 应用场景: 函数需要多个参数时使用
- 示例: mapply(function(x, y) x + y, vector1, vector2)

#### 1.9.4.5 逻辑运算符

##### 1.9.4.5.1 基本逻辑运算符

- `==`: 等于
- `!=`: 不等于
- `>、<、>=、<=`: 比较运算符
- `&`: 与 (向量化)
- `|`: 或 (向量化)
- `!`: 非
- `&&、||`: 短路逻辑运算符 (只判断第一个元素)

##### 1.9.4.5.2 成员测试

- `%in%`: 检查元素是否在向量中
- `is.na()`: 检查缺失值
- `is.null()`: 检查空值

#### 1.9.4.6 编程最佳实践

##### 1.9.4.6.1 代码组织

- **缩进**: 使用一致的缩进 (建议 2 或 4 个空格)
- **命名**: 使用有意义的变量名和函数名
- **注释**: 解释复杂逻辑和算法思路
- **模块化**: 将复杂任务分解为简单函数

##### 1.9.4.6.2 性能考虑

- **向量化**: 优先使用向量化操作而非循环
- **预分配**: 循环前预分配存储空间
- **避免增长**: 不要在循环中动态增长向量

##### 1.9.4.6.3 调试技巧

- `print()`: 在关键位置输出变量值
- `browser()`: 设置断点进行交互式调试
- `traceback()`: 查看错误调用堆栈
- **分步测试**: 逐步测试函数的各个部分

#### 1.9.5 课后练习

题目: 某湿地鸟类监测数据包含以下信息:

```
bird_monitoring <- data.frame(
  site = c("A1", "A2", "B1", "B2", "C1", "C2"),
  water_depth = c(15, 25, 45, 35, 65, 55), # 水深 (cm)
  bird_abundance = c(8, 12, 20, 16, 5, 8), # 鸟类丰度
  season = c("春季", "春季", "夏季", "夏季", "秋季", "秋季")
)
```

请完成 (使用 if-else、循环、函数等编程内容, 结合之前学过的数据处理方法):

1. 使用 `ifelse()` 函数, 根据水深将栖息地分类 (<30cm 浅水区, 30-50cm 中等深度, >50cm 深水区)

2. 编写函数 `classify_habitat_quality()`, 综合水深和鸟类丰度评估栖息地质量
3. 使用 `for` 循环, 计算每个季节的平均鸟类丰度
4. 创建一个新列, 标记高丰度样地 (丰度 >15 为高丰度, 使用 `ifelse()`)

5. 编写函数处理整个数据集，输出每个样地的综合评估报告
6. 使用 `apply` 族函数重做第 3 题（比较循环和向量化方法的差异）

## 1.10 现代数据科学工具包应用

### 1.10.1 生态学背景

现代生态学研究产生的数据日益复杂，传统的基础 R 语法在处理复杂数据操作时略显繁琐。`tidyverse` 是 R 语言的现代数据处理工具包，提供了更直观、更高效的数据处理方法，特别适合处理多变量、多时间点的生态学数据。

### 1.10.2 演示数据

```
# 模拟某森林样地多年监测数据
library(tidyverse)

# 创建模拟数据
forest_monitoring <- data.frame(
  plot_id = rep(paste0("Plot_", 1:5), each = 12),
  year = rep(2018:2021, times = 15),
  season = rep(c("春", "夏", "秋"), times = 20),
  temperature = rnorm(60, mean = 15, sd = 5),
  humidity = rnorm(60, mean = 70, sd = 10),
  species_richness = rpois(60, lambda = 25),
  tree_height = rnorm(60, mean = 12, sd = 3),
  soil_ph = rnorm(60, mean = 6.5, sd = 0.5)
)
```

