

基于 Maxent 模型的川梨不同时期潜在分布研究

刘超,董星光,田路明,霍宏亮,徐家玉,齐丹,
张莹,张思梦,杨祥,郭瑞,聂晗宇,曹玉芬*

(中国农业科学院果树研究所,辽宁兴城 125100)

摘要:【目的】分析影响川梨分布的主导气候因子及不同时期的潜在分布。【方法】基于 MaxEnt 模型结合 ArcGIS 软件对川梨自冰期以来不同时期的分布进行预测。【结果】在末次盛冰期川梨适生区主要位于云南省、西藏东南部、四川东南部、贵州西部和广西西部地区,总面积约为 96.31 万 km²。随历史气候的变迁,川梨由末次盛冰期经全新世中期进入当代,分布区面积呈现先下降后上升的趋势。当代川梨主要分布于云南北部、四川南部、贵州西部和西藏东南部等地,适生区总面积约为 74.03 万 km²。在未来(2070 s)气候情境下,川梨潜在适宜分布区与当代相比有所增加,总面积为 82.99 万 km²,增加 12.10%,其中低适宜生境向西藏、四川西北部地区扩张,云南南部的高适宜区收缩明显,仅在少数地区轻微扩张。采用刀切法筛选出影响种群分布变化的 4 个主导气候因子及变化区间,即气温季节性变化在 4000~5200,最暖季降水量在 550~1000 mm,等温性>42%,最暖季平均温度 11~23 °C。【结论】利用 MaxEnt 模型模拟各气候因子对川梨地理分布的影响表明,季节性气候变化是影响川梨分布的主导气候因子,另外最暖季降水量、等温性和最暖季平均温度也起了重要作用,而相对于水分,温度对种群分布的影响更大。川梨所在的横断山脉、云贵高原等地区拥有高度的地形异质性,湿度变化较小,而且在中国南方亚热带地区,可能由于气流运动形成丰富的山地降水,山地地表的水热条件仍然适宜森林植被生长,从而使川梨在复杂的山区地形和温和的微环境下保存下来,并未受到冰期的不利影响或限制作用。

关键词: 川梨;最大熵模型;气候变化

中图分类号:S661.2

文献标志码:A

文章编号:1009-9980(2022)11-2056-08

Prediction of the potentially geographical distribution of *Pyrus pashia* under different climate conditions based on Maxent model

LIU Chao, DONG Xingguang, TIAN Luming, HUO Hongliang, XU Jiayu, QI Dan, ZHANG Ying, ZHANG Simeng, YANG Xiang, GUO Rui, NIE Hanyu, CAO Yufen*

(Institute of Pomology, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xingcheng 125100, Liaoning, China)

Abstract: 【Objective】 This study aimed to predict the distribution of *Pyrus pashia* in the last glacial maximum period, the mid-holocene period, the modern period and in the future (in the year of 2070) based on the Maxent model, and to calculate the suitable habitat areas under different climate conditions, combined with geographic information system (GIS) for visual expression. 【Methods】 The extensive retrieval of detailed distribution records of *P. pashia* in China was conducted via the Global Biodiversity Information Platform (GBIF, <https://www.gbif.org/>), the China Digital Plant Herbarium (CVH, <http://v5.cvh.org.cn/>) and other relevant online databases, to obtain the distribution data of *P. pashia* in China. 6 climate and environmental data were obtained by accessing the World Climate Database (<http://www.worldclim.org/>), and the distribution points of *P. pashia* data and environmental variable data were imported into MaxEnt software separately and visualized with geographic information system (GIS) to predict the distribution of *P. pashia* under different climate conditions. 【Results】 The high suit-

收稿日期:2022-01-06 接受日期:2022-05-27

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项(CARS-28-01);中国农业科学院科技创新工程项目(CAAS-ASTIP)

