基于 ArcGIS 和 R 软件进行动物地理区划

Delineating Zoogeographical Regions Using ArcGIS and R Software

何杰坤^{1,*}, 郜二虎², 余杰华¹, 彭伟鑫¹, 陈琳¹, 江海声¹

¹生命科学学院, 华南师范大学, 广州; ²国家林业和草原局调查规划设计院, 北京

*通讯作者邮箱: jiekunhe@m.scnu.edu.cn

引用格式: 何杰坤, 郜二虎, 余杰华, 彭伟鑫, 陈琳, 江海声. (2021). 基于 ArcGIS 和 R 软件进行动物地理区划. *Bio-101* e1010641. Doi: 10.21769/BioProtoc.1010641.

How to cite: He, J. K., Gao, E. H., Yu, J. H., Peng, W. X., Chen, L., and Jiang, H. S. (2021). Delineating Zoogeographical Regions Using ArcGIS and R Software. *Bio-101* e1010641. Doi: 10.21769/BioProtoc.1010641. (in Chinese)

摘要: 动物地理区划反映了动物物种组成的区域差异, 是同域不同动物类群对地质历史过程及现今生态环境适应的结果。过去对动物地理区的划分主要依据博物学家或生物地理学家的经验, 根据物种分布边缘、特有种分布或自然地理界线进行, 定量分析手段不足, 区划结果的科学性和可重复性较低。近年来, 随着物种分布信息的完善和多元统计方法的发展, 动物地理区划由定性研究转向定量研究。本方案以哺乳动物为例, 介绍: (1) 在 ArcGIS 中将物种分布范围 (面状数据) 转换为基于特定网格大小的物种分布数据; (2) 利用 R 软件, 对各网格物种组成 (或谱系) 的 β 相异性进行排序和系统聚类, 并选择最优划分层级; (3) 排序和聚类结果的空间可视化和制图。本方案的代码略加修改后可应用于其他生物类群的地理区划。

关键词: ArcGIS, β 相异性, R 语言, 排序, 物种分布, 系统聚类

研究背景

动物地理区反映了在历史发展过程中形成并在现代生态条件下聚集在一定地域的动物集合 (Morrone, 2015)。动物地理区的划分, 可以了解不同动物区系的起源及其关系 (张荣祖, 2011), 由此探讨物种的时空分布规律。因此它不仅为生物地理学、进化生物学和系统分类学等基础理论研究提供了清晰的空间框架 (Kreft and Jetz, 2010; 郜二虎等, 2017), 而且对全球变化生物学的研究具有重要意义, 如气候变化 (Reygondeau *et al.*

2020), 外来物种入侵 (Capinha *et al.* 2015; Liu *et al.* 2020), 疾病传播 (Murray *et al.* 2015) 等。

阿尔弗雷德·拉塞尔·华莱士 (Alfred Russel Wallace) 在 1876 年提出了全球动物地理区划方案, 并根据生物地理学上的发现, 与达尔文共同创建了进化论。至今, 该区划方案仍然是人们理解全球生物地理分布格局及分异过程的基础之一。然而, 过去对动物地理区的划分主要依据博物学家或生物地理学家的经验, 根据物种分布边缘、特有种分布或自然地理界线进行, 定量分析手段不足, 区划结果的可重复性较低。近年来, 随着物种分布信息的完善、物种谱系关系的清晰、多元统计算法的发展, 动物地理区划由定性研究转向定量研究, 动物地理区划研究得到快速发展 (Kreft and Jetz, 2010; Holt *et al.*, 2013; Vilhena and Antonelli, 2015)。目前, 动物地理区划的研究范围已从区域尺度覆盖到全球尺度, 研究对象由无脊椎动物到脊椎动物, 从物种组成发展至谱系组成 (Kreft and Jetz, 2010; Rueda *et al.*, 2010; Linder *et al.*, 2012; Holt *et al.*, 2013; He *et al.*, 2017; 郇二虎等, 2017), 这都展示出这一学科持续的生命力。

