

# 木榄林生物量的灰色动态预测\*

廖宝文 郑德璋 郑松发 陈步峰

(中国林业科学研究院热带林业研究所)

**摘要** 本文根据20年生的木榄生物量和树干解析资料,应用灰色系统理论中的GM(1,1)模型对木榄各器官生物量进行预测分析,并与非线性回归预测方程作模型精度比较。结果表明:GM(1,1)模型精度比较理想,可以对近期生物量进行预测,而非线性回归预测方程误差较大。通过预测,为今后合理经营、开发利用木榄林提供科学依据。

**关键词** 木榄林;生物量;GM(1,1)模型;预测

灰色系统理论自1982年创立以来,在社会许多领域得到了广泛应用,并获得了显著的经济、社会效益<sup>[1]</sup>。在林业上对林木生长量、林业气象、病虫害等方面已有了一些应用,然而在生物量预测方面,却至今仍未见报道。为探讨灰色系统理论在此方面的应用效果,我们根据在海南省清澜港调查的木榄(*Bruguiera gymnorrhiza*)林生物量和树干解析相结合的资料<sup>[2]</sup>,对木榄各器官生物量以及叶面积分别建立了GM(1,1)模型,现将其结果整理如下。

## 1 灰色动态模型

灰色预测,是指采用GM(1,1)模型对系统行为特征值的发展变化进行预测<sup>[1]</sup>。GM(1,1)是根据过去及现在的信息,建立一个从过去引伸到将来的模型,其建模过程如下:

设有一数据时间序列为

$$x^{(0)}(t) = \{x^{(0)}(1), x^{(0)}(2), \dots, x^{(0)}(n)\}$$

则对  $x^{(0)}(t)$  作一次累加生成(AGO),用公式

$$x^{(1)}(i) = \sum_{j=1}^i x^{(0)}(j) \quad (1)$$

得一次累加生成数列

$$x^{(1)}(k) = \{x^{(1)}(1), x^{(1)}(2), \dots, x^{(1)}(n)\}$$

对  $x^{(1)}(k)$  数列建立微分方程:

$$\frac{dx^{(1)}(k)}{dt} + ax^{(1)}(k) = b \quad (2)$$

式中  $a$ 、 $b$  为待定参数,可利用最小二乘法,求取参数向量  $\hat{a} = [a, b]^T = (B^T B)^{-1} B^T Y_N$  其中:

本文于1990年4月25日收到。

\*本文承蒙邝炳朝研究员审阅,并提出宝贵建议,特此致谢。

$$B = \begin{bmatrix} -\frac{1}{2}(x^{(1)}(1) + x^{(1)}(2)) & 1 \\ -\frac{1}{2}(x^{(1)}(2) + x^{(1)}(3)) & 1 \\ \dots & \vdots \\ -\frac{1}{2}(x^{(1)}(n-1) + x^{(1)}(n)) & 1 \end{bmatrix} \quad (3)$$

$$Y_N = [x^{(0)}(2), x^{(0)}(3), \dots, x^{(0)}(n)]^T \quad (4)$$

将参数向量  $\hat{a}$  代入(2)式, 解得时间响应函数为:

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = \left( x^{(0)}(1) - \frac{b}{a} \right) e^{-ak} + \frac{b}{a} \quad (5)$$

(5)式为 GM(1,1)动态预测模型。

## 2 木榄生物量预测模型的建立

### 2.1 材料来源

利用木榄林样地上伐倒的各径阶标准木的各器官生物量( $W$ )与胸径( $D$ )间存在的幂函数相关关系<sup>[2]</sup>, 即  $W = aD^b$ , 建立木榄各器官生物量回归方程如表 1。