作者简介:刘超,男,在读博士研究生,研究方向为梨生态学。Tel:13188502836, E-mail:renshengsanjianshi@126.com

*通信作者 Author for correspondence. Tel:13942936219, E-mail:yfcaas@163.net

able areas of *P. pashia* during last glacial maximum were mainly distributed in Yunnan, Eastern Tibet, Southern and Eastern Sichuan, Western Guizhou and Western Guangxi. The total suitable area was 963 100 km², the high, medium and low suitable habitats was 482 800 km², 220 100 km² and 260 300 km², respectively. From the last glacial maximum to the mid-holocene, the suitability area sharply decreased. Compared with the last glacial maximum, the high-suitable area in the Southern Yunnan became medium-suitable area, the high suitable area in the Eastern Sichuan disappeared, and the high suitable area in Guizhou and Guangxi also decreased or even disappeared. The total suitable area was 590 200 km², the high, medium and low suitable habitats were 291 700 km², 163 900 km² and 145 500 km², respectively. From the mid-Holocene to nowadays, the suitability areas gradually increased. Compared with the mid-Holocene, the high suitable area was mainly concentrated in the Northern Yunnan, Southern Sichuan, Western Guizhou and Eastern Tibet. The total area of the suitable habitats was 740 300 km², the high, medium and low suitable habitats were 351 300 km², 191 200 km² and 197 800 km² respectively. From the now to the future, the suitable area would gradually increase. Compare with now, the high suitable areas were mainly concentrated in the Northern Yunnan, Southern Sichuan, Western Guizhou and Eastern Tibet. The total area of suitable habitats was 829 900 km², and the high, medium and low suitable habitats were 351 300 km², 212 200 km², 271 000 km², respectively. The Jackknife method was used to screen out the main environmental factors affecting the distribution of *P. pashia* from the 6 bioclimatic indicators. Among them, temperature seasonality (Bio4) had the largest contribution rate, reaching 46.3%, indicating that the temperature seasonality would play a leading role in the potential geographical distribution pattern of *P. pashia*. The precipitation of warmest quarter (Bio18) contribution rate was 24.8%, Isothermality (Bio3) contribution rate was 16.3%, and mean temperature of warmest quarter (Bio10) contribution rate was 10%, indicating that these three environmental factors might also play a certain role in the geographical distribution pattern of *P. pashia*. According to the response curve of the dominant environmental variables, when the probability of existence was over 0.5, the corresponding ecological factor value would be more suitable for the growth of *P. pashia*. The temperature seasonality suitable for the survival of *P. pashia* was 4000–5200, and the precipitation of warmest quarter was 550–1000 mm, the Isothermality was >42%, and the mean temperature of warmest quarter was 11–23 °C.

【Conclusion】 The temperature seasonality would be the dominant climatic factor affecting the distribution of *P. pashia*. In addition, the precipitation of warmest quarter, isothermality and annual precipitation might also play an important role in the distribution of *P. pashia*. Compared with water, temperature would have a greater impact on population distribution. In this study, the total distribution area of *P. pashia* during the last glacial maximum increased by 30.09%, and the distribution center was 0.14° lower in latitude than that in modern time, indicating that *P. pashia* might be not directly affected by glaciers during the last glacial maximum. This might have a high degree of topographic heterogeneity with the Sichuan Liangshan, Yunnan-Guizhou Plateau and other regions where *P. pashia* was located. With small changes in humidity, the subtropical zone in the Southern China is located in the junction of the subtropical and tropical regions, which might be due to airflow movement, precipitation, the water and heat conditions on the mountain surface suitable for the growth of forest vegetation. Therefore, *P. pashia* could be preserved *in situ* under the complex mountain terrain and mild microenvironment, with no adverse affection by the ice age or restrictive effect.

Key words: *Pyrus pashia*; Maxent model; Climate change

持续的气候变化使得物种的分布地改变,生境破碎化,种群大小减少以及遗传多样性降低,进而导致物种的迁移、濒危甚至灭绝^[1]。孢粉数据显示,在末次盛冰期(Last Glacial Maximum, LGM),全球大降温背景下,欧亚大陆和北美洲的植被类型向赤道方向后退,森林面积不同程度地减少和破碎化,中国东部暖温带常绿阔叶林和混交林向南推移。在全新世中期(Mid-Holocene, MHC),由于气候高温高湿,欧亚大陆中纬度北部地区的森林带略向北移动,中国的暖温带常绿阔叶林和混交林向北移动^[2-3]。显然,物种的分布范围在很大程度上受到气候的影响,是大尺度上决定物种分布的关键因素^[4]。同时,政府间气候变化专门委员会(Intergovernmental Panel on Climate Change, IPCC)第五次评估报告指出,预计全球变暖将继续下去,到2100年,地球平均温度将比1986—2005年上升0.3~4.5 °C,因此有关植被未来分布变化的研究受到广泛关注,而有关植被历史分布与气候变化关系的研究可以为预测植被未来分布变化和提出保护策略提供重要依据。

生态位模型(ENM)是利用物种当代分布记录和气候因子,分析分布点和环境因子的相关性,判断物种的生态需求,并将运算结果投射到不同的时间或地理空间中来预测物种潜在分布的工具^[5]。运用生态位模型对当代、过去、未来气候下植物分布进行预测,能够为深入理解物种进化历程及未来迁移轨迹提供重要的参考依据^[6]。近30 a(年)来,研究者们开发了20多种生态位模型^[7-8],如BIOCLIM、CLIMEX、DOMAIN、GARP、MaxEnt等,每种模型都有不同的理论基础、分析方式和数据需求。其中最大熵(MaxEnt)模型是目前使用最为广泛的生态位模型^[9],MaxEnt模型依据已知的物种分布信息预测物种的潜在适宜分布区域,模型精度要优于同类预测模型^[10],而且在样本量很小(≤ 20)甚至物种分布数据残缺的情况下,该模型仍具有良好的预测效果和可信度,是针对可用分布数据较少的濒危物种适生区预测最有效的模型^[11]。