### 1.10.3 课堂演示过程

#### 1.10.3.1 `tidyverse` 包的加载和数据查看

```
# 安装和加载 tidyverse
# install.packages("tidyverse")
library(tidyverse)

# 创建示例数据（简化版）
forest_data <- tibble(
  plot_id = rep(c("A", "B", "C", "D"), each = 6),
  year = rep(2020:2022, times = 8),
  season = rep(c("春", "夏"), times = 12),
  temperature = c(12, 18, 15, 22, 10, 16, 14, 20, 13, 19, 11, 17,
                 16, 21, 14, 20, 12, 18, 15, 23, 13, 21, 11, 19),
  species_count = c(22, 28, 25, 32, 20, 24, 26, 30, 24, 28, 21, 25,
                   28, 34, 26, 32, 23, 27, 30, 36, 27, 31, 24, 28)
)

# 查看数据结构
glimpse(forest_data)
head(forest_data)
```

### 1.10.3.2 数据筛选与选择

```
# 使用 filter() 筛选行
summer_data <- forest_data %>%
  filter(season == "夏")

high_diversity <- forest_data %>%
  filter(species_count > 30)

recent_summer <- forest_data %>%
  filter(year >= 2021 & season == "夏")

# 使用 select() 选择列
temp_species <- forest_data %>%
  select(plot_id, temperature, species_count)

# 选择特定范围的列
core_variables <- forest_data %>%
  select(plot_id:season, species_count)

# 排除特定列
without_year <- forest_data %>%
  select(-year)
```

### 1.10.3.3 数据变换与新变量创建

```
# 使用 mutate() 创建新变量
forest_enhanced <- forest_data %>%
  mutate(
    temp_category = case_when(
      temperature < 15 ~ "低温",
      temperature < 20 ~ "中温",
      TRUE ~ "高温"
    ),
    diversity_index = species_count / 10, # 简化的多样性指数
    temp_celsius = temperature,
    temp_fahrenheit = temperature * 9/5 + 32
  )

# 查看结果
forest_enhanced %>%
  select(plot_id, temperature, temp_category, species_count, diversity_index)
```

### 1.10.3.4 数据排序与分组汇总

```
# 使用 arrange() 排序
forest_data %>%
  arrange(desc(species_count)) %>%
  head()

forest_data %>%
  arrange(plot_id, year, season)
```

```
# 使用 group_by() 和 summarise() 进行分组统计
plot_summary <- forest_data %>%
  group_by(plot_id) %>%
  summarise(
    n_observations = n(),
    mean_temperature = mean(temperature),
    mean_species = mean(species_count),
    max_species = max(species_count),
    sd_temperature = sd(temperature),
    .groups = 'drop'
  )

print(plot_summary)

# 多变量分组
season_plot_summary <- forest_data %>%
  group_by(season, plot_id) %>%
  summarise(
    mean_temp = mean(temperature),
    mean_species = mean(species_count),
    .groups = 'drop'
  )

print(season_plot_summary)
```

#### 1.10.3.5 数据重塑：长宽格式转换

```
# 宽格式转长格式 (gather/pivot_longer)
forest_long <- forest_data %>%
  pivot_longer(
    cols = c(temperature, species_count),
    names_to = "variable",
    values_to = "value"
  )

head(forest_long)

# 长格式转宽格式 (spread/pivot_wider)
forest_wide <- forest_long %>%
  pivot_wider(
    names_from = variable,
    values_from = value
  )

head(forest_wide)
```

#### 1.10.3.6 数据连接

```
# 创建额外的样地信息
plot_info <- tibble(
  plot_id = c("A", "B", "C", "D"),
  elevation = c(1200, 1450, 1800, 1600),
  soil_type = c("壤土", "砂土", "黏土", "壤土"),
```

```

management = c("保护", "管理", "保护", "管理")
)

# 左连接
forest_complete <- forest_data %>%
  left_join(plot_info, by = "plot_id")

head(forest_complete)

# 按管理类型分析
management_analysis <- forest_complete %>%
  group_by(management) %>%
  summarise(
    mean_temperature = mean(temperature),
    mean_species = mean(species_count),
    .groups = 'drop'
)
print(management_analysis)

```

## 1.10.4 R 语言知识点详解

### 1.10.4.1 tidyverse 哲学与管道操作

#### 1.10.4.1.1 管道操作符 %>%

- 作用: 将左侧结果作为右侧函数的第一个参数
- 优势:
  - 代码更易读: 从左到右, 从上到下
  - 减少中间变量: 避免创建临时对象
  - 链式操作: 多个操作连续进行
- 语法: data %>% function()
- 等价写法: function(data)

