

长白落叶松人工林单木和林分水平的相容性生物量模型研究

洪奕丰^{1,2}, 陈东升¹, 申佳朋¹, 孙晓梅¹, 张守攻^{1*}

(1. 中国林业科学研究院林业研究所, 国家林业和草原局林木培育重点实验室, 北京 100091;

2. 国家林业和草原局华东调查规划设计院, 浙江 杭州 310019)

摘要: [目的] 构建落叶松人工林单木和林分水平的相容性生物量模型, 使之既在数据采集区域内能够表征不同水平下的差异程度, 又具有较强的通用性。 [方法] 基于 64 株长白落叶松人工林样木生物量实测数据和 40 个每木检尺样地数据, 在考虑和未考虑林龄 2 种情形下, 利用哑变量和非线性似然无关回归方法相结合, 构建单木和林分水平的一元相容性生物量模型。 [结果] 表明: (1) 地上及全株生物量模型单木水平下的 R_{adj}^2 均大于 0.95, 林分水平下的 R_{adj}^2 均大于 0.78, (2) 利用哑变量考虑林龄因素后, 单木水平下各评价指标总体稳定, 参数 b 值范围从 0.905 5 ~ 2.512 5 减小为 1.047 0 ~ 2.202 8。林分水平下 R^2 提升 0.201 9, 参数 b 值范围从 0.071 1 ~ 1.560 7 减小为 0.781 1 ~ 1.055 1; 且具有更小的 TRE 、 MPE 和 MSE 。 (3) 利用对数转换的线性回归模型, 全株及各组分生物量模型残差的分布趋势均平行于横轴。 [结论] 非线性似然无关回归和哑变量相结合的方法灵活、建模过程简单、模型稳定性好, 适用于不同因素下落叶松人工林相容性生物量模型构建。林龄因素对林分模型拟合效果的改善更显著, 在建模过程中, 单木模型可以不考虑林龄的影响, 而林分模型需要考虑林龄的影响。

关键词: 长白落叶松; 非线性似然无关回归; 哑变量; 相容性; 生物量模型

中图分类号: S757

文献标识码: A

文章编号: 1001-1498(2019)04-0033-08

在研究森林生态系统功能和应对全球气候变化等过程中, 生物量的监测与评估极为重要^[1-2]。模型估计法作为生物量监测估算最常用的方法, 国内外相关研究很多, 过去几十年全球建立的生物量模型超过 2 000 个, 涵盖了不同生态地理区域的主要树种^[3-4], 但大部分只针对地上部分生物量^[5], 且各组分生物量一般都单独建模, 对相容性问题考虑较少^[6-11]。近年来, 许多学者利用似然无关回归、比例平差法、联立方程组等方法构建相容性材积或生物量模型, 取得较好的效果^[12-17]。董利虎等^[18] 构建了大兴安岭地区天然林的林分生物量模型, 解决了各组分可加性的问题。马克西等^[19] 建立集地上生物量、树干材积和地下生物量为一体, 兼具相容性和可加性的二元和一元云杉生物量模型系统, 并分析一元模型是否受地域的影响。符利勇等^[20] 基于独立形式的一元、二元和三元模型, 利用非线性似然

无关回归法、比例平差法和非线性联立方程组法构建相应的马尾松相容性生物量模型, 并比较了不同方法的预测精度和稳定性。

长白落叶松 (*Larix olgensis* Henry.) 是东北地区的主要用材树种, 科学地监测和评估其生物量具有重要意义。本研究以黑龙江省长白落叶松人工林为研究对象, 利用哑变量和非线性似然无关法相结合, 构建单木和林分生物量相容性模型。使得模型能够表征不同水平下的差异程度, 既在数据采集区域内有较高的预估精度, 又具有较强的泛化能力。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

数据来源于黑龙江省孟家岗林场 (46°20' ~ 46°30'N, 130°32' ~ 130°52'E), 地处完达山西麓余脉, 以低山丘陵为主, 地势东北高, 西南低, 海拔 170 ~

收稿日期: 2018-11-28 修回日期: 2019-02-12

基金项目: 国家自然科学基金重点项目(31430017)

* 通讯作者: 张守攻, 研究员, 主要从事针叶树遗传改良和可持续经营技术研究。E-mail: larch_rif@163.com

575 m,平均海拔为250 m,坡度位于 $10^{\circ}\sim 20^{\circ}$ 之间,较为平缓。属东亚大陆性季风气候。年平均气温 2.7°C ,年平均降水量550 mm,全年日照时数1955 h,无霜期120 d左右。土壤种类以典型暗棕壤为主,其次为白浆化暗棕壤,另有少量的潜育暗棕壤、原始暗棕壤、草甸暗棕壤。

