

DOI:10.12171/j.1000-1522.20240436

湖南省主要树种单木相容性生物量模型系统研建

贺鹏 陈振雄 彭检贵

(国家林业和草原局中南调查规划院, 湖南长沙 410014)

摘要:【目的】建立杉木、马尾松和栎类 3 个树种的单木各组分相容性生物量模型系统, 为实现湖南主要树种模型的科学化和标准化以及精准预估森林生物量提供技术支撑。【方法】基于湖南省 3 个主要树种 468 株伐倒木数据(杉木 160 株、马尾松 153 株和栎类 155 株), 分别比较单木 6 个组分生物量(地上、地下、树干、树皮、树枝和树叶生物量)基础模型并寻求拟合指标最优模型, 进一步比较不同起源(天然林和人工林)的生物量模型, 并选择引起参数差异显著的起源作为哑变量, 构建比例控制的非线性联立方程组预估单木各组分生物量。【结果】3 个树种单木各组分生物量基础模型的拟合结果表明, 地上 B_1 、地下 B_2 、树干 B_3 和树皮 B_4 这 4 个组分生物量模型的自变量选择胸径和树高, 树枝 B_5 和树叶 B_6 生物量模型选择胸径、树高和冠幅; 以起源为哑变量的模型显示, 杉木的地上生物量 B_1 (平均预估误差 MPE 较基础模型降低 1.16%)、马尾松的地下生物量 B_2 (MPE 降低 4.65%)、以及栎类的地上生物量 B_1 (MPE 降低 3.24%)和地下生物量 B_2 (MPE 降低 29.13%)均表现出天然林的生物量要显著高于人工林的生物量; 以起源为哑变量的单木生物量模型系统的拟合效果较佳, 3 个树种地上生物量模型的决定系数 R^2 均超过 0.90, 平均预估误差 MPE 低于 4%; 而地下生物量模型的 R^2 同样均在 0.90 以上, 其 MPE 则低于 14%。【结论】以起源为哑变量的单木各组分生物量模型拟合效果最好, 其次是非线性联立方程组相容性模型系统, 拟合效果最差的是基础模型。虽然模型系统的拟合效果略劣于哑变量模型, 但模型系统能解决单木各组分生物量的相容性和可加性, 且它们参数之间的差异不大, 因此优先推荐采用相容性模型系统来预测湖南省杉木、马尾松和栎类 3 个树种的单木各组分生物量。

关键词: 生物量模型; 哑变量; 非线性联立方程组; 相容性

中图分类号: S791; S792.18; S757; S758.5 **文献标志码:** A **文章编号:** 1000-1522(2025)03-0061-12

引文格式: 贺鹏, 陈振雄, 彭检贵. 湖南省主要树种单木相容性生物量模型系统研建 [J]. 北京林业大学学报, 2025, 47(3): 61-72. He Peng, Chen Zhenxiong, Peng Jianguai. Development of a compatible biomass model system for individual trees of major tree species in Hunan Province of central China [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2025, 47(3): 61-72.

Development of a compatible biomass model system for individual trees of major tree species in Hunan Province of central China

He Peng Chen Zhenxiong Peng Jianguai

(Central South Academy of Inventory and Planning of National Forestry and
Grassland Administration, Changsha 410014, Hunan, China)

Abstract: [Objective] This paper aims to establish a compatible biomass model system for individual tree components of *Cunninghamia lanceolata*, *Pinus massoniana*, and *Quercus* species, so as to provide technical support for the scientific and standardized modeling of main tree species in Hunan Province of central China and the accurate prediction of forest biomass. [Method] Based on the felling data of 468 individual trees of three main tree species in Hunan Province (160 of *Cunninghamia lanceolata*, 153 of *Pinus massoniana*, and 155 of *Quercus* species), the basic models of biomass for six individual tree

收稿日期: 2024-12-16 修回日期: 2025-01-19

基金项目: 国家自然科学基金项目(32271878)。

第一作者: 贺鹏。主要研究方向: 林草资源调查监测、林业数表研建、林草信息化建设等。Email: 694186588@qq.com 地址: 410014 湖南省长沙市雨花区香樟东路 143 号。

责任作者: 陈振雄, 正高级工程师。主要研究方向: 林草资源调查监测、林业数表研建等。Email: 9120512@qq.com 地址: 同上。

本刊网址: <http://j.bjfu.edu.cn>; <http://journal.bjfu.edu.cn>

components (aboveground, underground, trunk, bark, branch, and leaf biomass) were compared respectively, and the optimal model with the best fitting indicators was sought. Further, the biomass models of different origins (natural forests and plantations) were compared. Dummy variable models were established by selecting parameters adding origin as variable with significant differences, and the biomass of individual tree components was predicted by constructing nonlinear simultaneous equations with proportion control. [Result] The fitting results of basic biomass models for individual tree components of three tree species showed that for four components of aboveground biomass B_1 , underground biomass B_2 , trunk biomass B_3 , and bark biomass B_4 , the independent variables selected were DBH and tree height, while for the biomass models of branches B_5 and leaves B_6 , DBH, tree height (H), and crown width (CW) were selected. The models with origin as a dummy variable indicated that for aboveground biomass B_1 (the mean prediction error MPE was reduced by 1.16% compared with the base model) of *Cunninghamia lanceolata*, underground biomass B_2 (MPE was reduced by 4.65%) of *Pinus massoniana*, and aboveground biomass B_1 (MPE was reduced by 3.24%) and underground biomass B_2 (MPE was reduced by 29.13%) of *Quercus* species, the biomass in natural forests was significantly higher than that in plantations. The fitting effect of individual tree biomass model system with origin as a dummy variable was better, with the determination coefficients (R^2) of aboveground biomass models of three tree species all above 0.90, and the average predicted error MPE was below 4%, while the underground biomass models also showed R^2 above 0.90 and MPE below 14%. [Conclusion] The individual tree component biomass model with origin as a dummy variable has the best fitting effect, followed by the nonlinear simultaneous equation compatibility model system, and the basic model has the worst fitting effect. Although the fitting effects of model systems are slightly worse than the dummy variable model, these model systems can solve the compatibility and additivity of individual tree component biomass, and the differences among their parameters are not significant. Therefore, it is recommended to use compatibility model systems to predict the biomass of individual tree components of *Cunninghamia lanceolata*, *Pinus massoniana*, and *Quercus* species in Hunan Province of central China.