ArcGIS 和 R 是两个广泛应用于宏观生态学和生物地理学研究的软件。ArcGIS 具有强大的空间数据采集、处理和分析能力, 它在地理数据库构建、拓扑处理、地理坐标变换、数据可视化及制图等方面具有突出的优势。特别是内嵌在 ArcMap 中的 ArcToolbox 软件模块, 具有许多高效实用的空间处理功能。R 主要用于统计分析和制图, 具有开源、免费、容易掌握和更新速度快等优势, 而且收录了大量的软件包, 为各专业领域提供了便利的交流平台。ArcGIS 的矢量或栅格的空间数据可以利用 R 软件包“rgdal” (Bivand *et al.*, 2021) 读取和显示; R 的统计分析结果可以输出 shapefile 矢量文件、csv 属性文件或栅格文件并可直接在 ArcGIS 中读取。当今, 运用 ArcGIS 和 R 进行动物地理区划已经形成一套较为成熟的技术方案 (Kreft and Jetz, 2010), 并被广泛应用于不同区域的动物地理区划研究中 (He *et al.*, 2017; 郇二虎等, 2017)。

本方案将详细介绍如何在 ArcGIS 中将物种分布范围 (面状数据) 转换为基于特定网格大小的物种分布数据。然后在 R 中调用相关软件包, 计算网格间动物群落的 β 相异性, 并通过排序和聚类分析进行动物地理区的划分。最后, 根据区划结果进行空间可视化和制图。本方案经适当修改后可广泛应用于不同生物类群的地理区划中。

软件和相关软件包

1. ArcGIS 10.2 (ESRI Inc., Redlands, CA, USA)
2. R software version 4.0.4 (<https://www.r-project.org/>)
3. betapart version 1.5.3 (Baselga *et al.*, 2012; <http://cran.r-project.org/package=betapart>)
4. dendextend version 1.15.1 (Galili, 2015; <http://cran.r-project.org/package=dendextend>)
5. phyloregion version 1.0.6 (Daru *et al.*, 2021; <http://cran.r-project.org/package=phyloregion>)
6. picante version 1.8.2 (Kembel, 2020; <http://cran.r-project.org/package=picante>)
7. recluster version 2.9 (Dapporto *et al.*, 2020; <http://cran.r-project.org/package=recluster>)
8. rgdal version 1.5-23 (Bivand *et al.*, 2021; <http://cran.r-project.org/package=rgdal>)
9. vegan version 2.5-7 (Oksanen *et al.*, 2020; <http://cran.r-project.org/package=vegan>)

分析案例

本方案将以哺乳动物作为研究对象，对青藏高原及毗邻地区的动物地理区进行划分。如今，环绕着青藏高原分别有蒙古高原、华北、华南、东南亚、南亚、西亚和中亚等物种组成各异、演化历史独特的动物地理区，形成全球动物区系最为复杂的区域之一 (He *et al.*, 2020)。

分析流程

本方案分为 4 个部分 (图 1):

1. 在 ArcGIS 中将物种分布范围转换成网格分布数据。
2. 在 R 软件里读取和处理物种分布和系统发育树数据。
3. 在 R 中计算相异性系数、进行排序分析及系统聚类。
4. 在 R 中进行排序和聚类结果的空间可视化和制图。

图 1. 本方案的流程框架图

一、在 ArcGIS 中将物种分布范围转换成网格分布数据

物种分布信息是划分动物地理区的基础。物种分布数据可从国际自然保护联盟 (International Union for Conservation of Nature, IUCN) 物种红色名录的空间分布数据 (<https://www.iucnredlist.org/resources/spatial-data-download>) 获得。截止至 2021 年，全球红色名录共评估了 134,400 多个物种，其中超过 82% (> 111,000 种) 有空间分布数据。此外，鸟类的分布数据可从国际鸟类联盟 (BirdLife International) 获得，爬行类的分布可从全球爬行动物分布数据 (Roll *et al.*, 2017; <https://doi.org/10.5061/dryad.83s7k>) 获得。这些数据都是以“shapefile”矢量格式提供的面状数据 (polygon)，包括图形数据 (.shp)、图形索引格式 (.shx)、坐标投影信息 (.prj) 和属性表数据 (.dbf) 等。这里，仅以从 IUCN 红色名录获取的哺乳动物分布范围 (面状数据) 为例 (图 2)，展示如何在 ArcGIS 中将物种分布范围转换成网格分布数据。