川梨(*Pyrus pashia* Buch.-Ham. ex D. Don)又名棠梨刺,是蔷薇科(Rosaceae)梨属(*Pyrus*)野生落叶乔木,原产于中国西南地区,主要分布在云南、四川、贵州等地区的山坡、丛林野外处,生长适宜海拔为680~3400 m,对不同环境条件的适应能力较强,是中国西南地区重要的梨砧木资源之一。然而,近年

来,由于对土地的开发利用,包括川梨在内的许多梨属植物野生资源的部分群体正在消失或遭到破坏。目前川梨的研究工作主要集中在系统发育、遗传多样性与群体遗传结构等基础生物学方面^[12-13],关于从气候的角度探讨川梨分布和生长所受环境限制的研究十分有限。笔者根据川梨的当代分布和古气候数据,采用最大熵模型(MaxEnt)对川梨历史时期和当代的适宜分布区进行预测,同时结合地理信息系统(GIS)进行可视化表达,以期解决如下问题:(1)影响川梨分布的关键气候因子是什么?(2)川梨在末次盛冰期、全新世中期、当代和未来的适生分布格局如何?(3)川梨在不同气候情境下分布中心如何变化?进而揭示川梨种群迁移和扩散历史,了解川梨在气候变化下的发生发展规律,从而为川梨的保护、引种驯化和资源管理等提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 分布数据的收集与筛选

通过查阅《中国植物志》和各地方植物志以及相关文献资料,检索全球生物多样性信息平台(<https://www.gbif.org/>)、中国数字植物标本馆(<http://v5.cvh.org.cn/>)和教学标本资源共享平台(<http://mnh.scu.edu.cn/>)等相关网站,搜集川梨的分布点位信息;并在四川、云南、贵州等省份进行实地考察,补充和核对分布点数据。当发生记录缺乏精确的地理坐标时,利用Google Earth(<http://ditu.google.cn/>)进行地址解析,位置信息精确到县级行政区划。利用上述来源,将川梨的分布地点汇编成数据库,删除重复记录和模糊记录,同时考虑气候数据经度为30",为降低采样偏差引起的模型过度拟合,在每个网格单元(1 km×1 km)只取唯一分布点,最终获得131份川梨的存在记录,用于构建模型。

1.2 环境数据的筛选与数据处理

通过访问世界气候数据库(<http://www.worldclim.org/>)得到坐标系为WGS84、栅格大小为1 km²的19个气候环境数据,该数据库收集了1950—2000年世界各地的气象站所记录的详细气象信息^[14],图层中的温度数值(°C)为实际数值×10,选取各时期最大分辨率下的气候数据。其中,当代(1950—2000年)、全新世中期(Mid-Holocene, MH, 6 ka BP)、未来气候(RCP4.5-2070 s)数据分辨率为30",气候情景采用CCSM4模型的推算,其中未来温室气体排放

情景为典型浓度目标4.5(RCP4.5)。末次盛冰期(Last Glacial Maximum, LGM, 21 ka BP)的气候数据分辨率为2.5',气候情景采用CCSM4模型的推算。使用ArcGIS软件剪裁并提取19个环境变量在本研究范围内的气候数据,并将剪裁后的气候数据转换为ASCII格式的数据以满足MaxEnt模型的要求。

由于预测物种分布用的19个气候变量间存在自相关及多重线性重复等问题,这些高度相关的变量在模型预测过程中会引入冗余信息,影响预测结果^[15]。因此在建立模型前,需要对环境变量进行相关性分析后才可用于生态位模型计算。首先使用当代的全部环境变量构建初始模型,选择MaxEnt软件中的刀切法(Jackknife test)来测定环境变量对模型预测的贡献大小,同时利用ArcGIS软件提取131个分布点上19个气候变量的数值,通过SPSS对气候变量进行共线性诊断,保留相关系数 $|r| < 0.8$ 的气候变量,当2项环境因子的相关系数 $|r| \geq 0.8$ 时,选择在初始模型检验贡献率较大的一个,最终筛选得到6个气候变量。将筛选出的气候变量利用MaxEnt模型计算,得到环境因子对川梨分布区划的贡献率。

1.3 模型构建

将川梨的131个分布点数据和各时期的环境变量数据分别导入到MaxEnt软件中,进行建模运算、参数设置:测试集为分布点的25%,训练集为分布点的75%,采用刀切法(jackknife)检验权重,设置受试者工作特征曲线(ROC),其余选项采用模型默认设置^[16]。将上述模型重复运行10次,选取AUC值最大的一组作为最终预测结果。将构建好的模型导入ArcGIS软件,利用重分类工具中的人工分级法将川梨潜在分布区划分4个等级:不适生区(适生值为0~20%)、低适生区(适生值为>20%~40%)、中等适生区(适生值为>40%~60%)和高适生区(适生值为>60%~100%)。运用ArcGIS将不同时期适宜生境分布范围缩小为单个中心点,计算不同时期分布中心的位置与变化,分析川梨的迁移趋势和历史迁移轨迹。