#### 1.10.4.1.2 tibble vs data.frame

- tibble 特点:
  - 更好的打印输出
  - 更严格的子集操作
  - 保持字符串为字符串 (不自动转因子)
  - 支持列名包含空格和特殊字符

### 1.10.4.2 数据筛选与选择

#### 1.10.4.2.1 filter() - 行筛选

- 语法: filter(data, condition1, condition2, ...)
- 多条件:
  - 逗号分隔: 逻辑与 (AND)
  - |: 逻辑或 (OR)
  - !: 逻辑非 (NOT)
- 常用条件:
  - ==、!=: 等于、不等于
  - >、<、>=、<=: 大小比较
  - %in%: 成员检查
  - is.na(): 缺失值检查

#### 1.10.4.2.2 `select()` - 列选择

- 基本选择: `select(data, col1, col2)`
- 范围选择: `select(data, col1:col3)`
- 排除选择: `select(data, -col1, -col2)`
- 辅助函数:
  - `starts_with()`: 以某字符开头
  - `ends_with()`: 以某字符结尾
  - `contains()`: 包含某字符
  - `matches()`: 正则表达式匹配

#### 1.10.4.3 数据变换

##### 1.10.4.3.1 `mutate()` - 新变量创建

- 基本用法: `mutate(data, new_col = expression)`
- 多变量: 可同时创建多个新变量
- 引用新建变量: 在同一个 `mutate()` 中可引用前面创建的变量
- 变量类型转换:
  - `as.numeric()`: 转数值
  - `as.character()`: 转字符
  - `as.factor()`: 转因子

##### 1.10.4.3.2 `case_when()` - 多条件分类

- 语法:

```
case_when(
  condition1 ~ value1,
  condition2 ~ value2,
  TRUE ~ default_value
)
```

- 优势: 替代复杂的嵌套 `ifelse()`
- 注意: 条件从上到下评估, 满足即停止

#### 1.10.4.4 数据排序与汇总

##### 1.10.4.4.1 `arrange()` - 数据排序

- 基本排序: `arrange(data, col)`
- 降序排序: `arrange(data, desc(col))`
- 多列排序: `arrange(data, col1, col2)`

##### 1.10.4.4.2 `group_by()` 与 `summarise()`

- 分组概念: 将数据按指定变量分组
- 汇总函数:
  - `n()`: 计数
  - `mean()`、`median()`: 均值、中位数
  - `sum()`、`min()`、`max()`: 求和、最小值、最大值
  - `sd()`、`var()`: 标准差、方差
- `.groups` 参数: 控制结果的分组状态

#### 1.10.4.5 数据重塑

##### 1.10.4.5.1 长宽格式概念

- 宽格式：每个变量一列，观察单位一行
- 长格式：变量名和变量值分别存储在不同列中
- 选择原则：
  - 分析时通常用长格式
  - 展示时通常用宽格式

#### 1.10.4.5.2 pivot\_longer() - 宽转长

- 语法: pivot\_longer(data, cols, names\_to, values\_to)
- 参数:
  - cols: 要转换的列
  - names\_to: 存储变量名的新列名
  - values\_to: 存储变量值的新列名

#### 1.10.4.5.3 pivot\_wider() - 长转宽

- 语法: pivot\_wider(data, names\_from, values\_from)
- 参数:
  - names\_from: 提供新列名的列
  - values\_from: 提供新列值的列

#### 1.10.4.6 数据连接

##### 1.10.4.6.1 连接类型

- left\_join(): 保留左表所有行
- right\_join(): 保留右表所有行
- inner\_join(): 仅保留匹配行
- full\_join(): 保留所有行

##### 1.10.4.6.2 连接语法

- 基本语法: left\_join(x, y, by = "key")
- 多键连接: by = c("key1", "key2")
- 不同列名: by = c("x\_key" = "y\_key")