图 2. 哺乳动物分布范围 (面状数据) 示意图。其中红色线范围代表研究区，灰色线为每个物种的分布范围，其属性表信息包括物种名、现今是否分布、起源和分布的季节 4 个字段。

1. 生成研究区等面积投影网格

运行 ArcGIS 的用户桌面软件 ArcMap，打开 ArcToolbox 工具箱模块，在 Data Management Tools – Feature Class 目录下运行"Create Fishnet"。按照图 3 所示设置相关参数，可以生成研究区范围内等面积投影网格，假定网格大小设为 220 km × 220 km。需要注意的是，预设的研究区（图 2 中红色线范围）应作为"模板数据集" (Template Extent)，并已具有等面积投影的坐标系。

Create Fishnet

Output Feature Class
E:\example\grid_cell.shp 输出文件的路径及名称

Template Extent (optional)
Same as layer region 指定网格范围的模板数据集

Top: 6138466.195884
Left: 4814513.957258
Right: 12624513.957258
Bottom: 198466.195884
Clear

Fishnet Origin Coordinate
X Coordinate: 4814513.95725778
Y Coordinate: 198466.1958840094
指定模板数据集后自动生成

Y-Axis Coordinate
X Coordinate: 4814513.95725778
Y Coordinate: 198476.1958840094

Cell Size Width: 220 网格宽度
Cell Size Height: 220 网格高度
Number of Rows: 30 网格行数
Number of Columns: 40 网格列数

Opposite corner of Fishnet (optional)
X Coordinate:
Y Coordinate:
Create Label Points (optional) ☒ 创建网格的中心点
Geometry Type (optional): POLYGON 设置网格为面要素

OK Cancel Environments... Show Help >>

图 3. 运用 ArcMap 的 Create Fishnet 工具生成网格的参数设置

2. 将物种分布范围转换成网格分布数据

打开 ArcToolbox 工具箱模块, 在 Analysis Tools – Overlay 目录下运行 "Spatial Join"。按照图 4 所示设置相关参数, 可以将物种分布范围转换成网格分布数据。结果如图 5 所示。

图 4. 运用 ArcMap 的 Spatial Join 工具将物种分布范围转换成网格分布数据

通过网格和物种分布数据的"Spatial Join"空间联合分析，新生成的图层将会把每个物种分布范围涉及到的网格赋予该物种的信息。如图 5 所示，网格号为"1"的网格与物种"sp1"和"sp2"的分布范围相交，结果中网格号为"1"的网格会出现 2 条记录；网格号为"5"的网格与物种"sp1"、"sp2"和"sp3"的分布范围相交，结果中该网格会出现 3 条记录，以此类推。

图 5. 物种分布范围转换成网格分布前后的数据结构变化。(a) 用“Create Fishnet”生成的网格，其属性表包括每个网格中心点的经纬度；(b) 每个物种的分布范围，不同颜色代表不同的物种；(c) 网格和物种分布范围进行“spatial join”后的结果，其属性表反映每个网格包括的物种。

值得注意的是，以上在 ArcGIS 中的操作，R 软件也提供了可选的解决方案。例如，R 包“letsR”提供了将 IUCN 面数据转换成“网格 × 物种” (site × species) 的功能“lets.presab”。但是该功能在 R 中运行速度较慢，如果我们的研究涉及大空间尺度成千上万物种的空间数据时，ArcGIS 处理效率要比 R 高得多。由于篇幅关系，有兴趣的读者可以下载“letsR”的指南进行学习。