2 结果与分析

2.1 物种分布模型及精确性验证

采用受试者工作特征曲线(ROC)对模拟效果进行评价,曲线下面积AUC值(取值范围0~1)反映

预测精度,AUC值越大表示环境变量与预测的物种地理分布模型之间的相关性越强,模型预测结果越准确(图1)。一般认为AUC值在0.5~0.6之间时,模型预测失败;AUC值在>0.6~0.7之间,预测效果较差;AUC值在>0.7~0.8之间,预测效果一般;AUC值在>0.8~0.9之间,模型预测效果良好;>0.9时,表明模型预测效果优秀。笔者在本研究中在给定的训练和测试数据集下,川梨的分布模型性能优于随机模型,测试集的AUC值为0.968,验证集的AUC值为0.970,训练集和验证集AUC值均大于0.96,说明模型预测良好,准确度较高,可以用于地理分布与气候关系的研究。

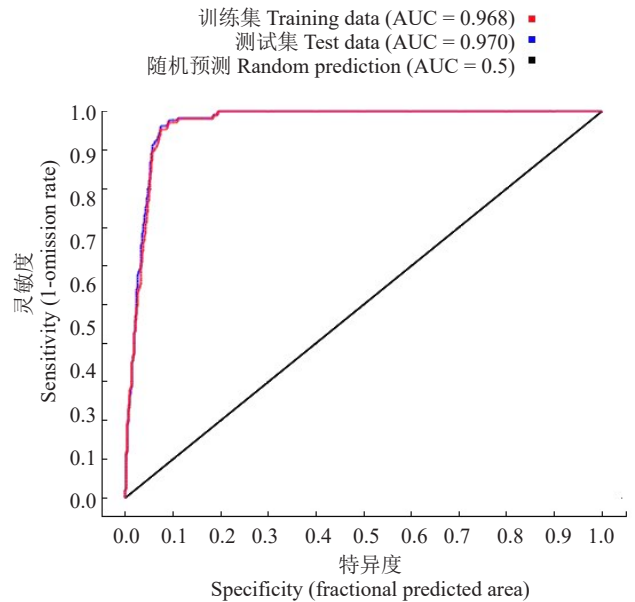


图1 模型预测 ROC 曲线

Fig. 1 The ROC curve of model prediction

2.2 影响地理格局的主要环境因子

Jackknife 检验结果表明,在6个生物气候指标中影响川梨分布的主要环境因子为气温的季节性变化(Bio4)、最暖季降水量(Bio18)、等温性(Bio3)及最暖季平均温度(Bio10)。其中,气温的季节性变化贡献率最大,达46.3%(表1),表明气温的季节性变化对川梨潜在地理分布格局起着主导作用。最暖季降水量贡献率为24.8%、等温性的贡献率为16.3%,最暖季平均温度的贡献率为10.0%,表明这3个环境因子对川梨的地理分布格局也起着一定的作用。根据主导环境变量的响应曲线可知,当存在概率>0.5时,其对应的生态因子值比较适合川梨生长^[17]。由图2可以看出,适宜川梨生存的气温

表 1 影响川梨分布格局的主要环境变量

Table 1 Dominant environmental parameters for potential geographic distribution of *P. pashia*

代码 Symbol	环境变量 Bioclimatic variables	贡献率 Percent contribution/%	置换重要值 Permutation importance/%
Bio4	气温的季节性变化 Temperature seasonality	46.3	87.0
Bio18	最暖季降水量 Precipitation of warmest quarter	24.8	8.3
Bio3	等温性 Isothermality	16.3	0.1
Bio10	最暖季平均温度 Mean temperature of warmest quarter	10.0	2.6
Bio19	最冷季平均降水量 Precipitation of Coldest Quarter	2.3	0.7
Bio15	降水季节变化 Precipitation seasonality	0.3	1.3