根据2016年森林资源二类调查,林场经营面积 $15\,503\text{ hm}^2$,林地面积 $13\,671\text{ hm}^2$,其中有林地 $13\,374\text{ hm}^2$,森林覆盖率达86.3%,活立木总蓄积量 $1\,464\,508\text{ m}^3$ 。主要树种以长白落叶松、樟子松(*Pinus sylvestris* var. *mongolica* Litv.)和红松(*Pinus koraiensis* Sieb. et Zucc.)等人工林为主,面积约占2/3,其他天然次生林约占1/3。

1.2 样地设置与生物量调查

2016年6—8月,根据《黑龙江省森林资源规划设计调查技术操作细则》中龄组划分标准,按幼龄林($\leq 20\text{ a}$)、中龄林(21~30 a)、近熟林(31~40 a)、成熟林($\geq 41\text{ a}$,成熟林与过熟林合并处理)选择典型长白落叶松人工林,设置 0.06 hm^2 样地40块(表

表1 样木数据概况

Table 1 Summary statistics of sampling trees

林分类型 Stand types	样木数量 Numbers	胸径 D/cm	树高 High/m	树干 Stem/kg	树皮 Bark/kg	树枝 Branch/kg	树叶 Leaf/kg	树根 Root/kg
幼龄林(4~19 a) Young stand	16	3.4~9.2	3.7~13.8	1.7~15.9	0.3~2.9	0.7~4.8	0.6~2.0	0.8~5.2
中龄林(21~29 a) Middle-age stand	16	9.2~13.1	6.5~17.1	10.1~48.6	2.1~7.1	3.7~9.0	1.5~3.1	4.7~11.9
近熟林(31~39 a) Near-mature stand	16	12.9~16.7	11.3~18.4	26.9~106.4	4.0~12.3	5.4~12.3	1.8~3.5	7.4~20.1
成熟林(41~55 a) Mature stand	16	17.2~23.0	11.7~20.8	64.0~185.7	7.9~19.2	8.7~19.4	2.5~5.6	15.8~49.9

1.3 研究方法

1.3.1 生物量总量和各组分的基础模型 生物量异速生长模型一般以幂函数形式(式1)表达^[22],为了克服变量间的非线性问题,减少模型估算误差,采用经对数转换的线性回归来拟合^[23],单木和林分模型形式分别为式(2)和式(3):

$$M = a \times D^b \quad (1)$$

$$\ln M = \ln(a) + b \times \ln D \quad (2)$$

$$\ln M = \ln(a) + b \times \ln G \quad (3)$$

式中: M 为待计算的单木总量及各组分生物量, D 为胸径, G 为林分胸高断面面积, a 和 b 为模型参数。

1.3.2 相容性生物量模型 本研究选择非线性似然无关法建立落叶松人工林生物量相容性模型^[24-25],建立的落叶松人工林生物量相容性模型有2个可加性:(1)各组分生物量之和等于总生物量;(2)树干、树皮、树枝、树叶生物量之和等于地上部分生物量。单木和林分模型形式分别为式(4)和式(5):

1)。对样地进行每木检尺,起测胸径为5 cm。单株木的胸径用围尺测量,树高和枝下高使用激光测高仪(TruPulse 360B, Laser Technology Inc., Cen-tennial CO, USA)、超声波测高仪(VERTEX III, HAGLOF Company, Långsele, Sweden)进行测量,冠幅的两个主方向使用皮尺测量。在样地调查基础上,分别4个林龄各选取4块标准地,每块标准地按优势木、被压木各1株,标准木2株共选取64株解析样木。地上部分采用Monsic分层切割法测定样木的干、皮、树、叶的鲜质量^[21]。地下部分采用全根挖掘法,分别测定小根($\leq 2\text{ cm}$)、粗根(2~5 cm)、根茎($\geq 5\text{ cm}$)的鲜质量。各器官分别取样后,在 105°C 下进行30 min的杀青处理,然后将烘箱的温度调到 80°C 烘干至恒质量,测出各组分样品的含水率。根据样品含水率乘以总鲜质量推算出各组分的生物量。

根据40个样地每木检尺数据,利用建立的单木水平生物量模型计算得到各单木的总生物量和各组分生物量,再分别汇总得到各样地的总生物量和各组分生物量。

$$\left\{ \begin{array}{l} \ln M_1 = \ln(a_1) + b_1 \times \ln D \\ \ln M_2 = \ln(a_2) + b_2 \times \ln D \\ \ln M_3 = \ln(a_3) + b_3 \times \ln D \\ \ln M_4 = \ln(a_4) + b_4 \times \ln D \\ \ln M_5 = \ln(a_5) + b_5 \times \ln D \\ \ln M_6 = \ln\left(\sum_{i=1}^4 (a_i \times D^{b_i})\right) \\ \ln M_7 = \ln\left(\sum_{i=1}^5 (a_i \times D^{b_i})\right) \end{array} \right. \quad (4)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \ln M_1 = \ln(a_1) + b_1 \times \ln G \\ \ln M_2 = \ln(a_2) + b_2 \times \ln G \\ \ln M_3 = \ln(a_3) + b_3 \times \ln G \\ \ln M_4 = \ln(a_4) + b_4 \times \ln G \\ \ln M_5 = \ln(a_5) + b_5 \times \ln G \\ \ln M_6 = \ln\left(\sum_{i=1}^4 (a_i \times G^{b_i})\right) \\ \ln M_7 = \ln\left(\sum_{i=1}^5 (a_i \times G^{b_i})\right) \end{array} \right. \quad (5)$$