Key words: biomass model; dummy variable; nonlinear simultaneous system of equations; compatibilization

在森林生态系统研究中,森林生物量不仅是衡量其结构复杂性和功能完整性的核心指标,更是计算森林碳储量、评估生态系统健康状况、预测森林生产力以及探究气候变化与物质循环机制的关键基础^[1-4]。因此,准确估算森林生物量对于森林资源的有效监测、可持续管理以及林业生产的科学指导具有不可估量的价值^[5-6]。作为森林生物量估算的基石,单木生物量的精确测量与预测显得尤为重要。至今已开发出众多不同形式的生物量模型,其中幂函数形式的异速生长方程凭借其广泛的适用性、简洁的数学表达以及较高的预测精度,成为了应用最为广泛的基础模型形式^[7-9]。该模型能够高效地估算林木不同器官乃至整体的总生物量,为森林生态学和林业科学研究提供了强有力的工具。

众多研究已广泛证实林木各组分(如树干、树皮、树枝和树叶等)的生物量与一系列易于观测的测树因子(如胸径、树高、冠幅和木材密度等)之间存在着显著的关联性^[4,10]。这为通过简单易测的因子构建生物量模型提供了坚实的理论基础,使得在无需进

行破坏性采样的情况下,也能实现对森林生物量的相对准确估算。李海奎等^[11]通过构建包含树木起源、林地分级和龄组的单木生物量模型来研究这些因素对马尾松(*Pinus massoniana*)和落叶松(*Larix gmelinii*)生物量预测的提升程度。曾伟生等^[12]研究表明不同起源对杉木(*Cunninghamia lanceolata*)和马尾松的地下生物量预测存在显著影响。薛春泉等^[13]比较基于胸径和树高以及胸径和年龄的生物量模型,得出广东樟树(*Cinnamomum camphora*)、木荷(*Schima superba*)和枫香(*Liquidambar formosana*) 3个树种的含胸径和年龄的地上生物量模型拟合精度较高,更适用于人工林的碳汇计量。欧建德等^[14]发现树冠形态因子能显著提高云南红豆杉(*Taxus yunnanensis*)单木生物量模型的预测精度。这些研究表明林分起源、年龄和树冠因子等是影响生物量估计的重要因素,在生物量模型构建中有必要引入这些因素来提高预测精度。

然而,尽管现有的生物量模型在估算精度上已取得了显著进步,但在实际应用中仍面临诸多挑战,

比如如何构建一种既具有高精度又保持内部一致性的相容性单木生物量模型。为保障单木各组分生物量与总生物量的可加性,国内外提出的相容性生物量模型大致分为分量相加法和比例控制法^[15-18]。众多学者基于哑变量和误差变量联立方程组的联合估计技术,构建了油松(*Pinus tabulaeformis*)^[17]、马尾松和落叶松^[11]、青海云杉(*Picea crassifolia*)和祁连圆柏(*Sabina przewalskii*)^[19]、桉树(*Eucalyptus robusta*)^[20]等的立木生物量联立模型系统。也有学者通过人工神经网络(artificial neural network, ANN)构建相容性生物量模型,得出 ANN 模型在估测林木各组分生物量有较高的精度,是值得考虑的替代方法^[21]。总之,构建单木生物量相容性模型能够解决总生物量与各组分生物量的相容性问题,提高生物量估计的准确性和可靠性。

本研究以湖南省3个主要树种杉木、马尾松和栎类(*Quercus* spp.)为研究对象,通过实测样木各组分生物量数据,构建以林分起源为哑变量的各组分生物量模型,分析天然林和人工林的模型参数差异是否显著。进而建立以起源为哑变量的单木各组分(地上、地下、树干、树皮、树枝和树叶)相容性生物量模型系统,为实现湖南主要树种模型的科学化、标准化、规范化、系列化打下坚实基础,为湖南林业双碳战略目标的实现、林业高质量发展提供重要的科技支撑。

1 研究区概况

研究区涵盖湖南省全省14个市(州),地貌类型丰富,包括山地、丘陵、岗地和平原等,属于大陆性亚热带季风湿润气候,年平均降水量在1 200~1 700 mm之间,年平均气温16~19℃,年日照时数1 300~1 800 h,无霜期253~311 d。全省森林面积1 125.86万hm²,森林蓄积66 041.20万m³,森林覆盖率53.15%。在全省森林资源中,排名前10的主要树种(组)包括阔叶混、杉木、针阔混、马尾松、针叶混、湿地松(*Pinus elliottii*)、栎类、樟树、柏木(*Cupressus funebris*)、厚朴(*Magnolia officinalis*)等,面积合计占全省乔木林面积94.66%,蓄积占94.77%^[22]。

2 研究方法

2.1 数据来源

根据马尾松、杉木和栎类3个树种在湖南省范围内的资源分布情况,分别以地貌(山区、丘陵、平原)、立地条件(土壤类型和坡向)和起源(天然林和人工林)的森林面积按比例进行样木采集。于2022—2023年在湖南省14个市(州)共采集样木伐倒木

468株,其中杉木160株、马尾松153株和栎类155株(图1)。这3个树种样木均按4、8、12、16、20、24、28、32 cm及以上8个径阶选取,各径阶内样木数量尽可能均匀配置且不少于15株。测量每株样木的胸径、地径、树高、不同相对位置处直径、枝下高、冠幅以及树干、树根(从样木中随机选取1/3的个体,采用全挖法测定其地下生物量^[12])、树枝、树叶、木材和树皮的生物量,并调查样木所处林分的相关地形因子与经营情况等。这3个树种的生物量建模数据分布特征见表1。

2.2 建模方法

2.2.1 基础模型

单木生物量模型常采用异速生长方程^[23-24],其基本表达式为

$$B_i = \beta_{i0} x_1^{\beta_{i1}} x_2^{\beta_{i2}} \cdots x_k^{\beta_{ik}} + \varepsilon_i, i = 1, 2, \dots, 6 \quad (1)$$

式中: B_i 为单木组分*i*的生物量(kg), $i = 1 \sim 6$, $B_1 \sim B_6$ 分别指地上、地下、树干、树皮、树枝和树叶的生物量; x_k 为与单木生物量相关的解释变量; k 为解释变量的数量; $\beta_{i0}, \beta_{i1}, \dots, \beta_{ik}$ 为模型参数; ε_i 为随机误差。由于仅调查了1/3样木数量的地下生物量,为充分利用数据,引入变量 $I = 1$ 表示该单木树根被调查,否则取 $I = 0$ 。考虑哑变量模型,地下生物量模型为

$$B_2 = \beta_{20} x_1^{\beta_{21}} x_2^{\beta_{22}} \cdots x_k^{\beta_{2k}} I + \varepsilon_2 \quad (2)$$

影响单木生物量最显著的因子是胸径(D , cm),其次是树高(H , m)^[10]。由于人工林可以通过种植时间确定单木的年龄,因此这里引入因子年龄(T , a),对比引入 D 、 H 与引入 D 、 T 的单木生物量模型之间的差异。通常单木各组分生物量模型中树枝和树叶拟合精度会偏低,它们与单木冠形相关性较强,考虑加入冠形因子来提高它们的模型精度^[14],因此本研究在树枝和树叶组分生物量模型中引入与冠形相关的因子冠幅(crown width, CW, m)、冠长(crown length, CL, m)、冠形率(crown shape, CS = CL/CW)和树冠率(crown ratio, CR = CL/H)。

2.2.2 以起源为哑变量的生物量模型

为衡量林木起源(天然林和人工林)对单木各组分生物量模型的影响,在最优基础模型上引入起源作为哑变量,其基本表达式为

$$B_i = (\beta_{i0} + \alpha_{i0} O) x_1^{(\beta_{i1} + \alpha_{i1} O)} x_2^{(\beta_{i2} + \alpha_{i2} O)} \cdots x_k^{(\beta_{ik} + \alpha_{ik} O)} + \varepsilon_i, \\ i = 1, 2, \dots, 6 \quad (3)$$