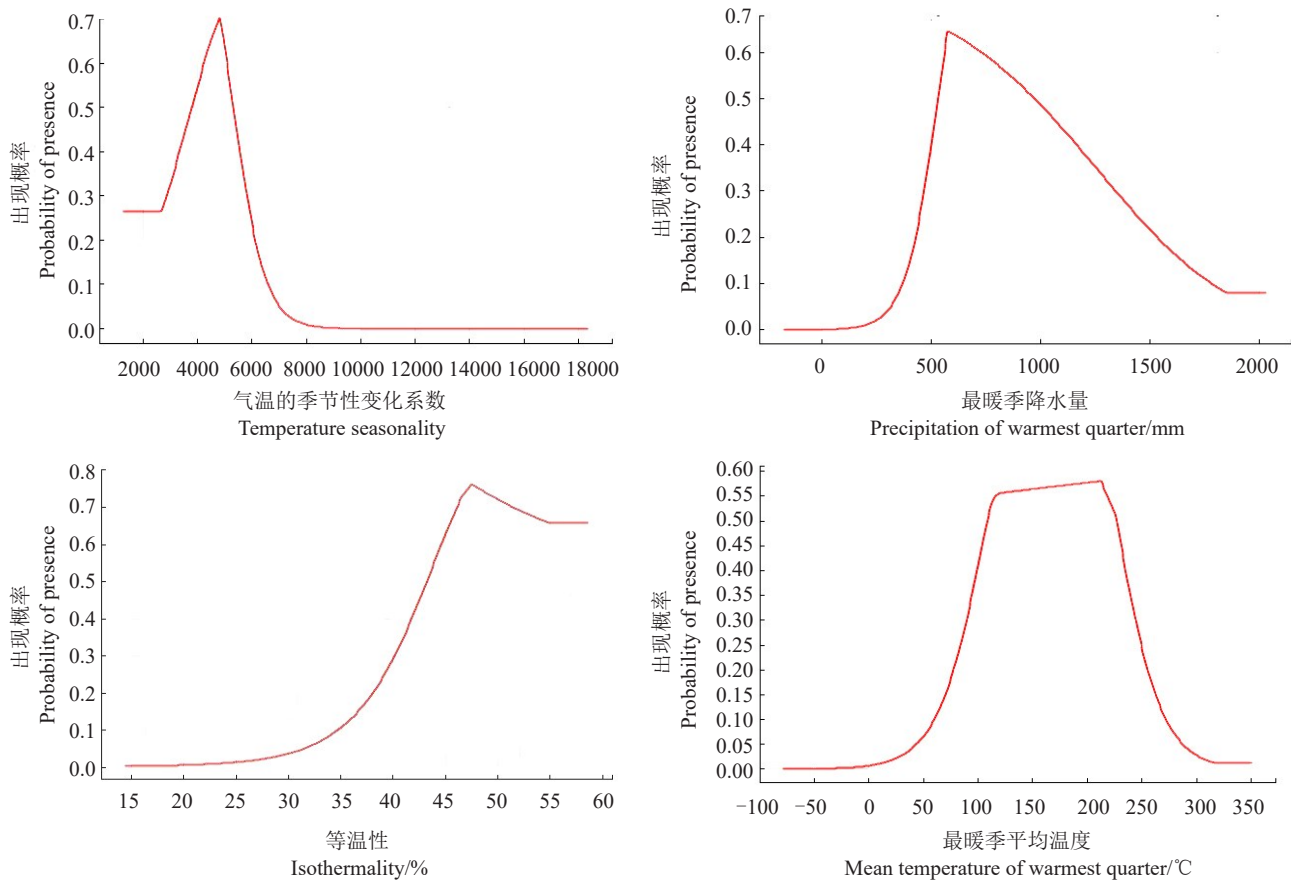


图 2 影响川梨分布的环境变量的响应曲线

Fig. 2 Response curves for environmental predictors in the species distribution model for *P. pashia*

季节性变化在 4000~5200, 最暖季降水量在 550~1000 mm, 等温性 > 42%, 最暖季平均温度在 11~23 °C。

2.3 川梨当前潜在适宜分布区及分布中心变化

MaxEnt 模型是依据已知的物种分布信息预测物种潜在适宜分布区, 具有良好的预测效果和可信度, 尽管也有一些预测的区域没有发现该物种, 但预测的核心分布区和当前分布点基本一致, 适生区主要包括云南、四川南部、贵州西部、广西西部和西藏东部。适生区总面积约为 74.03 万 km², 低、中和高适

宜生境分布面积分别为 19.78 万 km²、19.12 万 km² 和 35.13 万 km²。其中高适宜生境主要位于云南北部、四川南部、贵州西部和西藏东部少数地区, 分布面积分别为 22.07 万 km²、6.96 万 km²、1.65 万 km² 和 4.23 万 km², 分布范围在 21°~31°N、87°~106°E 之间 (表 2)。

川梨在末次盛冰期 (LGM) 的分布中心位于贵州省毕节市威宁彝族回族苗族自治县, 坐标为北纬 26.48°、东经 104.02°, 在全新世中期 (MID) 川梨的分布中心位于云南省楚雄彝族自治州大姚县, 坐标为

表 2 川梨不同适宜性指数的区域分布

Table 2 Distribution area with different suitable index of *P. pashia* ($\times 10^4 \text{ km}^2$)

地区 Region	低适宜生境 Lowly suitable	中等适宜生境 Moderately suitable	高适宜生境 Highly suitable	合计 Total
西藏 Tibet	4.06	2.34	4.23	10.63
四川 Sichuan	9.27	5.13	6.96	21.36
云南 Yunnan	2.66	9.28	22.07	34.01
贵州 Guizhou	2.44	1.39	1.65	5.49
广西 Guangxi	1.35	0.98	0.22	2.55
合计 Total	19.78	19.12	35.13	74.03