表 1 木榄各器官生物量与  $D$  的回归方程

项 目	回 归 方 程	相 关 系 数
树 干	$\lg W_s = 2.3691 \lg D - 1.1702$	0.9955 ②
树 皮	$\lg W_{Ba} = 1.6414 \lg D - 1.4986$	0.9255 ①
树 枝	$\lg W_B = 3.1275 \lg D - 1.9915$	0.9783 ②
树 叶 (果)	$\lg W_L = 2.6769 \lg D - 2.0005$	0.9910 ②
根 系	$\lg W_R = 1.5543 \lg D - 0.3282$	0.9196 ①
叶 面 积	$\lg S = 2.5411 \lg D - 1.0667$	0.9939 ②

①  $P < 0.01$ ; ②  $P < 0.001$ 。

选取两株木榄平均木的树干解析年轮序列的  $D$  值, 按表 1 的回归方程算得各器官生物量的年龄序列如表 2。

表 2 木榄各器官生物量年龄序列

(烘干重: kg)

年龄 (a)	树 干	树 皮	树 枝	树 叶 (果)	根 系	叶 面 积 (m <sup>2</sup> )
6 (1975)	0.329	0.095	0.082	0.060	1.326	0.499
8 (1977)	0.808	0.177	0.270	0.165	2.392	1.283
10 (1979)	1.648	0.290	0.691	0.369	3.818	2.724
12 (1981)	2.577	0.395	1.247	0.611	5.119	4.377
14 (1983)	4.261	0.560	2.423	1.079	7.121	7.469
16 (1985)	5.594	0.676	3.471	1.468	8.513	9.977
18 (1987)	8.775	0.924	6.288	2.441	11.439	15.856
20 (1989)	14.351	1.299	12.038	4.255	15.795	26.875

### 2.2 木榄器官生物量灰色预测模型

2.2.1 干生物量 GM(1,1)模型 现以树干为例, 说明建立生物量灰色预测模型的方法和计

算步骤如下:

(1) 给出1975~1989年木榄树干生物量数列(表2), 即建模的原始数列为:

$$x^{(0)}(t) = \{x^{(0)}(1975), x^{(0)}(1977), \dots, x^{(0)}(1989)\}$$

(2) 对  $x^{(0)}(t)$  作一次累加生成, 利用公式(1)得:

$$x^{(1)}(k) = \{0.329, 1.137, 2.785, 5.362, 9.623, 15.217, 23.992, 38.343\}$$

(3) 确定参数向量  $\hat{a} = [a, b]^T = (B^T B)^{-1} B^T Y_N$ . 按(3)、(4)式, 数据矩阵  $B$ 、 $Y_N$  为

$$B = \begin{bmatrix} -0.733 & 0 & 1 \\ -1.961 & 0 & 1 \\ -4.073 & 5 & 1 \\ -7.492 & 5 & 1 \\ -12.420 & 0 & 1 \\ -19.604 & 5 & 1 \\ -31.167 & 5 & 1 \end{bmatrix}$$

$$Y_N = [0.808, 1.648, 2.577, 4.261, 5.594, 8.775, 14.351]$$

经 IBM-PC 计算机算得

$$\hat{a} = \begin{bmatrix} a \\ b \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -0.4306397 \\ 0.6657276 \end{bmatrix}$$

(4) 将  $\hat{a}$  代入(5)式, 即可解得木榄树干生物量预测模型

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = 1.874904 e^{0.4306397k} - 1.545904 \quad (6)$$

(5) 累加数据检验

计算值	原始数据累加值	计算值	原始数据累加值
$\hat{x}^{(1)}(1) = 0.329$	$x^{(1)}(1) = 0.329$	$\hat{x}^{(1)}(5) = 8.951$	$x^{(1)}(5) = 9.623$
$\hat{x}^{(1)}(2) = 1.338$	$x^{(1)}(2) = 1.137$	$\hat{x}^{(1)}(6) = 14.601$	$x^{(1)}(6) = 15.217$
$\hat{x}^{(1)}(3) = 2.890$	$x^{(1)}(3) = 2.785$	$\hat{x}^{(1)}(7) = 23.291$	$x^{(1)}(7) = 23.992$
$\hat{x}^{(1)}(4) = 5.278$	$x^{(1)}(4) = 5.362$	$\hat{x}^{(1)}(8) = 36.662$	$x^{(1)}(8) = 38.992$