式中: $O = 1$ 表示该单木起源为天然林, $O = 0$ 表示该单木起源为人工林, $\alpha_{i0}, \alpha_{i1}, \dots, \alpha_{ik}$ 为模型参数。同样,地下生物量模型考虑哑变量的模型为

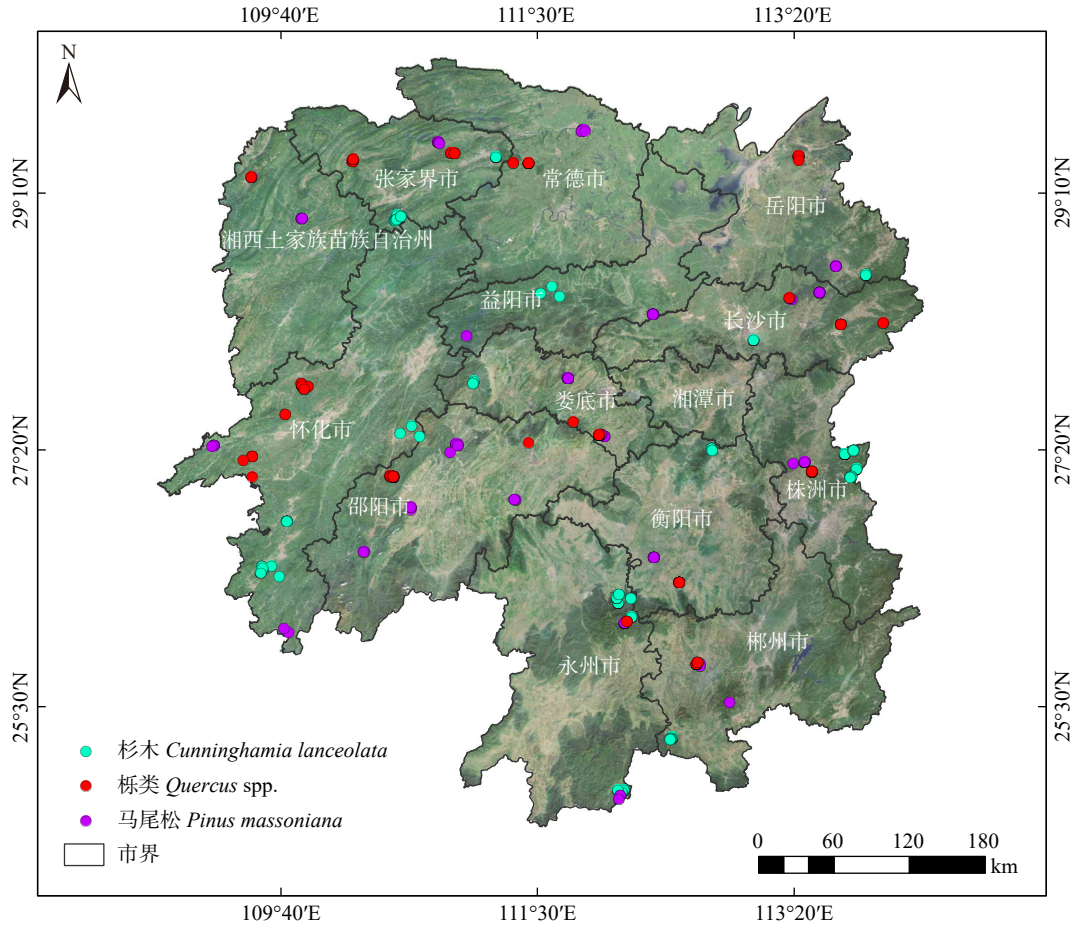


图1 湖南省3个树种样木伐倒木分布

Fig. 1 Distribution of felled trees for three tree species in Hunan Province

$$B_2 = (\beta_{20} + \alpha_{20}O)x_1^{(\beta_{21} + \alpha_{21}O)}x_2^{(\beta_{22} + \alpha_{22}O)} \dots x_k^{(\beta_{2k} + \alpha_{2k}O)}I + \varepsilon_2 \quad (4)$$

2.2.3 以起源为哑变量的各组分生物量模型系统

为解决单木各组分生物量的可加性和相容性，

本研究引进非线性联立方程组并采用比例控制方法，设定单木树干生物量相对地上生物量的比例函数为1，构建以起源为哑变量的各组分相容性生物量模型系统，其基本表达式为

$$\begin{cases} B_1 = (\beta_{10} + \alpha_{10}O)x_1^{(\beta_{11} + \alpha_{11}O)}x_2^{(\beta_{12} + \alpha_{12}O)} \dots x_k^{(\beta_{1k} + \alpha_{1k}O)} + \varepsilon_1 \\ B_2 = (\beta_{20} + \alpha_{20}O)x_1^{(\beta_{21} + \alpha_{21}O)}x_2^{(\beta_{22} + \alpha_{22}O)} \dots x_k^{(\beta_{2k} + \alpha_{2k}O)}I + \varepsilon_2 \\ B_3 = \frac{1}{1 + f_4(x_1, \dots, x_k) + f_5(x_1, \dots, x_k) + f_6(x_1, \dots, x_k)}\hat{B}_1 + \varepsilon_3 \\ B_4 = \frac{f_4(x_1, \dots, x_k)}{1 + f_4(x_1, \dots, x_k) + f_5(x_1, \dots, x_k) + f_6(x_1, \dots, x_k)}\hat{B}_1 + \varepsilon_4 \\ B_5 = \frac{f_5(x_1, \dots, x_k)}{1 + f_4(x_1, \dots, x_k) + f_5(x_1, \dots, x_k) + f_6(x_1, \dots, x_k)}\hat{B}_1 + \varepsilon_5 \\ B_6 = \frac{f_6(x_1, \dots, x_k)}{1 + f_4(x_1, \dots, x_k) + f_5(x_1, \dots, x_k) + f_6(x_1, \dots, x_k)}\hat{B}_1 + \varepsilon_6 \end{cases} \quad (5)$$

式中： \hat{B}_1 为单木地上生物量的估计值。

$$f_i(x_1, \dots, x_k) = (\beta_{i0} + \alpha_{i0}O)x_1^{(\beta_{i1} + \alpha_{i1}O)}x_2^{(\beta_{i2} + \alpha_{i2}O)} \dots x_k^{(\beta_{ik} + \alpha_{ik}O)}, i = 4, 5, 6$$

需要指出的是公式(1)~(5)中解释变量 x_1, x_2, \dots, x_k 根据模型的拟合能力来确定。出于模型的简化与推广，仅在单木树枝和树叶生物量模型中引入反映冠形的因子。

通常单木生物量数据会存在异方差现象，本研究利用权函数来消除异方差，这里权函数设置为拟合值正平方根的倒数。

2.3 模型评价

基础模型以及哑变量模型之间差异的显著性分析可采用 F 统计检验法。若 P 值小于 0.05 表明哑变量模型与基础模型之间有显著差异，即在基础模型上引进哑变量是合理的，否则分起源构建不同模型

表1 湖南省3个树种生物量建模数据统计

Tab. 1 Statistics of biomass modeling variables for three tree species in Hunan Province