#### 1.10.5 课后练习

题目：某湿地生物多样性调查数据：

```
wetland_survey <- tibble(
  site_id = rep(c("W1", "W2", "W3"), each = 8),
  date = rep(c("2022-05", "2022-08", "2022-05", "2022-08"), times = 6),
  plant_species = c(15, 18, 12, 16, 20, 25, 18, 22, 8, 12, 6, 10),
  bird_species = c(8, 12, 6, 9, 15, 18, 12, 14, 4, 7, 3, 5),
  water_level = c(45, 38, 50, 42, 35, 28, 40, 33, 55, 48, 60, 53)
)

site_characteristics <- tibble(
  site_id = c("W1", "W2", "W3"),
  area_ha = c(12, 8, 15),
  protection_status = c("保护区", "缓冲区", "实验区")
)
```

请完成（使用 tidyverse 工具链，结合之前学过的统计和可视化方法）：

1. 筛选出 5 月份的调查数据，并计算植物和鸟类物种总数（使用 filter() 和 mutate()）

2. 按站点分组，计算各站点的平均物种数和水位变化范围（使用 group\_by() 和 summarise()）

3. 连接站点特征数据，创建物种密度指标（物种数/面积）（使用 `left_join()` 和 `mutate()`）
4. 将数据从宽格式转换为长格式，便于后续统计分析（使用 `pivot_longer()`）
5. 根据保护状态和季节，分析不同组合下的生物多样性特征（使用 `group_by()` 和统计函数）
6. 使用 `ggplot2` 创建专业的可视化图表展示分析结果
7. 与第 9 课的传统方法对比，体会 `tidyverse` 的优势

## 1.11 图形语法与科学绘图

### 1.11.1 生态学背景

数据可视化是生态学研究中传达发现和支持论证的关键工具。与基础 R 绘图相比，`ggplot2` 采用图形语法，能够创建更加专业、美观的科学图表，满足期刊发表和学术报告的高标准要求。

### 1.11.2 演示数据

```
# 某保护区多年生物多样性监测数据
library(ggplot2)
library(dplyr)

biodiversity_data <- data.frame(
  year = rep(2018:2022, each = 12),
  month = rep(1:12, times = 5),
  temperature = rnorm(60, mean = 15 + 5*sin(2*pi*(rep(1:12, times=5)-1)/12), sd = 2),
  species_richness = rpois(60, lambda = 25 + 10*sin(2*pi*(rep(1:12, times=5)-1)/12)),
  habitat = rep(c("森林", "草地", "湿地"), length.out = 60),
  elevation = rep(c(1200, 1000, 800), length.out = 60)
)
```

### 1.11.3 课堂演示过程

#### 1.11.3.1 ggplot2 基础语法

```
library(ggplot2)
library(dplyr)

# 创建示例数据
bird_data <- data.frame(
  species = c("白头鹎", "麻雀", "喜鹊", "乌鸦", "燕子", "画眉"),
  abundance = c(45, 78, 32, 28, 56, 41),
  habitat = c("森林", "城市", "农田", "城市", "农田", "森林"),
  body_mass = c(25, 15, 180, 350, 18, 35)
)

# 基础散点图
ggplot(bird_data, aes(x = body_mass, y = abundance)) +
  geom_point()

# 添加颜色映射
ggplot(bird_data, aes(x = body_mass, y = abundance, color = habitat)) +
  geom_point(size = 3)
```

```
# 添加标题和标签
ggplot(bird_data, aes(x = body_mass, y = abundance, color = habitat)) +
  geom_point(size = 3) +
  labs(
    title = " 鸟类体重与丰度关系",
    subtitle = " 不同栖息地类型的比较",
    x = " 体重 (g)",
    y = " 丰度 (个体数)",
    color = " 栖息地类型"
  )
```