式中: $M_1, M_2, M_3, M_4, M_5, M_6, M_7$ 分别代表树干、树皮、树枝、树叶、树根、地上生物量、总生物量, D 为胸径, G 为林分胸高断面面积, a_i, b_i 为模型参数。

此外,为了研究不同年龄阶段对总生物量和各组分生物量分配规律的影响,方程中构造一个区别林龄的哑变量 $S = (S_1, S_2, S_3)$, 即 $S = (1, 0, 0)$ 为幼龄林, $S = (0, 1, 0)$ 为中龄林, $S = (0, 0, 1)$ 为近熟林, $S = (0, 0, 0)$ 为成熟林。则式(4)和式(5)表达式变为:

$$\begin{cases} \ln M_1 = \ln(a_{10} + a_{11} \times s_1 + a_{12} \times s_2 + a_{13} \times s_3) + b_1 \times \ln D \\ \ln M_2 = \ln(a_{20} + a_{21} \times s_1 + a_{22} \times s_2 + a_{23} \times s_3) + b_2 \times \ln D \\ \ln M_3 = \ln(a_{30} + a_{31} \times s_1 + a_{32} \times s_2 + a_{33} \times s_3) + b_3 \times \ln D \\ \ln M_4 = \ln(a_{40} + a_{41} \times s_1 + a_{42} \times s_2 + a_{43} \times s_3) + b_4 \times \ln D \\ \ln M_5 = \ln(a_{50} + a_{51} \times s_1 + a_{52} \times s_2 + a_{53} \times s_3) + b_5 \times \ln D \\ \ln M_6 = \ln\left(\sum_{i=1}^4 ((a_{i0} + a_{i1} \times s_1 + a_{i2} \times s_2 + a_{i3} \times s_3) \times D^{b_i})\right) \\ \ln M_7 = \ln\left(\sum_{i=1}^5 ((a_{i0} + a_{i1} \times s_1 + a_{i2} \times s_2 + a_{i3} \times s_3) \times D^{b_i})\right) \end{cases} \quad (6)$$

$$\begin{cases} \ln M_1 = \ln(a_{10} + a_{11} \times s_1 + a_{12} \times s_2 + a_{13} \times s_3) + b_1 \times \ln G \\ \ln M_2 = \ln(a_{20} + a_{21} \times s_1 + a_{22} \times s_2 + a_{23} \times s_3) + b_2 \times \ln G \\ \ln M_3 = \ln(a_{30} + a_{31} \times s_1 + a_{32} \times s_2 + a_{33} \times s_3) + b_3 \times \ln G \\ \ln M_4 = \ln(a_{40} + a_{41} \times s_1 + a_{42} \times s_2 + a_{43} \times s_3) + b_4 \times \ln G \\ \ln M_5 = \ln(a_{50} + a_{51} \times s_1 + a_{52} \times s_2 + a_{53} \times s_3) + b_5 \times \ln G \\ \ln M_6 = \ln\left(\sum_{i=1}^4 ((a_{i0} + a_{i1} \times s_1 + a_{i2} \times s_2 + a_{i3} \times s_3) \times G^{b_i})\right) \\ \ln M_7 = \ln\left(\sum_{i=1}^5 ((a_{i0} + a_{i1} \times s_1 + a_{i2} \times s_2 + a_{i3} \times s_3) \times G^{b_i})\right) \end{cases} \quad (7)$$

1.3.3 模型评价 模型拟合结果采用调整决定系数 (R_{adj}^2)、估计值的标准差 (SEE)、总相对误差 (TRE)、平均预估误差 (MPE)、平均系统误差 (MSE) 和平均百分标准误差 ($MPSE$) 来评价。生物量建模及统计分析 R 软件完成,相容性生物量模型使用其中的 systemfit 软件包进行拟合。为了充分利用样本有效信息,建模时采用十折交叉验证法,交叉验证结果模型评价值的平均值作为最终模型评价指标。

$$R_{adj}^2 = 1 - (n - 1) \sum (y_i - \hat{y}_i)^2 / (n - p) \sum (y_i - \bar{y}_i)^2 \quad (8)$$

$$SEE = \sqrt{\sum (y_i - \hat{y}_i)^2 / (n - p)} \quad (9)$$

$$TRE = \sum (y_i - \hat{y}_i) / \sum \hat{y}_i \times 100 \quad (10)$$

$$MPE = t_\alpha \cdot (SEE / \bar{y}) / \sqrt{n} \times 100 \quad (11)$$

$$MSE = \sum (y_i - \hat{y}_i) / \hat{y}_i / n \times 100 \quad (12)$$

$$MPSE = \sum |y_i - \hat{y}_i / \hat{y}_i| / n \times 100 \quad (13)$$

式中: y_i 为实际观测值, \hat{y}_i 为模型预测值, \bar{y}_i 是样本平均值, t_α 是置信区间 α 时的 t 值, p 是参数个数, n 是样本数。指标说明见参考文献[26]。一般而言, R^2 是反映模型拟合优度的最常用指标,考虑到样本量不够大时模型参数个数变化对自由度的影响,采用 R_{adj}^2 替代 R^2 。