树种	变量	平均值	标准差	最小值	最大值	样本数
杉木 <i>Cunninghamia lanceolata</i>	胸径/cm	19.88	7.77	2.20	35.30	160
	树高/m	14.27	5.37	2.50	25.60	160
	冠幅/m	4.65	1.47	0.80	9.45	160
	地上生物量/kg	122.71	103.81	0.60	456.00	160
	地下生物量/kg	20.55	16.65	0.20	77.14	74
	树干/kg	85.95	74.43	0.27	320.04	160
	树皮/kg	14.03	11.41	0.03	55.51	160
马尾松 <i>Pinus massoniana</i>	树高/m	14.19	5.29	3.90	27.60	153
	冠幅/m	4.07	1.98	0.90	11.70	153
	地上生物量/kg	148.95	145.15	1.45	693.14	153
	地下生物量/kg	32.16	40.69	0.43	201.43	54
	树干/kg	110.04	113.89	0.76	489.65	153
	树皮/kg	10.42	9.37	0.23	48.22	153
	树枝/kg	23.81	24.09	0.16	143.22	153
栎类 <i>Quercus spp.</i>	树叶/kg	4.69	5.37	0.06	36.24	153
	胸径/cm	16.72	8.89	3.50	38.90	155
	树高/m	12.97	4.69	3.70	24.70	155
	冠幅/m	4.79	2.06	1.15	10.50	155
	地上生物量/kg	189.62	201.10	2.22	940.20	155
	地下生物量/kg	48.15	49.42	0.84	189.40	49
	树干/kg	121.30	133.81	1.25	667.73	155
树皮/kg	21.08	25.44	0.25	121.89	155	
树枝/kg	39.38	41.35	0.38	184.03	155	
树叶/kg	7.85	7.74	0.06	41.01	155	

的意义不大。为合理比较和检验单木生物量基础模型、哑变量模型和各组分相容性系统模型的拟合精度,采用决定系数(R^2)、均方根误差(RMSE)、平均预估误差(MPE)、总相对误差(TRE)和赤池信息量(AIC)5个指标评价单木生物量模型。

本研究数据处理与分析是基于R(4.4.1)^[25]进行的,单木各组分生物量基础模型和哑变量模型均采用函数nls,单木各组分生物量系统采用systemfit包中函数nlsystemfit,其中方法设置为似乎不相关回归“SUR”。

3 结果与分析

3.1 单木组分生物量基础模型变量选择

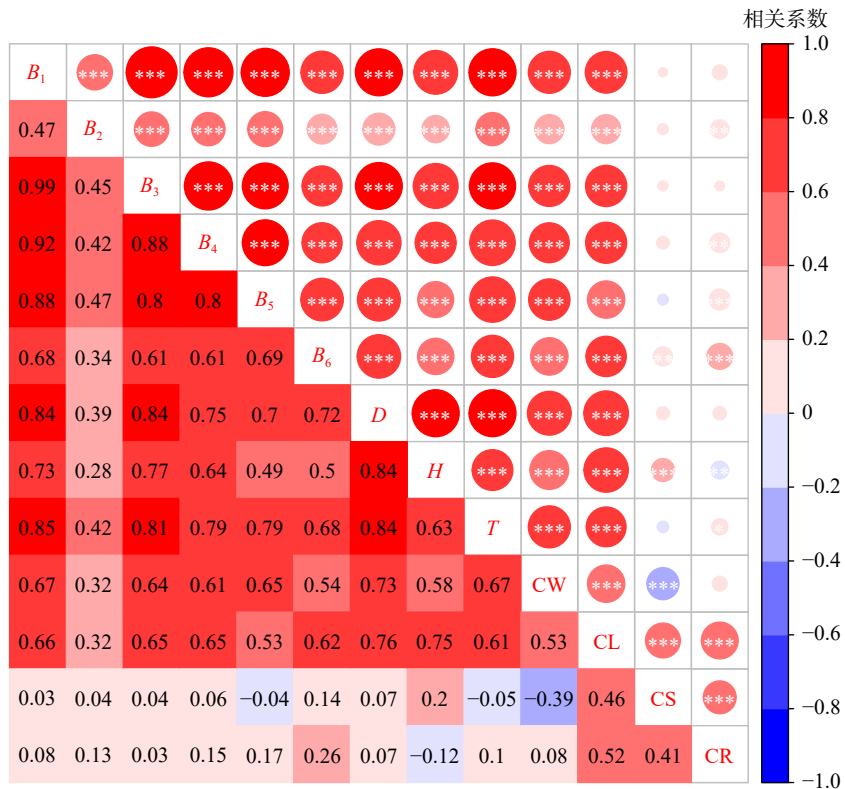
地上、地下、树干、树皮、树枝和树叶生物量($B_1 \sim B_6$)与胸径(D)、树高(H)以及冠形相关的因子

冠幅(CW)、冠长(CL)之间呈正相关,且相关程度最高的是 D 和 T (图2)。 B_2 相较 B_1 和 $B_3 \sim B_6$ 与上述自变量的相关程度最低。CW、CL与 $B_1 \sim B_6$ 的相关程度相当,考虑到CW指标更易获取,于是在构建基础模型时选择CW。

3.2 单木组分生物量基础模型参数估计与拟合

在3个树种各生物量模拟结果中,基于胸径的模型已具有较高的拟合精度,加入树高或年龄后,模型的评价指标均有较大提升,进一步加入冠幅后模型的评价指标提升不大,但对于树枝和树叶生物量的提升较为明显(表2)。进一步研究发现,3个树种单木各组分生物量模型中参数 β_2 估计值最大,说明胸径是单木各组分生物量最大的影响因素,而年龄、树高和冠幅的影响相对较小。

模型评价指标方面,3个树种单木各组分生物



$B_1 \sim B_6$ 为地上、地下、树干、树皮、树枝和树叶的生物量。 D 、胸径； H 、树高； T 、年龄； CW 、冠幅； CL 、冠长； CS 、冠形率； CR 、树冠率。下同。

图2 单木生物量基础模型变量间的相关性

Fig. 2 Correlations between variables of individual tree biomass base model
表2 单木生物量基础模型的参数估计与评价指标

Tab. 2 Parameter estimation and evaluation indicators for the basic model of individual tree biomass