### 1.11.3.2 不同类型的图表

```
# 创建时间序列数据
time_series_data <- data.frame(
  month = rep(1:12, 3),
  species_count = c(
    20, 25, 35, 45, 55, 60, 58, 52, 42, 32, 25, 22, # 2020 年
    22, 28, 38, 48, 58, 65, 62, 55, 45, 35, 28, 25, # 2021 年
    25, 30, 40, 50, 60, 68, 65, 58, 48, 38, 30, 28 # 2022 年
  ),
  year = rep(c("2020", "2021", "2022"), each = 12)
)

# 线图
ggplot(time_series_data, aes(x = month, y = species_count, color = year)) +
  geom_line(size = 1) +
  geom_point(size = 2) +
  scale_x_continuous(breaks = 1:12, labels = month.abb) +
  labs(
    title = " 月度物种数量变化",
    x = " 月份",
    y = " 物种数量",
    color = " 年份"
  ) +
  theme_minimal()

# 柱状图
habitat_summary <- bird_data %>%
  group_by(habitat) %>%
  summarise(
    mean_abundance = mean(abundance),
    se_abundance = sd(abundance) / sqrt(n()),
    .groups = 'drop'
  )

ggplot(habitat_summary, aes(x = habitat, y = mean_abundance, fill = habitat)) +
  geom_col() +
  geom_errorbar(
    aes(ymin = mean_abundance - se_abundance,
        ymax = mean_abundance + se_abundance),
    width = 0.2
  )
```

```

labs(
  title = " 不同栖息地的鸟类平均丰度",
  x = " 栖息地类型",
  y = " 平均丰度",
  fill = " 栖息地"
) +
theme_classic()

# 箱线图
ggplot(bird_data, aes(x = habitat, y = abundance, fill = habitat)) +
  geom_boxplot() +
  geom_jitter(width = 0.2, alpha = 0.6) +
  labs(
    title = " 不同栖息地鸟类丰度分布",
    x = " 栖息地类型",
    y = " 丰度"
) +
  theme_minimal() +
  theme(legend.position = "none")

```

```

# 创建多组数据
multi_species_data <- data.frame(
  species = rep(c(" 鸟类", " 哺乳动物", " 昆虫"), each = 24),
  month = rep(1:12, 6),
  year = rep(c("2021", "2022"), each = 12, times = 3),
  abundance = c(
    # 鸟类数据
    rnorm(24, mean = 30 + 15*sin(2*pi*(1:24-1)/12), sd = 5),
    # 哺乳动物数据
    rnorm(24, mean = 15 + 8*sin(2*pi*(1:24-1)/12), sd = 3),
    # 昆虫数据
    rnorm(24, mean = 80 + 40*sin(2*pi*(1:24-1)/12), sd = 15)
  )
)

# 分面图
ggplot(multi_species_data, aes(x = month, y = abundance, color = year)) +
  geom_line(size = 1) +
  geom_point() +
  facet_wrap(~ species, scales = "free_y") +
  scale_x_continuous(breaks = c(3, 6, 9, 12)) +
  labs(
    title = " 不同类群动物的季节性变化模式",
    x = " 月份",
    y = " 丰度",
    color = " 年份"
) +
  theme_bw()

```

### 1.11.3.4 专业主题和自定义

```
# 创建专业期刊风格的图表
publication_plot <- ggplot(bird_data, aes(x = body_mass, y = abundance)) +
  geom_point(aes(color = habitat), size = 3, alpha = 0.7) +
  geom_smooth(method = "lm", se = TRUE, color = "black", linetype = "dashed") +
  scale_color_manual(values = c("森林" = "#2E8B57", "城市" = "#DC143C", "农田" = "#DAA520")) +
  labs(
    title = "鸟类体重与种群丰度的关系",
    x = "体重 (g)",
    y = "种群丰度 (个体数)",
    color = "栖息地类型",
    caption = "数据来源: 某自然保护区鸟类调查 (2022)"
  ) +
  theme_minimal() +
  theme(
    plot.title = element_text(size = 14, face = "bold", hjust = 0.5),
    axis.title = element_text(size = 12),
    axis.text = element_text(size = 10),
    legend.title = element_text(size = 11),
    legend.text = element_text(size = 10),
    panel.grid.minor = element_blank(),
    plot.caption = element_text(size = 8, color = "gray50")
  )

print(publication_plot)

# 保存图片
ggsave("bird_analysis.png", publication_plot,
       width = 8, height = 6, dpi = 300)
```