北纬 25.78°、东经 101.41°，与从末次盛冰期相比川梨的分布中心向西南偏移。在当代(CUR)气候条件下，川梨的分布中心位于云南省丽江市华坪县，坐标为北纬 26.62°、东经 101.41°，与全新世中期相比分布中心向北迁移。在未来(RCP4.5-2070)气候条件下川梨的分布中心位于云南省迪庆市香格里拉市，坐标为北纬 27.39°、东经 100.28°，与当代相比分布中心向西北偏移。总体来看，川梨的分布中心从末次盛冰期到未来整体向西北迁移，坐标变化范围在 25.78°~27.39°N、100.28°~104.02°E。

2.4 不同气候情景下川梨潜在适生区变化

在末次盛冰期，川梨的适生区分布面积约为

96.31 万 km^2 ，相比当代增加了 30.09%，高、中和低适宜生境分布面积分别为 48.28 万 km^2 、22.01 万 km^2 和 26.03 万 km^2 ，相比当代分别增加了 37.43%、15.11% 和 31.59% (表 3)；高适宜区主要分布于我国云南大部、西藏东部、四川南部和东部、贵州西部及广西西部。进入全新世中期与末次盛冰期相比川梨的分布面积骤然收缩，分布的总面积为 60.11 万 km^2 ，相比于当代减少了 18.81%，各个适宜生境面积较末次盛冰期相比明显减小，高、中和低适宜分布区面积分别为 29.17 万 km^2 、16.39 万 km^2 和 14.55 万 km^2 ，相比当代分别减少 16.97%、14.28 和 26.44% (表 3)，与末次盛冰期相比云南南部的高适宜区变为中适宜区，四川东部的高适宜区消失，贵州和广西的高适宜区也减少甚至消失。在未来(2070 s)气候情境下川梨潜在适宜分布区与当代相比有所增加，总面积为 82.99 万 km^2 ，与当代相比适生区增加了 12.10%，高、中和低适宜分布区面积分别为 34.67 万 km^2 、21.22 万 km^2 和 27.10 万 km^2 ，相比当代分别减少了 1.31% 和增加了 10.98% 和 37.01% (表 3)，与当代相比低适宜生境向西藏、四川西北部地区扩张，云南南部的高适宜区收缩明显，仅在少数地区轻微扩张。综上分析结果表明，川梨由历史气候区到未来适宜分布区面积呈

表 3 不同气候情景下川梨适宜分布区面积及其比例

Table 3 The area and proportion of suitable distribution of *P. pashia* under different climate scenarios

气候情景 Climate scenario	气温的季节性变化 Temperature seasonality	年平均气温 Annual mean temperature/ $^{\circ}\text{C}$	各适生区面积(与当代相比面积变化百分比/%) Area of each suitable region (the percentage change in area compared with current)			
			低适宜生境 Lowly suitable	中等适宜生境 Moderately suitable	高适宜生境 Highly suitable	总适生区 Total suitable region/ km^2
末次盛冰期 Last Glacial Maximum	4 866.37	11.71	26.03(+31.59)	22.01(+15.11)	48.28(+37.43)	96.31(+30.09)
全新世中期 Mid-holocene	4 929.71	13.26	14.55(-26.44)	16.39(-14.28)	29.17(-16.97)	60.11(-18.81)
未来 Future	4 884.83	13.45	27.10(+37.01)	21.22(+10.98)	34.67(-1.31)	82.99(+12.10)
当代 Current	4 711.66	13.21	19.78(0.00)	19.12(0.00)	35.13(0.00)	74.03(0.00)

注:年平均气温、气温的季节性变化为各时期高度适生区的平均值。

Note: Annual mean temperature and temperature seasonality were the average values of the highly suitable region in each period.

现先减少后增加的趋势。

3 讨论

3.1 影响川梨分布的主导环境因子

气候变化对物种的分布甚至存亡具有重要的影响，其中水热条件起着主导作用^[18]。胡忠俊等^[19]基于 MaxEnt 模型对紫花针茅(*Stipa purpurea*)的分布

进行了预测，结果表明，气候因素对紫花针茅(*S. purpurea*)的分布具有重要影响，其中温度相对于降水量的影响更大。杨霞等^[20]基于 MaxEnt 模型对骆驼刺(*Alhagi sparsifolia*)的研究表明，温度相对于降雨量对骆驼刺分布的影响更为重要。笔者在本研究中利用 MaxEnt 模型模拟各气候因子对川梨地理分布的影响，表明其中季节性气候变化方差是影响川