树种	组分	变量	参数				评价指标				
			β_1	β_2	β_3	β_4	RMSE	R^2	TRE	MPE/%	AIC
杉木 <i>Cunninghamia lanceolata</i>	B_1	D	0.049 6	2.531 3			27.618 0	0.928 8	-0.605 7	3.536 6	1 521.970 5
		$D+H$	0.037 2	2.169 8	0.507 9		25.437 6	0.939 6	-0.381 9	3.267 9	1 497.653 5
		$D+T$	0.051 1	2.494 8	0.025 9		27.600 2	0.928 9	-0.658 2	3.545 7	1 523.763 4
		$D+H+CW$	0.041 0	2.186 7	0.498 3	-0.079 0	25.230 9	0.940 6	-0.429 2	3.251 9	1 497.042 3
	B_2	D	0.013 7	2.422 0			4.816 9	0.899 8	0.458 3	7.963 4	963.143 3
		$D+H$	0.013 6	2.627 4	-0.229 7		4.787 7	0.901 0	0.406 1	7.940 7	963.198 8
		$D+T$	0.014 2	1.811 0	0.591 7		3.975 5	0.931 7	-0.370 7	6.593 6	903.711 8
		$D+H+CW$	0.013 9	2.410 7	-0.089 5	0.183 9	4.705 4	0.904 4	0.280 1	7.829 6	959.650 8
	B_3	D	0.029 4	2.583 8			20.818 5	0.921 3	-0.732 6	3.806 0	1 431.529 9
		$D+H$	0.019 4	2.051 4	0.743 5		17.708 3	0.943 0	-0.502 4	3.247 8	1 381.750 5
		$D+T$	0.033 7	2.413 8	0.119 9		20.567 7	0.923 2	-0.987 6	3.772 3	1 429.651 3
		$D+H+CW$	0.019 7	2.053 6	0.742 4	-0.010 9	17.705 3	0.943 1	-0.508 2	3.257 8	1 383.697 5
	B_4	D	0.010 1	2.349 6			3.995 9	0.876 5	-0.200 6	4.474 0	903.346 3
		$D+H$	0.008 5	2.112 1	0.330 8		3.914 5	0.881 5	-0.028 7	4.397 0	898.762 8
		$D+T$	0.011 9	2.138 8	0.152 1		3.943 0	0.879 7	-0.536 8	4.429 0	901.081 2
		$D+H+CW$	0.009 1	2.126 7	0.322 9	-0.064 8	3.902 8	0.882 2	-0.065 3	4.398 1	899.803 6
	B_5	D	0.010 9	2.341 4			7.457 2	0.692 7	-0.622 7	8.009 7	1 103.000 0
		$D+H$	0.012 1	2.489 4	-0.204 1		7.437 7	0.694 3	-0.743 6	8.014 5	1 104.162 1
		$D+T$	0.007 0	2.947 5	-0.445 2		7.161 6	0.716 5	0.038 1	7.716 9	1 092.054 0
		$D+H+CW$	0.019 8	2.567 7	-0.249 7	-0.388 1	7.243 5	0.710 0	-1.052 0	7.830 5	1 097.692 2
	B_6	D	0.002 4	2.631 0			4.655 7	0.673 8	-0.058 5	9.038 7	952.248 4
		$D+H$	0.002 9	2.810 9	-0.272 9		4.639 4	0.676 0	-0.395 5	9.036 2	953.127 6
		$D+T$	0.001 6	3.097 1	-0.329 3		4.574 1	0.685 1	0.448 5	8.909 0	948.593 2
		$D+H+CW$	0.004 8	2.993 0	-0.394 0	-0.472 2	4.466 1	0.699 8	-0.390 7	8.727 0	942.948 8

表 2(续)
Tab.2 (continued)

树种	组分	变量	参数				评价指标				
			β_1	β_2	β_3	β_4	RMSE	R^2	TRE	MPE/%	AIC
马尾松 <i>Pinus massoniana</i>	B ₁	D	0.135 1	2.325 4			42.301 2	0.914 5	-0.209 1	4.566 2	1 586.108 4
		D+H	0.051 3	2.001 6	0.699 8		31.849 7	0.951 5	0.079 6	3.449 6	1 501.269 5
		D+T	0.125 3	2.440 0	-0.084 6		42.115 4	0.915 3	-0.026 2	4.561 5	1 586.761 4
		D+H+CW	0.055 8	1.950 4	0.700 7	0.046 9	31.783 2	0.951 7	-0.001 7	3.454 1	1 502.630 3
	B ₂	D	0.001 4	3.225 4			10.248 5	0.870 3	8.799 7	14.516 3	1 152.297 7
		D+H	0.000 8	2.714 2	0.794 6		9.774 9	0.882 0	8.821 6	13.892 2	1 139.818 6
		D+T	0.001 4	3.306 3	-0.063 6		10.241 9	0.870 5	8.806 1	14.556 0	1 154.100 4
		D+H+CW	0.002 3	2.197 4	0.820 9	0.295 8	9.576 4	0.886 8	7.047 1	13.656 4	1 135.540 7
	B ₃	D	0.084 2	2.379 1			44.683 2	0.845 1	-0.396 0	6.529 0	1 602.871 9
		D+H	0.018 1	1.834 6	1.142 4		29.328 5	0.933 2	-0.224 9	4.299 9	1 476.034 9
		D+T	0.080 6	2.446 7	-0.049 9		44.648 7	0.845 3	-0.295 5	6.546 0	1 604.635 5
		D+H+CW	0.014 2	1.976 2	1.138 3	-0.122 8	29.051 0	0.934 5	0.025 2	4.273 7	1 475.125 1
	B ₄	D	0.024 3	2.029 0			3.281 1	0.876 6	-0.131 4	5.061 0	803.778 2
		D+H	0.021 1	1.976 1	0.107 6		3.268 4	0.877 5	-0.107 3	5.058 5	804.591 1
		D+T	0.021 1	2.326 5	-0.235 1		3.201 4	0.882 5	0.254 5	4.954 7	798.249 0
		D+H+CW	0.018 5	2.069 4	0.100 3	-0.087 3	3.257 0	0.878 4	0.029 1	5.058 1	805.526 2
	B ₅	D	0.027 5	2.249 3			10.666 4	0.802 7	-0.073 4	7.204 4	1 164.526 0
		D+H	0.079 7	2.554 3	-0.717 7		9.471 8	0.844 4	-0.939 9	6.419 2	1 130.181 2
		D+T	0.024 2	2.436 9	-0.137 8		10.618 0	0.804 4	0.263 7	7.196 0	1 165.136 4
		D+H+CW	0.168 5	1.890 3	-0.672 1	0.739 1	7.950 5	0.890 4	-0.655 7	5.406 5	1 078.606 2
	B ₆	D	0.011 2	2.015 9			3.814 6	0.492 1	1.515 1	13.091 4	849.878 8
		D+H	0.053 4	2.247 5	-0.806 8		3.666 5	0.530 8	-1.405 0	12.625 7	839.761 5
		D+T	0.006 0	2.621 1	-0.387 9		3.785 4	0.499 9	3.898 5	13.035 3	849.531 4
		D+H+CW	0.127 9	1.054 9	-0.698 6	1.526 8	3.159 6	0.651 6	2.564 0	10.917 3	796.234 6
栎类 <i>Quercus spp.</i>	B ₁	D	0.285 0	2.200 1			63.745 6	0.898 3	-1.034 2	5.364 7	1 745.037 7
		D+H	0.030 5	1.978 4	1.046 6		34.912 3	0.969 5	1.520 7	2.947 9	1 559.194 4
		D+T	0.139 4	2.906 3	-0.412 4		60.649 8	0.907 9	0.616 0	5.121 1	1 731.505 2
		D+H+CW	0.032 7	1.925 2	1.033 2	0.075 8	34.683 0	0.969 9	1.436 1	2.938 3	1 559.138 5
	B ₂	D	0.017 4	2.569 3			11.623 0	0.891 0	1.516 9	12.579 5	1 214.041 6
		D+H	0.015 7	2.557 1	0.051 3		11.618 1	0.891 1	1.558 4	12.615 8	1 215.910 1
		D+T	0.025 7	1.703 8	0.624 9		11.178 3	0.899 2	1.142 0	12.138 3	1 203.869 8
		D+H+CW	0.006 6	3.124 2	0.066 8	-0.555 1	11.340 5	0.896 2	2.921 9	12.355 5	1 210.364 3
	B ₃	D	0.170 4	2.222 4			50.787 1	0.854 2	-1.386 8	6.682 4	1 674.133 2
		D+H	0.008 6	1.955 4	1.362 4		23.420 2	0.969 0	2.090 3	3.091 8	1 434.631 8
		D+T	0.057 5	3.245 6	-0.585 4		47.522 2	0.872 4	1.103 6	6.273 6	1 655.402 5
		D+H+CW	0.008 7	1.946 3	1.360 2	0.012 7	23.416 1	0.969 0	2.076 5	3.101 6	1 436.577 3
	B ₄	D	0.023 5	2.298 9			11.701 8	0.786 3	-2.784 8	8.879 5	1 216.148 4
		D+H	0.000 8	1.881 2	1.690 6		6.652 7	0.930 9	0.342 0	5.064 9	1 041.954 5
		D+T	0.007 0	3.446 1	-0.656 6		11.136 5	0.806 4	-0.282 6	8.478 5	1 202.698 7
		D+H+CW	0.000 8	1.832 1	1.680 3	0.067 5	6.638 5	0.931 2	0.283 8	5.071 0	1 043.291 5
	B ₅	D	0.063 7	2.172 9			15.842 1	0.851 3	0.393 5	6.411 6	1 310.662 4
		D+H	0.058 8	2.164 3	0.038 3		15.837 1	0.851 4	0.485 8	6.430 8	1 312.564 2
		D+T	0.069 9	2.070 0	0.062 8		15.830 3	0.851 6	0.179 9	6.428 0	1 312.429 9
		D+H+CW	0.073 0	1.970 5	-0.012 4	0.298 1	15.537 4	0.857 0	0.232 2	6.330 2	1 308.603 4
	B ₆	D	0.072 5	1.618 7			4.604 2	0.642 0	-0.344 6	9.327 5	925.124 4
		D+H	0.244 1	1.886 5	-0.748 8		4.366 5	0.678 0	-1.467 4	8.875 1	910.581 5
		D+T	0.112 2	0.785 7	0.587 7		4.474 1	0.661 9	-1.495 7	9.094 0	918.183 5
		D+H+CW	0.270 9	1.723 5	-0.780 9	0.275 2	4.336 9	0.682 3	-1.435 1	8.844 4	910.460 1