2 结果与分析

表2和表3分别为利用似然无关方法建立的单木水平相容性生物量模型(模型4)与利用哑变量引入林龄因素的生物量模型(模型6)的参数估计值与评价统计指标。两组模型除树叶外,全株及各组分生物量模型的 R_{adj}^2 均大于 0.91。地上及全株生物量模型的 R_{adj}^2 均大于 0.95,说明 D 已经解释了立木生物量变动的 95% 以上;模型拥有较小的 SEE 、 TRE 和 MSE 值,表明两组模型均具有较好的拟合效果;全株及各组分的 MPE 在 4%~7% 左右,表明模型的平均预估精度达到 93% 以上。模型6与模型4相比,各评价统计指标总体稳定,而在反映模型拟合效果的 TRE 和 MSE 两个指标,提升幅度较大,均在 3% 左右,表明模型6拟合效果良好。

图1为模型6建模数据的残差与预测值的关系分布图。从图中可知,各组分生物量模型残差分布无异质性,即利用对数转换的可加性模型不仅能很好地拟合落叶松人工林生物量,而且能消除模型的异方差。

表2 单木模型参数估计值

Table 2 Parameter estimates on tree level

模型 Models	组分 Components	参数估计值 Parameter estimates				
		a_0	b	a_1	a_2	a_3
普通相容模型(模型4) Model 4	树干 Stem	0.055 0	2.512 5			
	树皮 Bark	0.028 5	1.993 0			
	树枝 Branch	0.161 6	1.456 5			
	树叶 Leaf	0.235 6	0.905 5			
	树根 Root	0.043 4	2.102 0			
哑变量相容模型(模型6) Model 6	树干 Stem	0.151 9	2.202 8	-0.057 5	-0.037 7	-0.019 8
	树皮 Bark	0.049 0	1.829 3	-0.011 5	-0.006 5	-0.001 0
	树枝 Branch	0.156 7	1.047 0	0.032 0	0.011 9	0.012 6
	树叶 Leaf	0.148 7	1.494 0	0.004 3	0.000 6	0.003 6
	树根 Root	0.098 7	1.868 7	-0.027 8	-0.025 2	-0.016 4

表3 单木模型评价统计指标

Table 3 Evaluation statistics on tree level

模型 Models	组分 Components	统计指标 Evaluation statistics					
		R^2_{adj}	SEE/kg	$TRE/\%$	$MPE/\%$	$MSE/\%$	$MPSE/\%$
普通相容模型(模型4) Model 4	树干 Stem	0.968 4	14.59	9.03	7.03	6.31	18.47
	树皮 Bark	0.954 5	1.78	7.70	7.21	6.52	17.34
	树枝 Branch	0.917 3	1.69	5.91	5.40	5.98	16.81
	树叶 Leaf	0.842 9	0.49	5.69	4.73	5.69	16.21
	树根 Root	0.957 7	4.20	10.85	8.01	7.50	17.15
	地上 Above	0.962 2	18.01	8.41	6.58	6.38	16.74
	全株 Whole	0.963 6	21.02	8.80	6.44	6.53	16.38
哑变量相容模型(模型6) Model 6	树干 Stem	0.967 5	13.98	3.46	6.74	3.75	17.48
	树皮 Bark	0.954 3	1.75	3.14	7.10	3.63	16.53
	树枝 Branch	0.915 8	1.67	2.93	5.34	3.52	15.79
	树叶 Leaf	0.845 5	0.48	2.76	4.62	2.90	14.78
	树根 Root	0.960 1	3.81	4.23	7.26	3.15	15.85
	地上 Above	0.952 6	17.36	3.34	6.34	3.69	15.76
	全株 Whole	0.953 8	19.95	3.47	6.11	3.56	15.18