二、在 R 软件里读取和处理物种分布和系统发育树数据

打开 R 软件，安装以下函数包。

```
install.packages(c("picante", "betapart", "phyloregion", "dendextend", "rgdal", "vegan"))
```

加载函数包

```
library(betapart)
```

```
library(dendextend)
```

```
library(phyloregion)
```

```
library(picante)
```



```
library(recluster)
```

```
library(rgdal)
```

```
library(vegan)
```

进行分析前，需要把已有的数据 (附录 1) 存放到自定义的工作目录，然后在 R 中设置工作目录并读取数据。

```
setwd("e:/R/method") #设置工作目录
```

data <- read.csv("spe_site.csv", head = T) #在 ArcMap 中输出的 Spatial Join 结果

```
str(data) #可以使用"str()"函数了解对象"data"的数据结构
```

```
head(data) #也可以使用"head()"函数展示"data"数据集的前 6 行数据 (图 6)
```

```
> str(data)
'data.frame': 46310 obs. of 3 variables:
 $ grid : int 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ species: chr "Aeromys_tephromelas" "Aethalops_alecto" "Aonyx_cinerea" "Arctictis_binturong" ...
 $ present: int 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
> head(data)
  grid species present
1 1 Aeromys_tephromelas 1
2 1 Aethalops_alecto 1
3 1 Aonyx_cinerea 1
4 1 Arctictis_binturong 1
5 1 Arctogalidia_trivirgata 1
6 1 Arielulus_societatis 1
```

图 6. 查看对象"data"的数据结构及前 6 行数据

把物种的网格分布数据转为"网格 × 物种" (site × species) 的物种组成数据。物种组成数据以物种的有/无 (1/0) 表示，每一行表示网格，每一列表示物种 (图 7)。

```
comm <- xtabs(present ~ grid + species, data) #转换为"网格×物种"的群落数据
```

```
> comm <- xtabs(present ~ grid + species, data)
> head(comm)
  species
grid Acinonyx_jubatus Acomys_dimidiatus Aeretes_melanopterus Aeromys_tephromelas Aethalops_alecto Ail
1 0 0 0 1 1
2 0 0 0 1 1
3 0 0 0 1 1
4 0 0 0 1 1
5 0 0 0 1 1
6 0 0 0 1 0
```

图 7. 查看"网格 × 物种"的群落数据的结构

三、相异性系数计算、排序及系统聚类

1. 相异性测度

β 相异性反映不同群落间物种组成的相似 (相异) 性程度 (Whittaker, 1960)。在生物地理学和生态学中, 学者们提出了多种 β 相异性指数的测度方法, 这些测度方法对物种组成变化测度的内涵有所差异 (Koleff *et al.*, 2003)。其中, 辛普森指数 (Simpson) 是总体 β 相异性 (Sorensen) 的替换组分 (turnover), 受物种丰富度影响较少, 能更好地反映物种组成变化的现实 (Baselga *et al.*, 2007), 因此被广泛应用于动物地理区划中 (Kreft and Jetz, 2010; He *et al.*, 2017)。以下以辛普森指数为例, 利用"betapart"函数包中的"beta.pair"计算网格之间物种 β 相异性的距离矩阵。我们可以看到结果的数据集中有 3 个相异性矩阵, 分别是"beta.sim", "beta.sne"和"beta.sor" (图 8)。