量模型的拟合结果排序如下。地上生物量 B_1 : 栎类(0.969 9) > 马尾松(0.951 7) > 杉木(0.940 6); 地下生物量 B_2 : 杉木(0.931 7) > 栎类(0.899 2) > 马尾松(0.886 8); 树干生物量 B_3 : 栎类(0.969 0) > 杉木(0.943 1) > 马尾松(0.934 5); 树皮生物量 B_4 : 栎类(0.931 2) > 马尾松(0.882 5) > 杉木(0.882 2); 树枝生物量 B_5 : 马尾松(0.890 4) > 栎类(0.857 0) > 杉木(0.716 5); 树叶生物量 B_6 : 杉木(0.699 8) > 栎类(0.682 3) > 马尾松(0.651 6)。根据指标 R^2 整体来看, 3 个树种的地上生物量模型拟合精度优于地下生物量, 地上生物量拟合精度排序为树干 > 树皮 > 树枝 > 树叶。从指标 MPE 来看, 除马尾松和栎类的地下生物量以及马尾松的树叶生物量外, 各树种其他组分生物量模型的 MPE 均小于 10%, 符合技术规程要求的平均预估误差应小于 10% 的要求^[26]。

3 个树种单木各组分生物量模型的拟合结果表明, 地上、地下、树干和树皮这 4 个组分生物量模型的自变量选择胸径和树高, 树枝和树叶生物量模型选择胸径、树高和冠幅。

3.3 引入起源哑变量的单木组分生物量模型参数估计与对比

在上面基础模型上, 引入起源哑变量, 模型的参数不收敛, 且单独在参数 β_2 , β_3 或 β_4 上添加哑变量的

拟合效果优于截距项, 而在参数 β_2 , β_3 和 β_4 上添加多个哑变量与单个哑变量的拟合效果差异不显著, 因此最终选择在参数 β_2 上添加哑变量。哑变量参数 α_1 估计值的绝对值越大, 表明起源对生物量的影响越大。表 3 中的 F 和 P 值结果显示, 杉木(B_1 、 B_5), 马尾松(B_2 、 B_6)和栎类(B_1 、 B_2 、 B_4 、 B_5)单木组分生物量哑变量模型与基础模型差异显著。进一步发现上述模型中哑变量参数 α_1 估计值均为负值, 表明在相同条件下天然林的生物量要高于人工林的生物量, 于是在实践场合可以分起源构建不同模型对这些组分生物量进行估计。

添加哑变量后, 上述部分模型模拟结果与基础模型相比, 精度有所提高, RMSE 下降 1.48% ~ 27.15%, 下降幅度最高的是栎类地下生物量模型; R^2 提升 0.18% ~ 6.36%, 提升比例最大的是马尾松树叶生物量模型; MPE 下降幅度为 1.16% ~ 29.13%, 下降幅度最高的是栎类地下生物量模型。

3.4 引入起源哑变量的单木组分生物量模型系统的参数估计与评价

构建非线性联立方程组可以保障地上生物量总量与各组分生物量之和相等, 这里在以起源为哑变量的单木各组分生物量模型基础上构建联立方程组, 具体为

表 3 以起源为哑变量的单木生物量模型的参数估计与评价指标

Tab. 3 Parameter estimation and evaluation indicators for individual tree biomass model with origin as dummy variable