(6) 还原及检验(残差大小检验并进一步进行后验差检验)

用公式  $x^{(0)}(k) = x^{(1)}(k) - x^{(1)}(k-1)$  进行还原

计算值 $\hat{x}^{(0)}(k)$	原始值 $x^{(0)}(k)$	残差(q)	残差百分比(%)
0.329	0.329	0	0
1.009	0.808	-0.201	-24.8
1.552	1.648	0.096	5.8
2.388	2.577	0.189	7.3
3.673	4.261	0.588	13.8
5.650	5.594	-0.056	-1.0
8.691	8.775	0.084	1.0
13.369	14.351	0.982	6.8

进一步作后验差检验:

① 求后验差比值  $C = \frac{S_2}{S_1}$ , 其中  $S_2$  为残差的标准差,  $S_1$  为原始数据( $x^{(0)}$ )的标准差<sup>[3]</sup>。

$$C = \frac{0.3626}{4.4546} = 0.08$$

② 求误差概率  $P = P\{|q(k)| < 0.6745 S_1\} = 1$

按后验差检验方式的规定,  $C < 0.35$ ,  $P > 0.95$ , 模型为一级<sup>[3]</sup>。因此该模型为一级。

2.2.2 树皮生物量 GM(1,1)模型 按树皮生物量数列建立的灰色预测模型为:

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = 0.5967223 e^{0.3003707k} - 0.5017223 \quad (7)$$

模型检验结果如表 3。

表 3

年 份	1975	1977	1979	1981	1983	1985	1987	1989
残差检验 残 差	0	-0.032	0.008	0.014	0.045	-0.019	-0.015	0.031
残差百分比(%)	0	-18.0	2.7	3.5	8.0	-2.8	-1.6	2.4
后 验 差 检 验	C 值: 0.06				P 值: 1			

其平均残差百分比为 4.9% (绝对值), 模型为一级。

2.2.3 树枝生物量 GM(1,1)模型 按树枝生物量数列建立的灰色预测模型为:

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = 0.4038586 e^{0.5670878k} - 0.3218585 \quad (8)$$

模型检验结果如表 4。

表 4

年 份	1975	1977	1979	1981	1983	1985	1987	1989
残差检验 残 差	0	-0.038	0.148	0.289	0.734	0.493	1.038	2.780
残差百分比(%)	0	-14.7	21.4	23.1	30.3	14.2	16.5	23.1
后 验 差 检 验	C 值: 0.23				P 值: 0.875			

其平均残差百分比为 17.9%,  $P < 0.95$ , 误差较大, 为此用 1983~1989 年的残差数列对原点进行修正, 由此得残差 GM(1,1)模型为:

$$\varepsilon^{(1)}(k+1) = 0.2659536 e^{0.866122k} + 0.468045 \quad (9)$$

用(9)式修正后, 1983~1989年残差百分比分别为 0、3.6%、2.6%及 5.9%。1975~1989年平均残差由 17.9%下降到 8.9%。于是将残差修正模型(9)式加入原模型(8)式中, 得木榄树枝生物量灰色预测模型为:

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = [0.4038586 e^{0.5670878k} - 0.3218585] + [0.2659536 e^{0.866122(k-4)} + 0.468045] \delta(k-3) \quad (10)$$

其中

$$\delta(k-3) = \begin{cases} 1 & k \geq 4 \text{ (1983年)} \\ 0 & k < 4 \text{ (1981年)} \end{cases}$$

2.2.4 树叶(含果)生物量 GM(1,1)模型 按树叶生物量数列建立的灰色预测模型为:

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = 0.3272341 e^{0.4859283k} - 0.2672341 \quad (11)$$