梨分布的主导气候因子,贡献率达到 46.3%。另外最暖季降水量、等温性及最暖季平均温度对川梨的分布也起到了重要作用,而相对于水分,温度对种群分布的影响更大。

3.2 川梨的冰期避难所

根据孢粉数据,在第四纪冰期,全球温度比现在低 5~12 °C,寒冷的气候对动植物的分布造成了很大的影响^[21],许多植物大幅向南迁移避难,常绿阔叶林的北界向南退缩约 1000 km,热带森林植被在中国大陆南部基本消失^[22-23]。然而大量谱系地理学研究揭示了中国亚热带植物在多个避难所内原地避难的模式,许多植物在末次冰期预测的潜在分布区也并未完全退缩到 24°N 以南^[24-25]。在本研究中川梨末次盛冰期的分布区总面积约为 96.31 万 km²,与当代相比增加 30.09%,分布中心的纬度比当代低 0.14°,说明川梨在末次盛冰期未受到冰川的直接作用,尽管该地区年平均气温下降 4~6 °C,但川梨的适宜分布区不但没有减少,反而扩增了。这可能是川梨所在的横断山脉、四川盆地、云贵高原等地区拥有高度的地形异质性,湿度变化较小,而且中国南方的亚热带地区可能由于气流运动形成丰富的山地降水,山地地表的水热条件仍然适宜森林植被生长^[26],从而使川梨在复杂的山区地形和温和的微环境下原地保存下来,未受到冰期的不利影响或限制作用。

参考文献 References:

- [1] THUILLER W, LAVOREL S, ARAUJO M B, SKYKES M T, PRENTICE I C. Climate change threats to plant diversity in Europe[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2005, 102(23): 8245-8250.
- [2] 陈瑜,倪健. 利用孢粉记录定量重建大尺度古植被格局[J]. 植物生态学报, 2008, 32(5): 1201-1212.
CHEN Yu, NI Jian. Quantitative palaeovegetation reconstruction at large scale based on pollen records[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2008, 32(5): 1201-1212.
- [3] NI J, YU G, HARRISON S P, PRENTICE I C. Palaeovegetation in China during the late Quaternary, biome reconstructions based on a global scheme of plant functional types[J]. Palaeogeography palaeoclimatology palaeoecology, 2010, 289(4): 44-61.
- [4] 吴建国,吕佳佳,艾丽. 气候变化对生物多样性的影响:脆弱性和适应[J]. 生态环境学报, 2009, 18(2): 693-703.
WU Jianguo, LÜ Jiajia, AI Li. The impact of climate change on biodiversity: Vulnerability and adaptation[J]. Ecology and Environment Sciences, 2009, 18(2): 693-703.
- [5] 朱耿平,刘国卿,卜文俊,高玉葆. 生态位模型的基本原理及其在生物多样性保护中的应用[J]. 生物多样性, 2013, 21(1): 90-98.
ZHU Gengping, LIU Guoqing, BO Wenjun, GAO Yubao. Ecological niche modeling and its applications in biodiversity conservation[J]. Biodiversity Science, 2013, 21(1): 90-98.
- [6] WARREN R, VANDERWAL J, PRICE J, WELBERGEN J A, ATKINSON I. Quantifying the benefit of early climate change mitigation in avoiding biodiversity loss[J]. Nature Climate Change, 2013, 3(7): 678-682.
- [7] ELITH J, GRAHAM C H, ANDERSON R P, DUDIK M, FERRIER S, GUIBAN A, HIJMANS R J, HUETTMANN F, LEATHWICK J R, LEHMANN A. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data[J]. Ecography, 2010, 29(2): 129-151.
- [8] QIAO H, LIN C, JI L, JIANG Z. mMweb: An online platform for employing multiple ecological niche modeling algorithms[J/OL]. PLoS One, 2012, 7(8): 43327. DOI: 10.1371/journal.pone.0043327.
- [9] AHMED S E, MCINERNY G, HARA K, RICHARD H, LARA S. Scientists and software surveying the species distribution modelling community[J]. Diversity & Distributions, 2015, 21(3): 258-267.
- [10] 王运生,谢丙炎,万方浩,肖启明,戴良英. ROC 曲线分析在评价入侵物种分布模型中的应用[J]. 生物多样性, 2007, 15(4): 365-372.
WANG Yunsheng, XIE Bingyan, WAN Fanghao, XIAO Qiming, DAI Liangying. Application of ROC curve analysis in evaluating the performance of alien species potential distribution models[J]. Biodiversity Science, 2007, 15(4): 365-372.
- [11] 张路. MAXENT 最大熵模型在预测物种潜在分布范围方面的应用[J]. 生物学通报, 2015, 50(11): 9-12.
ZHANG Lu. Applications of maximum entropy (MaxEnt) model in prediction of species potential distribution ranges[J]. Bulletin of Biology, 2015, 50(11): 9-12.
- [12] 刘晶. 中国豆梨与川梨的遗传多样性和群体遗传结构研究[D]. 杭州:浙江大学, 2013.
LIU Jing. Studies on genetic diversity and structure of *Pyrus calleryana* and *P. pashia* in China[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2013.
- [13] 张丽娟. 滇中南地区野生川梨砧木资源的性状调查及多样性分析[D]. 昆明:云南大学, 2019.
ZHANG Lijuan. Investigation and diversity analysis of *Pyrus pashia* as rootstock resources in central and southern Yunnan province[D]. Kunming: Yunnan University, 2019.
- [14] HIJMANS R J, CAMERON S E, PARRA J L, JONES P G, JARVIS A. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas[J]. International Journal of Climatology, 2005, 25(15): 1965-1978.
- [15] 陈新美,雷渊才,张雄清,贾宏炎. 样本量对 MaxEnt 模型预测