taxa_beta <- beta.pair(comm, index.family = "sorensen") # 计算 Sorensen 的 β 相异性

```
> taxa_beta <- beta.pair(comm, index.family="sorensen")
> str(taxa_beta)
List of 3
 $ beta.sim: 'dist' num [1:173755] 0.01724 0.00529 0.06486 0.0582 0.04762 ...
  .. attr(*, "Labels")= chr [1:590] "1" "2" "3" "4" ...
  .. attr(*, "Size")= int 590
  .. attr(*, "call")= language as.dist.default(m = beta.sim)
  .. attr(*, "Diag")= logi FALSE
  .. attr(*, "Upper")= logi FALSE
 $ beta.sne: 'dist' num [1:173755] 0.0406 0.05 0.01 0.0518 0.056 ...
  .. attr(*, "Labels")= chr [1:590] "1" "2" "3" "4" ...
  .. attr(*, "Size")= int 590
  .. attr(*, "call")= language as.dist.default(m = beta.sne)
  .. attr(*, "Diag")= logi FALSE
  .. attr(*, "Upper")= logi FALSE
 $ beta.sor: 'dist' num [1:173755] 0.0579 0.0553 0.0749 0.11 0.1036 ...
  .. attr(*, "Labels")= chr [1:590] "1" "2" "3" "4" ...
  .. attr(*, "Size")= int 590
  .. attr(*, "call")= language as.dist.default(m = beta.sor)
  .. attr(*, "Diag")= logi FALSE
  .. attr(*, "Upper")= logi FALSE
```

图 8. 查看 beta.pair 计算结果的数据结构

物种 β 相异性的距离矩阵是基于物种有/无来测度的, 这个算法假设每一个物种都是相互独立的, 物种的有无只存在有/无 (1/0)的关系。但事实并非如此, 例如人与黑猩猩的亲缘关系就比虎的亲缘关系要近。系统发育 β 相异性是指两个群落之间的系统发育距离, 可以反映不同群落间的亲缘关系上的相异程度, 克服不同类群间物种、属、科中分类等级差异的问题。因此, 随着陆栖脊椎动物系统发育树的不断完

善(可从 <http://vertlife.org/phylosubsets/> 下载不同类群的系统发育树), 基于谱系关系的 β 相异性可以把物种间系统发育关系考虑进去, 近年来被广泛关注及应用 (Holt *et al.*, 2013)。

本方案下载了哺乳动物的系统发育树 (Upham *et al.*, 2019), 该系统发育树包含了 5,911 种哺乳动物 (包括 107 种灭绝物种) 的进化关系。由于部分物种的 DNA 序列数据缺失, 这些物种在系统发育树上是基于形态学的属或更高的分类单元内随机内插而成, 因此产生了 10,000 棵不同组合的系统发育树。我们随机下载了其中的 1,000 棵系统发育树, 并提前计算出最大可信进化分支树 (MCC, Maximum clade credibility tree)。在这里, 我们将根据 MCC 中物种间的谱系关系计算不同群落之间的谱系 β 相异性。需要注意的是, "betapart"包中提供的谱系 β 相异性计算方法'phylo.beta.pair', 运算速度较慢, 为减少计算时间, 我们在这里运用 220 km $\times$ 220 km 网格的群落数据。

```
tree <- read.tree("mammal_Upham_2019_mcc.txt") #读取哺乳动物系统发育树
```

```
subphy <- match.phylo.comm(tree, comm)$phy #对应群落和系统发育树中的物种
```

```
phylo_beta <- phylo.beta.pair(comm, subphy, index.family = "sorensen") #计算谱系  $\beta$  相异性
```

至此得到了基于物种和谱系的 β 相异性矩阵, 下面可以选择其中一个进行聚类 and 排序分析。

```
# sim <- taxa_beta$beta.sim #基于物种  $\beta$  相异性的 Simpson 距离矩阵
```

```
# sim <- phylo_beta$phylo.beta.sim #基于谱系  $\beta$  相异性的 Simpson 距离矩阵
```

2. 系统聚类 (hierarchical clustering)

系统聚类结果可以非常清晰地反映动物地理区之间的分层关系, 这对动物地理区划分十分重要。R 中的 "hclust" 函数中提供了 8 种不同的系统聚类方法, 可通过查看 "?hclust" 获取详细信息。在实际运用中, 我们可以分别用 8 种方法进行聚类分析, 然后通过计算聚类结果和原始距离矩阵之间的共表型相关系数 (cophenetic correlation coefficients) 选择最佳的聚类方法 (Kreft and Jetz, 2010)。下面, 我们以