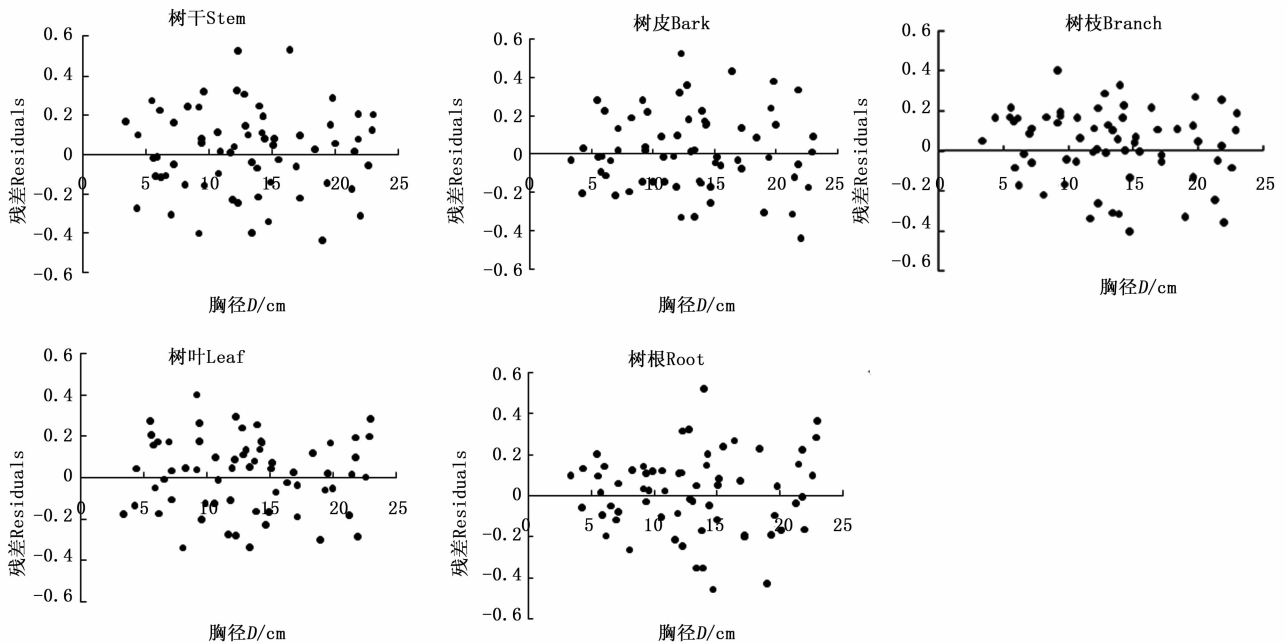


图1 哑变量单木模型不同组分残差分布

Fig. 1 Residual distribution of different components for dummy variable models

表4、表5和图2分别给出了林分水平生物量模型的参数估计值、评价统计指标、观测值与预测值对比情况。模型7与模型5相比,各指标均有显著提升。全株模型的 R_{adj}^2 提高了0.2019,SEE降低了 $11.60\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$,MPE和MPSE分别降低了2.68和8.87个百分点。树干、树根、地上的组分的 R_{adj}^2 均从0.7~0.8提升至0.98以上,树枝、树叶组分的 R_{adj}^2

从0.5左右提升至0.8以上,同时伴随着TRE、MPE和MPSE的显著降低,表明通过哑变量引入林龄因素对林分相容性模型拟合效果改善和预估精度提高均有显著作用。综上,建立生物量模型过程中,单木模型可以不考虑林龄的影响,而林分模型需要考虑林龄的影响。

表4 林分模型参数估计值

Table 4 Parameter estimates on stand level

模型 Models	组分 Components	参数估计值 Parameter estimates				
		a_0	b	a_1	a_2	a_3
普通相容模型(模型5) Model 5	树干 Stem	0.474 5	1.560 7			
	树皮 Bark	0.264 4	1.090 3			
	树枝 Branch	2.345 8	0.489 6			
	树叶 Leaf	2.885 7	0.071 1			
	树根 Root	0.667 1	1.026 4			
哑变量相容模型(模型7) Model 7	树干 Stem	3.067 5	1.055 1	-1.293 3	-0.976 0	-0.508 8
	树皮 Bark	0.495 6	0.905 4	-0.085 7	-0.033 2	0.015 5
	树枝 Branch	0.684 1	0.823 8	0.183 7	0.144 7	0.075 9
	树叶 Leaf	0.203 8	0.781 1	0.200 7	0.182 5	0.097 7
	树根 Root	1.118 1	0.909 2	-0.266 9	-0.236 2	-0.146 7

表5 林分模型评价统计指标

Table 5 Evaluation statistics on stand level

模型 Models	组分 Components	统计指标 Evaluation statistics					
		R_{adj}^2	SEE/($\text{t}\cdot\text{hm}^{-2}$)	TRE/%	MPE/%	MSE/%	MPSE/%
普通相容模型(模型5) Model 5	树干 Stem	0.715 4	15.02	-1.19	5.30	0.41	15.95
	树皮 Bark	0.922 8	0.69	-1.25	2.13	-1.16	4.71
	树枝 Branch	0.549 2	1.31	0.46	3.39	0.14	8.96
	树叶 Leaf	0.547 8	0.87	2.33	7.25	2.24	20.37
	树根 Root	0.801 9	2.12	-0.21	3.21	0.16	8.96
	地上 Above	0.787 6	13.51	-0.91	3.69	0.03	10.61
	全株 Whole	0.788 2	15.55	-0.80	3.59	0.03	10.32
哑变量相容模型(模型7) Model 7	树干 Stem	0.986 5	5.52	0.96	1.95	0.52	2.57
	树皮 Bark	0.988 9	0.31	-0.37	0.98	-0.17	1.70
	树枝 Branch	0.867 8	0.90	-0.71	2.31	-0.35	4.19
	树叶 Leaf	0.822 2	0.41	-0.85	3.41	-0.32	7.14
	树根 Root	0.992 3	0.48	-0.29	0.72	-0.19	1.39
	地上 Above	0.989 8	4.08	0.61	1.11	0.37	1.39
	全株 Whole	0.990 1	3.95	0.08	0.91	-0.19	1.45