模型检验结果如表 5。

表 5

年 份	1975	1977	1979	1981	1983	1985	1987	1989
残差检验	0	-0.040	-0.036	0.070	0.199	0.038	0.116	0.476
残差百分比(%)	0	-24.2	-9.7	11.4	18.4	2.6	4.8	11.0
后 验 差 检 验	C 值: 0.12				P 值: 1			

其平均残差百分比为1.8%，模型为一级。

2.2.5 根系生物量 GM(1,1)模型 按根系生物量数列建立的灰色预测模型为:

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = 8.500559 e^{0.2847262k} - 7.174559 \quad (12)$$

模型检验结果如表 6。

表 6

年 份	1975	1977	1979	1981	1983	1985	1987	1989
残差检验	0	-0.408	0.096	0.170	-1.624	-0.232	-0.187	0.339
残差百分比(%)	0	-17.0	2.5	3.3	-22.8	-2.7	-1.6	2.1
后 验 差 检 验	C 值: 0.09				P 值: 1			

其平均残差百分比为6.5%，模型为一级。

2.2.6 叶面积 GM(1,1)模型 为了解木榄叶面积的变化情况,按叶面积数列建立 GM(1,1)模型为:

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = 2.792572 e^{0.464433k} - 2.293572 \quad (13)$$

模型检验结果如表 7。

表 7

年 份	1975	1977	1979	1981	1983	1985	1987	1989
残差检验	0	-0.324	0.193	0.390	1.189	0.104	0.272	2.326
残差百分比(%)	0	25.3	7.1	8.9	15.9	1.0	1.7	8.6
后 验 差 检 验	C 值: 0.09				P 值: 1			

其平均残差百分比为8.6%，模型为一级。

### 2.3 回归分析预测模型

生物量与时间一般呈指数函数关系,因此对木榄各器官生物量的年龄序列建立指数回归预测模型<sup>[4]</sup>,与灰色动态预测模型 GM(1,1)进行比较,确定最佳预测模型,其基本公式为

$$\hat{W} = ae^{bt} \quad (14)$$

其中  $\hat{W}$  为生物量预测值,  $a$  和  $b$  为回归系数,  $t$  为时间(年龄序列)。

利用(14)式对表 2 中的各列数据与年龄序列的关系分别建立各器官的生物量预测方程表 8。

表8 木榄各器官生物量回归分析预测模型

项 目	回 归 方 程	相 关 系 数	剩 余 标 准 差
树 干	$\text{Ln}W_s = 0.5062t - 1.2620$	0.9871	0.2012 <sup>①</sup>
树 皮	$\text{Ln}W_{Ba} = 0.3507t - 2.4583$	0.9871	0.1389 <sup>①</sup>
树 枝	$\text{Ln}W_B = 0.6687t - 2.6970$	0.9870	0.2668 <sup>①</sup>
树 叶 (果)	$\text{Ln}W_L = 0.5716t - 2.9852$	0.9872	0.2263 <sup>①</sup>
根 系	$\text{Ln}W_R = 0.3322t + 0.1837$	0.9871	0.1323 <sup>①</sup>
叶 面 积	$\text{Ln}S = 0.5346t - 0.8558$	0.9871	0.2121 <sup>①</sup>

①  $P < 0.001$ .