应用最为广泛的非加权配对算术平均法 (UPGMA) 进行聚类分析，并确定最佳的聚类簇的数量。

```
hc <- hclust(sim, method = "average") #执行 UPGMA 聚类分析
```

```
k <- optimal_phyloregion(sim, method = "average", k = 15) #计算最佳聚类簇的数量
```

```
optimal_k <- k$optimal$k #获取最佳聚类簇的数量
```

3. 排序 (ordination)

排序是一种常用的降维技术，在动物地理区划中可以将网格间物种组成的 β 相异性直观地投射到二维空间进行可视化，并以此分析动物地理区之间的相互关系。排序分析在大尺度的动物地理区划中得到广泛运用，例如 Smith (1983) 根据哺乳类分析了 Wallace (1876) 划分的全球 24 个亚区之间的动物区系关系; Williams *et al.* (1999) 分析了非洲热带鸟类的生物地理过渡区等。其中，与主成分分析 (principal components analysis, PCA) 或主坐标分析 (principal coordinates analysis, PCoA) 等方法相比，非度量多维尺度法 (NMDS) 不需要假设数据呈现正态分布或线性关系。因此，本方案将以 NMDS 为例介绍排序在动物地理区划的运用。

```
#执行 NMDS 排序分析
```

```
nmds <- monoMDS(sim) # sim 为基于物种或谱系  $\beta$  相异性的 Simpson 距离矩阵
```

```
nmds #查看 NMDS 分析结果
```

```
> nmds

Call:
monoMDS(dist = sim)

Non-metric Multidimensional Scaling

590 points, dissimilarity 'unknown', call 'as.dist.default(m = beta.sim)'

Dimensions: 2
Stress:      0.1416688
Stress type 1, weak ties
Scores scaled to unit root mean square, rotated to principal components
Stopped after 73 iterations: Scale factor of gradient nearly zero (< sfgrmin)
```

图 9. 检查 NMDS 分析结果

从 NMDS 排序分析的结果中，我们可以根据应力值 (Stress value) 评估排序结果和原始相异性矩阵之间的拟合度，范围从 0 到 1，该值越低则表明 NMDS 排序的结果越好 (图 9)。

#在二维空间展示 NMDS 结果 (图 10)

```
points <- nmds$points #
```

col <- recluster.col(points) #将二维矩阵投影到 RGB 空间中，四个角分别为红、绿、黄和蓝。

color <- rgb(col[,3], col[,4], col[,5], max=255) #根据 RGB 空间，定义研究区每个网格的颜色

```
dev.new(width=80, height=40) #出图框大小为宽 80，高 40
```

```
par(mfrow = c(1,2)) #出图框为 2 幅图，图版显示 1 行 2 列
```

gird_shp <- readOGR(dsn = "e:/R/method/shp", layer = "grid") #读取研究区网格的 shp 图层

```
plot(gird_shp, col=color) #将研究区的网格用 RGB 空间中的颜色展示在地图上
```

```
recluster.plot.col(col, text=F, pch=19, cex=2, xlab = "NMDS 1", ylab = "NMDS 2")
```