3 讨论

本研究利用哑变量方法构建了落叶松人工林相容性生物量模型,单木和林分水平的 R_{adj}^2 分别为0.9538和0.9901,TRE、MPE、MSE分别为3.47%、6.11%、3.56%和0.08%、0.91%、-0.19%,拥有较高的拟合效果和预估精度。尤其林分水平引入林龄因素后,模型拟合效果和预估精度均有显著改善。图2反映了不区分林龄条件下,在80~110t和150~170t两个区间,出现高估的概率较大;而在130

~150t区间更容易低估,这可能建模数据为人工林分,存在抚育间伐等人为干扰有关,仅通过胸高断面面积难以完全表达林分的状态。表明构建落叶松人工林林分生物量模型,必须考虑林龄因素。单木和林分水平下,总生物量、地上、树干、树皮和树根生物量模型均具有较好的拟合效果, R_{adj}^2 均超过0.95,而树枝和树叶有着相对较小的和较大的TRE、MPE、MSE。这与黄兴召等对辽东山区日本落叶松的研究结论一致,可能与外业样本采集中容易造成树枝、树叶生物量的耗损有关^[24]。

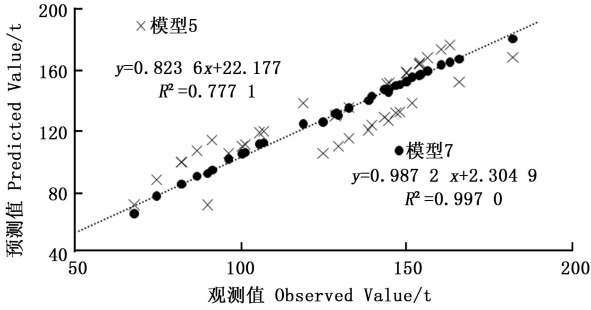


图2 林分生物量观测值与预测值对比
Fig. 2 Comparison of stand biomass from observed and predicted

生物量异速模型的参数 a 、 b 值既具有统计学意义,又具有生物学意义。黄兴召等^[27]收集了 80 篇文献共计 304 个一元生物量异速生长模型发现,参数 b 值在树种间存在显著的差异性。换言之,对于单一树种的生物量模型构建, b 值应当趋于稳定。引入林龄因素后,单木生物量模型的参数 b 值变幅从 0.905 5 ~ 2.512 5 减小为 1.047 0 ~ 2.202 8,林分生物量模型的参数 b 值变幅从 0.071 1 ~ 1.560 7 减小为 0.781 1 ~ 1.055 1, b 值的变化幅度明显减小,表明基于哑变量的相容性生物量模型的稳定性较高。单木生物量模型中,除了树枝、树叶两个贡献度较小的组分,其余 b 值均能落在 1.66 ~ 2.79 范围,与曾伟生等^[28]研究结果一致。总的来说,本研究利用哑变量引入林龄因素所建立的模型 6 与模型 7 在全株和各组分生物量方面,与普通模型(模型 4 与模型 5)相比,均体现出较好的拟合效果,可以很好地对研究区落叶松人工林单木和林分生物量进行估计。

直接利用生物量异速生长模型进行非线性回归与经对数转换的线性回归均具有较好的拟合效果,选择何种方式主要取决于模型的误差结构分布。董利虎等利用似然分析法得出落叶松天然林与人工林的生物量异速生长模型的误差结构都是相乘的,应选用对数转换的线性回归拟合生物量^[23]。此外,生物量数据随着自变量变化波动性较大,回归模型误差项不满足方差齐性的条件,为消除异方差,常用方法有对数回归法和加权回归法。因此,选用对数转换的线性回归模型不仅适用于落叶松人工林的生物量拟合,而且能消除模型的异方差^[29]。