### 1.11.3.5 复杂的生态学可视化

```
# 群落组成气泡图
community_data <- data.frame(
  site = rep(c("样地 A", "样地 B", "样地 C"), each = 6),
  species = rep(c("物种 1", "物种 2", "物种 3", "物种 4", "物种 5", "物种 6"), 3),
  abundance = c(25, 15, 8, 32, 12, 6, # 样地 A
               18, 22, 12, 25, 8, 15, # 样地 B
               12, 8, 25, 18, 20, 17), # 样地 C
  biomass = c(2.5, 3.2, 1.8, 4.1, 2.0, 1.2,
             3.0, 2.8, 2.2, 3.5, 1.5, 2.5,
             2.2, 1.8, 4.0, 2.9, 3.8, 3.2)
)

ggplot(community_data, aes(x = species, y = site)) +
  geom_point(aes(size = abundance, color = biomass), alpha = 0.7) +
  scale_size_continuous(range = c(2, 12), name = "丰度") +
  scale_color_gradient(low = "lightblue", high = "darkred", name = "生物量 (kg)") +
  labs(
    title = "群落物种组成与生物量分布",
    x = "物种",
    y = "样地"
  ) +
```

```
theme_minimal() +
theme(
  axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
  panel.grid = element_line(color = "gray90", size = 0.3)
)
```

## 1.11.4 R 语言知识点详解

### 1.11.4.1 ggplot2 的图形语法

#### 1.11.4.1.1 基本概念

- **数据 (Data)**: 要可视化的数据集
- **美学映射 (Aesthetics)**: 数据变量到图形属性的映射
- **几何对象 (Geometries)**: 用来表示数据的图形元素
- **统计变换 (Statistics)**: 对原始数据的统计总结
- **坐标系统 (Coordinates)**: 数据如何映射到平面
- **分面 (Facets)**: 将数据分割成子集的方法
- **主题 (Themes)**: 控制图形整体外观

```
ggplot(data, aes(x = var1, y = var2)) +
  geom_() +
  scale_() +
  labs() +
  theme_()
```

#### 1.11.4.1.2 基本语法结构

### 1.11.4.2 美学映射系统

#### 1.11.4.2.1 aes() 函数

- 位置映射: x、y
- 颜色映射: color (边框)、fill (填充)
- 大小映射: size
- 形状映射: shape
- 透明度映射: alpha
- 线型映射: linetype

#### 1.11.4.2.2 映射 vs 设定

- 映射: aes(color = variable), 颜色根据变量值变化
- 设定: geom\_point(color = "red"), 所有点都是红色

### 1.11.4.3 几何对象详解

#### 1.11.4.3.1 点图相关

- geom\_point(): 散点图
- geom\_jitter(): 抖动散点图
- 参数: size、shape、alpha、stroke

#### 1.11.4.3.2 线图相关

- geom\_line(): 线图
- geom\_path(): 路径图

- `geom_smooth()`: 拟合线
- 参数: `size`、`linetype`、`method`

#### 1.11.4.3.3 柱状图相关

- `geom_col()`: 柱状图 (使用实际值)
- `geom_bar()`: 柱状图 (统计计数)
- `geom_histogram()`: 直方图
- 参数: `width`、`position`

#### 1.11.4.3.4 分布图相关

- `geom_boxplot()`: 箱线图
- `geom_violin()`: 小提琴图
- `geom_density()`: 密度图

#### 1.11.4.4 标度系统

##### 1.11.4.4.1 颜色标度

- 连续型:
  - `scale_color_gradient()`: 双色渐变
  - `scale_color_gradient2()`: 三色渐变
  - `scale_color_viridis_c()`: viridis 调色板
- 离散型:
  - `scale_color_manual()`: 手动设置颜色
  - `scale_color_brewer()`: ColorBrewer 调色板

##### 1.11.4.4.2 坐标轴标度

- 连续型:
  - `scale_x_continuous()`: 连续 x 轴
  - `scale_y_log10()`: 对数 y 轴
- 离散型:
  - `scale_x_discrete()`: 离散 x 轴
- 日期型:
  - `scale_x_date()`: 日期 x 轴