图 10. 基于网格内物种组成相异性的 NMDS 排序图及空间分布

四、排序和聚类结果的空间可视化和制图

在动物地理区划中，空间可视化和制图是十分重要的步骤。上面的分析中，我们基于网格间物种组成的 β 相异性矩阵，分别计算得到排序和聚类的结果。这里，我们将介绍把两个分析结果在地图上可视化的方法（图 11）。

```
# 设置出图框参数
dev.new(width=150, height=50) #出图框大小为宽 150，高 50
par(mfrow = c(1,3)) #出图框为 3 幅图，图版显示 1 行 3 列
# 根据最佳聚类簇的数量设置颜色，并给聚类树状图 (dendrogram) 定义颜色
col
colorRampPalette(c('gray','blue','green','yellow','orange','red','black'))(optimal_k)
dend <- as.dendrogram(hc)
color_dend <- color_branches(dend,k=optimal_k, col=col)
plot(color_dend)
# 根据聚类树状图的颜色，定义每个网格的颜色
clus <- data.frame(hc$order,leaf_Colors(color_dend))
color <- clus[order(clus$hc.order),]
colnames(color) <- c("grid", "col")
gird_shp <- readOGR(dsn = "e:/R/method/shp", layer = "grid")
plot(gird_shp, col = as.character(color$col))
# 根据聚类树状图和网格的颜色，定义 NMDS 散点图的颜色
x <- nmds$points[,1]
y <- nmds$points[,2]
d <- data.frame(row.names(as.matrix(sim)), x, y)
plot(d$x, d$y, col = as.character(color$col), pch=19, cex=2, xlab = "NMDS 1", ylab
= "NMDS 2")
```

图 11. 基于网格内物种组成相异性的聚类 and 排序分析的空间可视化

通过本方案，读者将能够使用 ArcGIS 软件处理从公开的数据库中（例如 IUCN、BirdLife 等）获得的大尺度物种分布数据，学会如何把物种分布范围转换成网格分布数据。此外，读者将能够运用 R 软件包计算不同网格间的物种（或谱系） β 相异性，进行排序和聚类分析，将网格分布数据转换为动物地理区划，并把动物地理区划结果进行空间可视化和制图。本方案的代码经过适当修改后，可以用于其他尺度和其他生物类群进行群落划分研究。

致谢

本研究受国家自然科学基金 (31900324)、广东省基础与应用基础研究基金 (2020A1515011472) 以及全国第二次陆生野生动物资源调查相关专题的资助，特此致谢。

参考文献

1. 郇二虎, 何杰坤, 王志臣, 徐扬, 唐小平, 江海声. (2017). [全国陆生野生动物调查单元区划方案](#). *生物多样性* 25: 1321-1330.
2. 张荣祖. (2011). [中国动物地理](#). 科学出版社. 北京. ISBN: 9787030319203.
3. Baselga, A., Jimenez-Valverde, A. and Niccolini, G. (2007). [A multiple-site similarity measure independent of richness](#). *Biol Lett* 3: 642-645.
4. Baselga, A. and Orme, C. D. L. (2012). [betapart: an R package for the study of beta diversity](#). *Methods Ecol Evol* 3: 808-812.
5. Bivand, R., Keitt, T. and Rowlingson, B. (2021). [rgdal: Bindings for the 'Geospatial' data abstraction library](#). R package version 1.5-23.