树种	组分	参数				评价指标						
		β_1	β_2	α_1	β_3	β_4	RMSE	R^2	TRE	MPE/%	F	P
杉木 <i>Cunninghamia lanceolata</i>	B_1	0.037 9	2.200 9	-0.052 0	0.523 4		25.061 2	0.941 4	-0.380 2	3.230 0	4.721 3	0.031 3
	B_2	0.013 6	2.458 8	0.168 3	-0.230 0		4.787 6	0.901 0	0.434 5	7.966 3	0.006 7	0.935 1
	B_3	0.019 7	2.076 2	-0.042 3	0.757 6		17.539 3	0.944 1	-0.497 3	3.227 3	3.019 5	0.084 2
	B_4	0.008 6	2.143 7	-0.051 0	0.343 8		3.886 0	0.883 2	-0.037 1	4.379 2	2.299 8	0.131 4
	B_5	0.022 5	2.688 7	-0.165 6	-0.223 2	-0.433 2	7.005 7	0.728 7	-1.046 0	7.598 3	10.700 2	0.001 3
	B_6	0.004 7	2.986 4	0.008 0	-0.394 6	-0.470 7	4.466 0	0.699 8	-0.391 7	8.755 2	0.012 0	0.913 1
马尾松 <i>Pinus massoniana</i>	B_1	0.052 9	1.991 6	-0.003 8	0.703 7		31.836 1	0.951 6	0.016 3	3.459 9	0.126 7	0.722 4
	B_2	0.003 2	2.123 5	-0.084 2	1.050 9		9.289 0	0.895 5	4.425 6	13.246 6	15.995 0	0.000 1
	B_3	0.016 3	1.870 9	0.013 1	1.125 7		29.233 8	0.933 7	-0.014 5	4.300 6	0.967 0	0.327 0
	B_4	0.020 2	1.987 3	0.006 2	0.105 0		3.266 8	0.877 6	-0.010 1	5.073 3	0.143 6	0.705 3
	B_5	0.205 4	1.869 7	-0.024 1	-0.677 8	0.711 2	7.884 3	0.892 2	-1.072 1	5.379 9	2.497 0	0.116 2
	B_6	0.296 1	1.038 1	-0.122 5	-0.733 9	1.324 2	2.965 9	0.693 0	0.079 0	10.283 2	19.963 3	0.000 0
栎类 <i>Quercus spp.</i>	B_1	0.034 0	1.987 2	-0.018 1	1.003 8		33.637 9	0.971 8	1.338 6	2.852 3	6.400 2	0.012 4
	B_2	0.170 2	2.373 8	-0.132 0	-0.516 3		8.463 9	0.943 0	0.382 9	8.941 0	100.782 2	0.000 0
	B_3	0.008 4	1.960 0	-0.001 5	1.362 2		23.048 7	0.970 1	1.898 9	3.055 2	0.039 7	0.842 3
	B_4	0.001 1	1.919 5	-0.058 8	1.524 3		6.207 9	0.940 1	0.436 6	4.734 3	23.367 6	0.000 0
	B_5	0.094 2	1.988 8	-0.052 6	-0.092 2	0.278 8	14.942 8	0.868 6	0.258 4	6.121 4	12.170 0	0.000 6
	B_6	0.211 4	1.735 8	0.030 6	-0.705 7	0.254 8	4.323 5	0.686 3	-1.333 8	8.882 3	1.769 9	0.185 4

杉木

$$\left\{ \begin{aligned} B_1 &= \beta_{10} D^{(\beta_{11} + \alpha_{11} O)} H^{\beta_{12}} + \varepsilon_1 \\ B_2 &= \beta_{20} D^{\beta_{21}} H^{\beta_{22}} I + \varepsilon_2 \\ B_3 &= \frac{1}{1 + \beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}} C W^{\beta_{53}} + \beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_3 \\ B_4 &= \frac{\beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}}}{1 + \beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_4 \\ B_5 &= \frac{\beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}}}{1 + \beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_5 \\ B_6 &= \frac{\beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}}{1 + \beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_6 \end{aligned} \right. \quad (6)$$

马尾松

$$\left\{ \begin{aligned} B_1 &= \beta_{10} D^{\beta_{11}} H^{\beta_{12}} + \varepsilon_1 \\ B_2 &= \beta_{20} D^{(\beta_{21} + \alpha_{21} O)} H^{\beta_{22}} I + \varepsilon_2 \\ B_3 &= \frac{1}{1 + \beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{\beta_{51}} H^{\beta_{52}} C W^{\beta_{53}} + \beta_{60} D^{(\beta_{61} + \alpha_{61} O)} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_3 \\ B_4 &= \frac{\beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}}}{1 + \beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{\beta_{51}} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{(\beta_{61} + \alpha_{61} O)} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_4 \\ B_5 &= \frac{\beta_{50} D^{\beta_{51}} H^{\beta_{52}}}{1 + \beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{\beta_{51}} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{(\beta_{61} + \alpha_{61} O)} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_5 \\ B_6 &= \frac{\beta_{60} D^{(\beta_{61} + \alpha_{61} O)} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}}{1 + \beta_{40} D^{\beta_{41}} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{\beta_{51}} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{(\beta_{61} + \alpha_{61} O)} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_6 \end{aligned} \right. \quad (7)$$

栎类

$$\left\{ \begin{aligned} B_1 &= \beta_{10} D^{(\beta_{11} + \alpha_{11} O)} H^{\beta_{12}} + \varepsilon_1 \\ B_2 &= \beta_{20} D^{(\beta_{21} + \alpha_{21} O)} H^{\beta_{22}} I + \varepsilon_2 \\ B_3 &= \frac{1}{1 + \beta_{40} D^{(\beta_{41} + \alpha_{41} O)} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}} C W^{\beta_{53}} + \beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_3 \\ B_4 &= \frac{\beta_{40} D^{(\beta_{41} + \alpha_{41} O)} H^{\beta_{42}}}{1 + \beta_{40} D^{(\beta_{41} + \alpha_{41} O)} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_4 \\ B_5 &= \frac{\beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}}}{1 + \beta_{40} D^{(\beta_{41} + \alpha_{41} O)} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_5 \\ B_6 &= \frac{\beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}}{1 + \beta_{40} D^{(\beta_{41} + \alpha_{41} O)} H^{\beta_{42}} + \beta_{50} D^{(\beta_{51} + \alpha_{51} O)} H^{\beta_{52}} + \beta_{60} D^{\beta_{61}} H^{\beta_{62}} C W^{\beta_{63}}} \hat{B}_1 + \varepsilon_6 \end{aligned} \right. \quad (8)$$

马尾松、杉木和栎类的非线性联立方程组(6)、(7)和(8)所拟合的单木各组分生物量模型评价指标均较优, B_1 和 B_2 的 R^2 均大于 0.90, B_1 的 MPE 小于 4%, B_2 的 MPE 小于 14%(表 4)。树干和树皮生物量的评价指标要优于树枝和树叶生物量。评价指标在树种上的比较结果如下。 B_1 : 栎类 > 马尾松 > 杉木; B_2 、 B_3 和 B_4 : 栎类 > 杉木 > 马尾松; B_5 : 马尾松 > 栎类 > 杉木; B_6 : 杉木 > 马尾松 > 栎类。整体上, 以起源为哑变量的 3 个树种单木各组分生物量模型系统的拟合效果略劣于哑变量模型, 即对应单木各组分生物量模型, 但高于基础模型, 说明起源对 3 个树种某些组分生物量估计结果的影响较大。这种影响可以通过参数 α_1 估计值来量化(表 4), 即天然林与

人工林的生物量估计与哑变量参数估计值的绝对值大小成比例。

4 结论与讨论

构建非线性联立方程组相容性模型是目前应用最广泛且实践性强的生物量估测方法^[17, 27]。本研究基于湖南省 3 个主要树种(杉木 160 株、马尾松 153 株和栎类 155 株)的伐倒木数据, 分别在单木 6 个组分生物量(地上、地下、树干、树皮、树枝和树叶生物量)基础模型上, 引入不同起源(天然林和人工林)的哑变量, 构建比例控制的非线性联立方程组, 预估单木各组分生物量, 解决单木各组分生物量的相容性和可加性。以起源为哑变量的单木生物量