符利勇等^[17]在研究兴安落叶松和长白落叶松生物量通用方程时发现,一元(胸径)、二元(胸径和

树高)、三元(胸径、树高和冠幅)生物量通用方程的 R_{adj}^2 没有显著差异,但从 $RMSE$ 方面考虑,多元模型能改善方程预测效果。本研究尝试构建一元相容性生物量模型,发现已经具有较好的 R_{adj}^2 和较小的 MPE 、 MSE 值。尤其是林分模型, R_{adj}^2 达到 0.990 1,而 MPE 、 MSE 分别仅为 0.91 和 0.08。一元林分生物量模型的拟合效果与预估精度较高,可能与本研究采用一元生物量模型计算样地内每株样木的生物量有关。此外,树高和冠幅测量误差较大的问题难以避免,若不进行处理或者笼统地归为一项随机误差,反而增加了生物量模型的不确定性^[30-31]。因此,若要考虑多元生物量模型,应利用误差度量理论构建多元生物量模型,对不同来源的不确定性分别进行度量,并推算各误差来源所导致不确定性的贡献率。

4 结论

本研究以黑龙江省长白落叶松人工林为研究对象,基于 40 个每木检尺样地数据和 64 株样木生物量实测数据,在考虑和未考虑林龄 2 种情形下,利用哑变量和非线性似然无关回归方法相结合,构建了单木和林分水平的一元相容性生物量模型。可以得出以下结论:

(1)单木水平下,哑变量模型与普通模型的 R_{adj}^2 基本大于 0.91,平均预估精度达到 93% 以上,均具有较好的拟合效果和预估精度。哑变量模型在反映拟合效果的指标方面略有优势,但提升效果不显著。

(2)林分水平下,利用哑变量方法引入林龄因素对生物量模型的拟合效果改善以及预估精度提高均有显著作用; b 值的变化幅度明显减小,表明基于哑变量的相容性生物量模型的稳定性较高。

(3)进行人工林生物量建模时,由于人为生产活动的干扰,仅通过胸高断面难以完全表达林分状态,容易出现高估或低估的情况,考虑林龄因素可以有效改善这一现象。

(4)应选用对数转换的线性回归模型拟合落叶松人工林的生物量,不仅满足生物量异速生长模型的误差结构,而且能消除模型的异方差。

参考文献:

- [1] Mu C C, Lu H C, Wang B, et al. Short-term effects of harvesting on carbon storage of boreal *Larix gmelinii*-*Carex schmidtii* forested wetlands in Daxing'anling, northeast China [J]. Forest Ecology and Management, 2013, 293 (7) : 140 - 148.

- [2] Houghton R A. Aboveground forest biomass and the global carbon balance[J]. *Global Change Biology*, 2005, 11(6): 945–958.
- [3] Lambert M C, Ung C H, Raulier F. Canadian national tree aboveground biomass equations[J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2005, 35(8): 1996–2018.
- [4] Jenkins J C, Chojnacky D C, Heath L S, *et al.* National-scale biomass estimators for United States tree species[J]. *Forest Science*, 2003, 49(1): 12–35.
- [5] Wang C K. Biomass allometric equations for 10 co-occurring tree species in Chinese temperate forests[J]. *Forest Ecology and Management*, 2006, 222(1/3): 9–16.
- [6] 郭含茹, 张茂震, 徐丽华, 等. 基于地理加权回归的区域森林碳储量估计[J]. *浙江农林大学学报*, 2015, 32(4): 497–508.
- [7] 欧光龙, 胥辉, 王俊峰, 等. 思茅松天然林分生物量混合效应模型构建[J]. *北京林业大学学报*, 2015, 37(3): 101–110.
- [8] 王永刚, 舒清态, 李圣娇, 等. 香格里拉高山松天然林分蓄积混合效应模型构建[J]. *西南林业大学学报*, 2016, 36(3): 121–125.
- [9] 罗恒春, 张超, 魏安超. 气候对云南松林分生物量的影响研究[J]. *西南林业大学学报: 自然科学*, 2017, 37(6): 99–104.
- [10] 孙雪莲, 舒清态, 欧光龙, 等. 基于随机森林回归模型的思茅松人工林生物量遥感估测[J]. *林业资源管理*, 2015, (1): 71–76.
- [11] 王立海, 邢艳. 秋基于人工神经网络的天然林生物量遥感估测[J]. *应用生态学报*, 2008, 19(2): 261–266.
- [12] 刘镜婷, 姜立春. 大兴安岭不同区域落叶松相容性材积方程及异方差研究[J]. *林业科学研究*, 2016, 29(3): 317–323.
- [13] 唐守正, 张会儒, 胥辉. 相容性生物量模型的建立及其估计方法研究[J]. *林业科学*, 2000, 36(专刊1): 19–27.
- [14] 骆期邦, 曾伟生, 贺东北, 等. 立木地上部分生物量模型的建立及其应用研究[J]. *自然资源学报*, 1999, 14(3): 271–277.
- [15] Fu L Y, Zeng W S, Tang S Z, *et al.* Using linear mixed model and dummy variable model approaches to construct compatible single-tree biomass equations at different scales—a case study for masson pine in southern China[J]. *Journal of Forest Science*, 2012, 58(3): 101–115.
- [16] 曾伟生, 唐守正, 夏忠胜, 等. 利用线性混合模型和哑变量模型方法建立贵州省通用性生物量方程[J]. *林业科学研究*, 2011, 24(3): 285–291.
- [17] 符利勇, 唐守正, 张会儒, 等. 东北地区两个主要树种地上生物量通用方程构建[J]. *生态学报*, 2015, 35(1): 150–157.
- [18] 董利虎, 李凤日. 大兴安岭东部天然落叶松林可加性林分生物量估算模型[J]. *林业科学*, 2016, 52(7): 13–21.
- [19] 马克西, 曾伟生, 李智华. 新疆云杉一体化立木生物量模型系统研建[J]. *林业科学研究*, 2018, 30(6): 105–113.
- [20] 符利勇, 雷渊才, 曾伟生. 几种相容性生物量模型及估计方法的比较[J]. *林业科学*, 2014, 50(6): 42–54.
- [21] 莫德祥. 桂东南不同密度柳杉人工林生态系统生物量及碳氮格局研究[D]. 南宁: 广西大学, 2013.
- [22] Ter-Mikaelian M T, Korzukhin M D. Biomass equations for sixty-five North American tree species[J]. *Forest Ecology and Management*, 1997, 97(1): 1–24.
- [23] 董利虎, 李凤日, 宋玉文. 东北林区4个天然针叶树种单木生物量模型误差结构及可加性模型[J]. *应用生态学报*, 2015, 26(3): 704–714.
- [24] 黄兴召, 孙晓梅, 张守攻, 等. 辽东山区日本落叶松生物量相容性模型的研究[J]. *林业科学研究*, 2014, 27(2): 142–148.
- [25] 刘琼阁, 彭道黎, 黄国胜, 等. 东北云杉相容性立木材积和地上生物量模型研建[J]. *北京林业大学学报*, 2015, 37(2): 8–15.
- [26] 曾伟生, 唐守正. 立木生物量方程的优度评价和精度分析[J]. *林业科学*, 2011, 47(11): 106–113.
- [27] 黄兴召, 陈东升, 孙晓梅, 等. 基于异速参数概率分布的立木地上生物量估算[J]. *林业科学*, 2014, 50(6): 34–41.
- [28] 曾伟生, 唐守正. 一个新的通用性相对生长生物量模型[J]. *林业科学*, 2012, 48(1): 48–52.
- [29] 曾伟生, 唐守正. 非线性模型对数回归的偏差校正及与加权回归的对比分析[J]. *林业科学研究*, 2011, 24(2): 137–143.
- [30] Dietze M C, Wolosin M S, Clark J S. Capturing diversity and interspecific variability in allometries: a hierarchical approach[J]. *Forest Ecology and Management*, 2008, 256(11): 1939–1948.
- [31] McRoberts R E, Næsset E E, Gobakken T. Inference for lidar-assisted estimation of forest growing stock volume[J]. *Remote Sensing of Environment*. 2013, 128(1): 268–275.