#### 1.11.4.5 分面系统

##### 1.11.4.5.1 `facet_wrap()`

- 用途: 按一个变量分面, 排列成网格
- 语法: `facet_wrap(~ variable, ncol = 2)`
- 参数:
  - `ncol`、`nrow`: 列数和行数
  - `scales`: 坐标轴缩放方式

##### 1.11.4.5.2 `facet_grid()`

- 用途: 按两个变量分面, 形成矩阵
- 语法: `facet_grid(rows ~ cols)`
- 特殊语法:
  - `facet_grid(. ~ variable)`: 仅按列分面
  - `facet_grid(variable ~ .)`: 仅按行分面

#### 1.11.4.6 主题系统

##### 1.11.4.6.1 预设主题

- `theme_minimal()`: 简洁主题
- `theme_classic()`: 经典主题
- `theme_bw()`: 黑白主题
- `theme_void()`: 空白主题

##### 1.11.4.6.2 自定义主题元素

- 文本元素: `element_text()`
  - `size`: 字体大小
  - `color`: 字体颜色
  - `face`: 字体样式 (“bold”、“italic”)
  - `hjust`、`vjust`: 水平和垂直对齐
- 线条元素: `element_line()`
  - `color`: 线条颜色
  - `size`: 线条粗细
  - `linetype`: 线条类型
- 矩形元素: `element_rect()`
  - `fill`: 填充颜色
  - `color`: 边框颜色
- 移除元素: `element_blank()`

#### 1.11.4.7 图片保存

##### 1.11.4.7.1 `ggsave()` 函数

- 语法: `ggsave(filename, plot, width, height, dpi, units)`
- 支持格式:
  - 矢量格式: PDF、SVG、EPS
  - 位图格式: PNG、JPEG、TIFF
- 推荐设置:
  - 期刊投稿: 300-600 DPI
  - 演示文稿: 150-300 DPI
  - 网页使用: 72-150 DPI

#### 1.11.4.8 色彩设计原则

##### 1.11.4.8.1 科学可视化色彩指南

- 连续数据: 使用渐变色, 避免彩虹色
- 分类数据: 使用对比鲜明的颜色
- 色盲友好: 避免红绿组合, 推荐 viridis 调色板
- 发表要求: 考虑黑白印刷效果

##### 1.11.4.8.2 推荐调色板

- Viridis 系列: 色盲友好, 打印友好
- ColorBrewer: 专业的制图调色板
- 自然色彩: 模仿自然界的颜色组合

#### 1.11.5 课后练习

题目: 某国家公园植被多样性调查数据:

```
vegetation_survey <- data.frame(  
  transect = rep(c("山顶", "山腰", "山底"), each = 20),  
  species_richness = c(rnorm(20, 15, 3), rnorm(20, 25, 4), rnorm(20, 35, 5)),  
  coverage_percent = c(rnorm(20, 60, 10), rnorm(20, 75, 8), rnorm(20, 85, 6)),  
  slope_degree = c(rnorm(20, 25, 5), rnorm(20, 15, 3), rnorm(20, 5, 2)),  
  soil_depth = c(rnorm(20, 15, 3), rnorm(20, 25, 4), rnorm(20, 40, 6))  
)
```

请完成（使用 ggplot2 高级功能，结合之前学过的所有内容）：

1. 创建物种丰富度与植被覆盖度的散点图，用颜色区分不同海拔带（使用 geom\_point() 和 aes()）

2. 绘制三个海拔带物种丰富度的箱线图，添加个体数据点（使用 geom\_boxplot() 和 geom\_jitter()）
3. 创建多面板图，展示不同海拔带的各项指标分布（使用 facet\_wrap()）
4. 设计一个期刊级别的综合图表，展示海拔梯度上的植被特征变化（使用多个 geom 层）
5. 自定义主题，确保图表符合学术发表标准（使用 theme() 函数）
6. 保存高质量图片用于论文发表（使用 ggsave() 函数）
7. 与第 7 课的基础绘图方法对比，总结 ggplot2 的优势
8. 尝试创建动态或交互式可视化（选做，可查阅相关资料）