- 物种分布精度和稳定性的影响[J]. 林业科学, 2012, 48(1): 53-59.
- CHEN Xingmei, LEI Yuancai, ZHANG Xiongqing, JIA Hongyan. Effects of sample sizes on accuracy and stability of maximum entropy model in predicting species distribution[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2012, 48(1): 53-59.
- [16] 郭杰, 刘小平, 张琴, 张东方, 谢彩香, 刘霞. 基于 Maxent 模型的党参全球潜在分布区预测[J]. 应用生态学报, 2017, 28(3): 992-1000.
- GUO Jie, LIU Xiaoping, ZHANG Qin, ZHANG Dongfang, XIE Caixiang, LIU Xia. Prediction for the potential distribution area of *Codonopsis pilosula* at global scale based on Maxent model[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, 28(3): 992-1000.
- [17] 麻亚鸿. 基于最大熵模型(Maxnt)和地理信息系统(ArcGis)预测藓类植物的地理分布范围: 以广西花坪自然保护区为例[D]. 上海: 上海师范大学, 2013.
- MA Yahong. Applying Maxent and ArcGis to predict mosses geographic distribution range: A case study of Huaping Nature Reserve, Guangxi[D]. Shanghai: Shanghai Normal University, 2013.
- [18] 李焱, 张兴旺, 方炎明. 小叶栎分布格局对末次盛冰期以来气候变化的响应[J]. 植物生态学报, 2016, 40(11): 1164-1178.
- LI Yao, ZHANG Xingwang, FANG Yanming. Responses of the distribution pattern of *Quercus chenii* to climate change following the Last Glacial Maximum[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2016, 40(11): 1164-1178.
- [19] 胡忠俊, 张懿铨, 于海彬. 基于 MaxEnt 模型和 GIS 的青藏高原紫花针茅分布格局模拟[J]. 应用生态学报, 2015, 26(2): 505-511.
- HU Zhongjun, ZHANG Yili, YU Haibin. Simulation of *Stipa purpurea* distribution pattern on Tibetan Plateau based on MaxEnt model and GIS[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(2): 505-511.
- [20] 杨霞, 郑江华, 穆晨. 气候变化下骆驼刺潜在地理分布区预测[J]. 中国中药杂志, 2017, 42(3): 450-455.
- YANG Xia, ZHENG Jianghua, MU Chen. Predictions of potential geographical distribution of *Alhagi sparsifolia* under climate change[J]. *China Journal of Chinese Materia Medica*, 2017, 42(3): 450-455.
- [21] 陈冬梅, 康宏樟, 刘春江. 中国大陆第四纪冰期潜在植物避难所研究进展[J]. 植物研究, 2011, 31(5): 623-632.
- CHEN Dongmei, KANG Hongzhang, LIU Chunjiang. An overview on the potential quaternary glacial refugia of plants in China mainland[J]. *Bulletin of Botanical Research*, 2011, 31(5): 623-632.
- [22] HARRISON S P, YU G, TAKAHARA H, PRENTICE I C. Palaeovegetation (Communications arising): Diversity of temperate plants in east Asia[J]. *Nature*, 2001, 413(6850): 129-130.
- [23] 陈瑜, 倪健. 利用孢粉记录定量重建大尺度古植被格局[J]. 植物生态学报, 2008, 32(5): 1201-1212.
- CHEN Yu, NI Jian. Quantitative palaeovegetation reconstruction at large scale based on the pollen records[J]. *Journal of Plant Ecology*, 2008, 32(5): 1201-1212.
- [24] QIU Y X, FU C X, COMES H P. Plant molecular phylogeography in China and adjacent regions, tracing the genetic imprints of Quaternary climate and environmental change in the world's most diverse temperate flora[J]. *Molecular Phylogenetics & Evolution*, 2011, 59(1): 225-244.
- [25] 叶俊伟, 张阳, 王晓娟. 中国亚热带地区阔叶林植物的谱系地理历史[J]. 生态学报, 2017, 37(17): 5894-5904.
- YE Junwei, ZHANG Yang, WANG Xiaojuan. Phylogeographic history of broad-leaved forest plants in subtropical China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(17): 5894-5904.
- [26] 吕燕. 中国南方亚热带山地 10-40 ka BP 古植被与古气候特征探讨[D]. 南京: 南京师范大学, 2014.
- LÜ Yan. Discussion of ancient vegetation and climate at 10-40 ka BP in the subtropical mountains of southern China[D]. Nanjing: Nanjing Normal university, 2014.