对表8的各方程分别进行残差大小检验, 检验结果见表9。

表9 回归分析预测模型残差检验结果

年份	树 干		树 皮		树 枝		树 叶		根 系		叶 面 积	
	残 差	残 差 %	残 差	残 差 %	残 差	残 差 %	残 差	残 差 %	残 差	残 差 %	残 差	残 差 %
1975	-0.140	-42.6	-0.027	-28.4	-0.050	-61.0	-0.030	-50.0	-0.349	-26.3	-0.226	-45.3
1977	0.029	3.6	0.004	2.3	0.013	4.8	0.006	3.6	0.057	2.4	0.045	3.5
1979	0.355	21.5	0.045	15.5	0.190	27.5	0.088	23.8	0.563	14.7	0.611	22.4
1981	0.433	16.8	0.047	11.9	0.269	21.6	0.114	18.7	0.581	11.3	0.771	17.6
1983	0.704	16.5	-0.066	11.8	0.514	21.2	0.198	18.4	0.795	11.2	1.314	17.6
1985	-0.308	-5.5	-0.026	3.8	-0.255	-7.3	-0.092	-6.3	-0.306	-3.6	-0.528	-5.3
1987	-1.015	-18.1	-0.073	7.9	-0.983	-15.6	-0.321	-13.2	-0.855	-7.5	-2.073	-13.1
1989	-1.891	-13.2	-0.116	-8.2	-2.153	-17.9	-0.637	-15.0	-1.343	-8.5	-3.725	-13.9
平均		17.2		11.2		22.1		18.6		10.7		17.3

注: 平均值为绝对值。

从表9可看出, 各器官生物量指数回归预测方程的残差百分比都比较大。树干、树皮、树枝、树叶、根系和叶面积, 其指数回归预测方程的平均残差百分比分别为17.2%、11.2%、22.1%、18.6%、10.7%和17.3%, 而GM(1,1)的平均残差百分比则分别为7.6%、4.9%、8.9%(修正值)、10.3%、6.5%和8.6%。从中可知GM(1,1)优于指数回归预测方程, 因此运用建立的GM(1,1)模型可对木榄林生物量进行预测分析。

### 3 木榄林生物量预测分析

根据(6)、(7)、(10)、(11)、(12)、(13)式分别对1991、1993和1995年木榄的树干、树枝、树叶和根系生物量以及叶面积进行预测, 预测值见表10。

表10 木榄各器官生物量预测值及其比例分配

年 份	树 干	树 皮	树 枝	树 叶 (果)	根 系	$\Sigma$	叶 面 积 ( $\text{m}^2$ )
1991	$\frac{20.565}{29.3}$	$\frac{1.712}{2.4}$	$\frac{21.248}{30.3}$	$\frac{6.144}{8.8}$	$\frac{20.547}{29.2}$	$\frac{70.216}{100}$	38.671
1993	$\frac{31.634}{28.3}$	$\frac{2.311}{2.1}$	$\frac{40.490}{36.2}$	$\frac{9.988}{8.9}$	$\frac{27.315}{24.5}$	$\frac{111.738}{100}$	60.918
1995	$\frac{48.660}{26.6}$	$\frac{3.121}{1.7}$	$\frac{78.585}{43.0}$	$\frac{16.238}{8.9}$	$\frac{36.313}{19.8}$	$\frac{182.917}{100}$	95.963

注: 各栏中横线的上方值单位为kg, 下方值单位为%。

从表10看出,随着年龄的增长,树枝生物量增长较快,其次是树干,再次是根系,树皮生物量增长最慢。另外随树龄的增长,树干、树皮、根系的生物量所占比例逐渐减少,树叶比例变化不大,只有树枝生物量所占比例逐渐上升。

预测生物量的目的不仅在于预报未来林木生物量的动态变化,还应反映出林分在定期内生物量的动态信息(如总生物量、林分生产力等),以便对林分的经营、利用作出决策。将单株树木在林分水平上综合,便知道整个林分生物量变化情况。调查的林分以木榄占绝对优势,伴生极少量的木果楝(*Xylocarpus granatum*)和红树(*Rhizophora apiculata*),平均年龄为20年,密度1967株/ha(其中木榄1917株/ha)。将木榄生物量在林分水平上综合,便得表11。从表11看出,在未来几年内,木榄林分的树枝生物量变动较大。1991年树枝总生物量与树干、根系生物量相差甚小,1993年以后则树枝总生物量逐渐超过树干和根系的生物量,1995年悬殊较大。从今后几年木榄林净生产量与叶面积指数关系可知,随叶面积指数的增大,木榄林的净生产量也逐渐增加,叶面积指数由7.5上升到18.4,其净生产量由6.118 t/ha·a提高到13.486 t/ha·a。可见叶面积指数与林分生产力的关系仍十分紧密。