Compatible Biomass Models for *Larix olgensis* Plantation Based on Tree-Level and Stand-Level

HONG Yi-feng^{1,2}, CHEN Dong-sheng¹, SHEN Jia-peng¹, SUN Xiao-mei¹, ZHANG Shou-gong¹

(1. Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Key Laboratory of Tree Breeding and Cultivation, National Forestry and Grassland Administration, Beijing 100091, China; 2. East China Inventory and Planning Institute, National Forestry and Grassland Administration, Hangzhou 310019, Zhejiang, China)

Abstract: [Objective] Compatible models for the single tree biomass and stand biomass of *Larix olgensis* were established to represent different levels of variations and to improve generalization capability of models. [Method] Based on the biomass data of 64 trees in 40 sample plots of *L. olgensis* plantation, the compatible models were established by combining dummy variable and nonlinear seemingly unrelated regression under the conditions of considering or not considering stand age. [Result] (1) The models have good estimation precision with $R_{adj}^2 > 0.95$ and $R_{adj}^2 > 0.78$ for single tree biomass and stand biomass, respectively. (2) Under the consideration of stand age with dummy variable, the fitting goodness of model is improved with smaller *TRE*, *MPE* and *MSE*, the evaluation statistics are stable overall and the range of parameter *b* reduces from 0.905 5 ~ 2.512 5 to 1.047 0 ~ 2.202 8 for single level and R_{adj}^2 increases by 0.201 9 and the range of parameter *b* reduces from 0.071 1 ~ 1.560 7 to 0.781 1 ~ 1.055 1 for stand level. (3) Using the linear regression model of logarithmic transformation, the distribution trends of model residual error of the whole plant and its components are parallel to the transverse axis. [Conclusion] The method of combing dummy variable and nonlinear seemingly unrelated regression is flexible, simple and applicable to the establishment of single tree biomass and stand biomass models. The fitting goodness of biomass model is improved with the consideration of stand age, especially in stand biomass model. Thus, the influence of stand age should be considered in the process of stand biomass modeling.

Keywords: *Larix olgensis*; nonlinear seemingly unrelated regression; dummy variable; compatible; biomass model

(责任编辑:彭南轩)