6. Capinha, C., Essl, F., Seebens, H., Moser, D. and Pereira, H. M. (2015). [The dispersal of alien species redefines biogeography in the Anthropocene](#). *Science*, 348, 1248-1251.
7. Dapporto, L., Ramazzotti, M., Fattorini, S., Vila, R., Talavera G. and Dennis R. H. L. (2020). [recluster: Ordination methods for the analysis of beta-diversity indices](#). R package version 2.9.
8. Daru, B. H., Karunarathne, P., Schliep, K. and Silvestro, D. (2020). [phyloregion: R package for biogeographical regionalization and macroecology](#). *Methods Ecol Evol* 11: 1483-1491.
9. Galili, T. (2015). [dendextend: an R package for visualizing, adjusting, and comparing trees of hierarchical clustering](#). *Bioinformatics* 31: 3718-3720.
10. He, J., Kreft, H., Gao, E., Wang, Z. and Jiang, H. (2017). [Patterns and drivers of zoogeographical regions of terrestrial vertebrates in China](#). *J Biogeogr* 44: 1172-1184.
11. He, J., Lin, S., Li, J., Yu, J. and Jiang, H. (2020). [Evolutionary history of zoogeographical regions surrounding the Tibetan Plateau](#). *Commun Biol* 3: 415.
12. Holt, B. G., Lessard, J. P., Borregaard, M. K., Fritz, S. A., Araújo, M. B., Dimitrov, D., Fabre, P. H., Graham, C. H., Graves, G. R., Jönsson, K. A., *et al.* (2013). [An update of Wallace's zoogeographic regions of the world](#). *Science* 339: 74-78.
13. Kembel, S. W., Cowan, P. D., Helmus, M. R., Cornwell, W. K., Morlon, H., Ackerly, D. D., Blomberg, S. P. and Webb, C. O. (2010). [Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology](#). *Bioinformatics* 26: 1463-1464.
14. Koleff, P., Gaston, K. J. and Lennon, J. J. (2003). [Measuring beta diversity for presence-absence data](#). *J Anim Ecol* 72: 367-382.
15. Kreft, H. and Jetz, W. (2010). [A framework for delineating biogeographical regions based on species distributions](#). *J Biogeogr* 37: 2029-2053.
16. Linder, H. P., de Klerk, H. M., Born, J., Burgess, N. D., Fjeldså, J. and Rahbek, C. (2012). [The partitioning of Africa: statistically defined biogeographical regions in sub-Saharan Africa](#). *J Biogeogr* 39: 1189-1205.
17. Liu, X., Rohr, J.R., Li, X., Deng, T., Li, W. & Li, Y. (2020). [Climate extremes, variability, and trade shape biogeographical patterns of alien species](#). *Current Zoology*, zoaa068.

18. Morrone, J. J. (2015). [Biogeographical regionalisation of the world: a reappraisal](#). *Aust Syst Bot* 28: 81-90.
19. Murray, K.A., Preston, N., Allen, T., Zambrana-Torres, C., Hosseini, P.R. and Daszak, P. (2015). [Global biogeography of human infectious diseases](#). *Proc Natl Acad Sci U S A*, 112 (41), 12746-12751.
20. Oksanen, J., Blanchet, F. G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlinn, D., Minchin, P. R., O'Hara, R. B., Simpson, G. L., Solymos, P., *et al.* (2020). [vegan: Community Ecology Package](#). R package version 2.5-7.
21. Reygondeau, G., Cheung, W.W.L., Wabnitz, C.C.C., Lam, V.W.Y., Frölicher, T. and Maury, O. (2020). [Climate Change-Induced Emergence of Novel Biogeochemical Provinces](#). *Front Mar Sci*, 7: 657.
22. Roll, U., Feldman, A., Novosolov, M., Allison, A., Bauer, A. M., Bernard, R., Böhm, M., Castro-Herrera, F., Chirio, L., Collen, B., *et al.* (2017). [The global distribution of tetrapods reveals a need for targeted reptile conservation](#). *Nat Ecol Evol* 1: 1677-1682.
23. Rueda, M., Rodríguez, M. Á. and Hawkins, B. A. (2010). [Towards a biogeographic regionalization of the European biota](#). *J Biogeogr* 37: 2067-2076.
24. Smith, C. H. (1983). [A system of world mammal faunal regions. I. Logical and statistical derivation of the regions](#). *J Biogeogr* 10: 455-466.
25. Upham, N. S., Esselstyn, J. A. and Jetz, W. (2019). [Inferring the mammal tree: Species-level sets of phylogenies for questions in ecology, evolution, and conservation](#). *PLoS Biol* 17: e3000494.
26. Vilhena, D. A. and Antonelli, A. (2015). [A network approach for identifying and delimiting biogeographical regions](#). *Nat Commun* 6: 6848.
27. Wallace, A. R. (1876). [The geographical distribution of animals](#). Harper & Brothers. New York.
28. Whittaker, R. H. (1960). [Vegetation of the Siskiyou Mountains, Oregon and California](#). *Ecological Monographs* 30: 279-338.
29. Williams, P. H., Klerk, H. M. and Crowe, T. M. (1999). [Interpreting biogeographical boundaries among Afrotropical birds: spatial patterns in richness gradients and species replacement](#). *J Biogeogr* 26: 459-474.