表11 木榄林生物量和净生产量

年 份	树 干	树 皮	树 枝	树 叶 (果)	根 系	Σ	叶 面 积 指 数
1991	39.423	3.282	40.732	11.778	39.389	134.604	7.5
	1.792	0.149	1.851	0.535	1.790	6.118	
1993	60.642	4.430	77.619	19.147	52.363	214.201	11.7
	2.527	0.185	3.234	0.798	2.182	8.925	
1995	93.281	5.983	150.647	31.128	69.612	350.651	18.4
	3.588	0.230	5.794	1.197	2.677	13.486	

注:各栏中横线的上方值单位为t,下方值的单位为t/ha·a。

## 4 结论与讨论

(1) 本文运用灰色系统理论对生物量预测作了一次尝试,并与非线性回归预测方程进行模型精度比较。结果表明,根据生物量调查与树干解析相结合的资料,对木榄生物量建立的GM(1,1)模型精度符合要求,而非线性回归预测模型精度误差较大。因此可以运用建立的GM(1,1)模型进行预测。预测的实际效果有待于实践检验。

(2) GM(1,1)模型是指数模型,增长的指数模型具有无限增长的特性。所调查的木榄林尚属中幼龄阶段,仍有不断增长趋势,但作为一个能量系统,不可能出现无限增长现象,因此,GM(1,1)模型作为短期预测比较合适,中期预测可以参考。笔者也曾运用具有增长极限的Verhulst模型对木榄各器官生物量进行预测,结果模型精度误差太大,不适用。原因是木榄林生物量增长趋势在现阶段仍未出现拐点。但对树龄较大的林木生物量预测,应用具有生长极限带有线性时间项的GM(1,1)模型或Verhulst模型也许更合适。如果今后逐年有新信息补充,则可采用新陈代谢GM(1,1)模型,以提高其精度。

(3) 林分生物量既受环境因子的影响,又受林分自身结构因素的调控。由于这些因素很难完全了解和描述,因此把林木生态系统看作是一个灰色系统,把各种因素对林分生物量的

影响当作已经反映在生物量时间数据序列之中，因为客观系统无论怎么复杂，总是有序、有整体功能的。而作为反映系统行为的特征数据，它总是蕴含着某种规律。所以在林木生物量测定中，可利用灰色模型对其进行预测，为制定森林经营的决策提供依据。

### 参 考 文 献

- [1] 邓聚龙, 1988, 灰色系统理论(上、中册), 武汉灰色系统咨询部。
- [2] 廖宝文等, 1991, 木榄林生物量和生产力的研究, 林业科学研究, 4(1): 22~29。
- [3] 邓聚龙等, 1988, 农业系统灰色理论与方法, 山东科学技术出版社。
- [4] 张盛开等, 1985, 管理数学方法, 机械工业出版社。

## *The Grey Dynamic Forecast of the Biomass of Bruguiera gymnorrhiza Stand*

Liao Baowen    Zheng Dezhang    Zheng Songfa    Chen Bufeng

(The Research Institute of Tropical Forestry CAF)

**Abstract** Based on the data of biomass and stem analysis of 20-year-old *Bruguiera gymnorrhiza*, the grey model(1,1) in the grey system theory is used to forecast the individual organ biomass of the tree and their precisions predicted of the grey model(1,1) are compared with those of the nonlinear regressive equation. The results show that grey model(1,1) can be used to predict accurately but the nonlinear regressive equation, owing to the existing major error, can not be applied. Biomass forecast in the near future is made in order to provide a theoretical basis for managing and utilizing *Bruguiera gymnorrhiza* stand rationally.

**Key words** *Bruguiera gymnorrhiza* stand; biomass; grey model(1,1); forecast