表4 以起源为哑变量的单木生物量模型系统的参数估计与评价指标

Tab. 4 Parameter estimation and evaluation indicators for individual tree biomass aggregation model systems with origin as dummy variable

树种	组分	参数					评价指标			
		β_1	β_2	α_1	β_3	β_4	RMSE	R^2	TRE	MPE/%
杉木 <i>Cunninghamia lanceolata</i>	B_1	0.038 5	2.203 8	-0.052 8	0.516 1		25.061 9	0.941 4	-0.414 8	3.230 1
	B_2	0.013 6	2.627 4		-0.229 7		4.787 7	0.901 0	0.406 3	7.940 7
	B_3						17.522 1	0.944 2	-0.360 2	3.358 0
	B_4	0.437 2	0.058 1		-0.411 1		3.892 4	0.882 8	0.076 0	4.568 4
	B_5	0.972 8	0.627 2	-0.104 8	-1.095 6	-0.188 0	7.110 9	0.720 5	-1.078 3	8.006 4
	B_6	0.224 3	0.958 3		-1.303 7	-0.144 1	4.595 2	0.682 2	-0.633 5	9.351 9
马尾松 <i>Pinus massoniana</i>	B_1	0.051 4	2.000 5		0.700 2		31.849 7	0.951 5	0.072 1	3.449 6
	B_2	0.003 2	2.123 5	-0.084 2	1.050 9		9.289 0	0.895 5	4.425 5	13.246 6
	B_3						28.797 9	0.935 6	0.405 0	4.405 0
	B_4	1.836 9	0.104 1		-1.146 6		3.261 6	0.878 0	-0.553 6	5.266 6
	B_5	17.109 7	-0.005 9		-2.006 5	0.827 5	7.857 6	0.892 9	-0.586 1	5.555 9
	B_6	25.778 4	-0.590 7	-0.157 0	-1.932 1	0.850 0	3.101 0	0.664 4	-2.864 2	11.140 9
栎类 <i>Quercus spp.</i>	B_1	0.034 0	1.987 2	-0.018 1	1.003 8		33.637 9	0.971 8	1.338 5	2.852 3
	B_2	0.170 2	2.373 8	-0.132 0	-0.516 3		8.463 9	0.943 0	0.382 9	8.941 0
	B_3						23.375 9	0.969 3	1.653 7	3.243 7
	B_4	0.227 8	-0.104 8	-0.054 5	0.054 4		6.360 5	0.937 1	-1.562 0	5.077 9
	B_5	8.657 5	0.100 0	-0.052 1	-1.394 4	0.199 3	14.997 4	0.867 6	0.882 5	6.409 9
	B_6	3.188 2	0.454 6		-1.628 9	-0.474 7	4.723 6	0.625 6	7.111 5	10.124 6

模型系统的拟合效果较佳(表4),平均预估误差优于《立木生物量建模方法技术规程》提出的分别低于10%(人工林)和15%(天然林)的标准^[26]。事实上本研究采集的生物量数据样本量达到要求,且有较好的代表性,这为准确估算湖南省主要树种(杉木、马尾松和栎类)的生物量和碳储量提供了计量支撑。

本研究证实,在单木各组分生物量模型中,相较于仅依赖胸径的单一变量模型,引入树高可提升模型拟合优度,而进一步纳入冠幅变量对树枝和树叶生物量的预测精度改善更为显著(表2),这与已有生物量模型研究的结论一致^[14-15,28-29]。胸径和树高是构建生物量模型的重要基础,在估计单木生物量时具有协同作用,原因在于胸径和树高共同决定了树木的生长空间和资源获取能力,进而影响单木生物量的积累^[24]。由于年龄与树高的相关系数高达0.63(图2),因此对于易于获取年龄的人工林可以考虑用年龄替代变量树高。此外,模型中再加冠幅时精度提升有限,但对树枝和树叶的生物量预测改善明显。可能由于较大的冠幅能够捕获更多的阳光,使得树叶能够更充分地进行光合作用,进而合成更多的有机物,优先直接增加树枝和树叶的生物量。由于森林调查中林木树高和冠幅的测量难度和成本

较大,且测量精度不确定性大^[13],结果显示胸径是单木各组分生物量最大的影响因素,因此实践中仅基于胸径构建单木生物量模型更具有可操作性。在具体实践过程中,也可根据已获取的调查数据来增添生物量模型的解释变量,从而提升模型的预测精度和适用性。

由于天然林和人工林在生长特性和生物量分配上存在差异,且研究表明林分起源对生物量模型具有显著影响^[11,30-31],因此在构建生物量模型时有必要考虑林分起源作为哑变量。本研究构建的单木组分生物量哑变量模型显示3个树种均有组分存在起源的显著差异(表3),且天然林的生物量要明显大于人工林,这与诸多研究结论是一致的^[12,31]。可能原因在于土壤和水源质量导致天然起源的根系较人工发育的更好,且人工起源的林木树种单一,空间利用不充分,生态位分化不明显,限制了生物量的增长潜力^[12]。就树种而言,天然林中杉木和栎类的地上生物量以及马尾松和栎类的地下生物量要显著高于人工林。因此,实际应用中有必要分起源构建不同模型对这些组分生物量进行预测。

从模型拟合评价指标来看,以起源为哑变量的单木各组分生物量模型形式(3)拟合效果最好,其次

是非线性联立方程组相容性模型系统(6)、(7)和(8),拟合效果最差的是基础模型形式(1)。虽然模型系统(6)、(7)和(8)的拟合效果略劣于哑变量模型,但模型系统能解决单木各组分生物量的相容性和可加性,且它们参数之间的差异不大(表3和表4),因此优先推荐采用模型系统(6)、(7)和(8)来预测湖南省杉木、马尾松和栎类3个树种的单木各组分生物量。此外,哑变量模型的拟合效果明显优于基础模型,若在基础模型的所有参数上均添加了哑变量,此时模型参数个数过多导致模型自由度下降, F 检验结果显示与添加到个别参数上差异不显著,于是选择了仅在部分参数上添加哑变量。

目前我国人工林面积较多,可从造林记录中容易获得林木的年龄,于是可用林木年龄替换测量难度大的变量林木树高来预测林木生物量^[13]。本研究在单木各组分生物量基础模型中也考虑了引入林木年龄,结果显示杉木和栎类的地下生物量拟合中,胸径结合年龄的拟合效果好于胸径结合树高。因此在之后研究中需考虑胸径和年龄的生物量模型系统,更好地预测人工林或年龄已知的林木生物量。此外,立地、气候和林分等非生物因素也会影响林木的生物量^[18,32],可以进一步研究以胸径和树高或年龄为主体的广义模型形式,不仅提高生物量模型的预测精度,也能构建更加通用的生物量模型。

参 考 文 献

- [1] 董利虎,李凤日.大兴安岭东部主要林分类型乔木层生物量估算模型[J].应用生态学报,2018,29(9):2825-2834.
Dong L H, Li F R. Stand-level biomass estimation models for the tree layer of main forest types in East Daxing'an Mountains, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, 29(9): 2825-2834.
- [2] Asrat Z, Eid T, Gobakken T, et al. Aboveground tree biomass prediction options for the dry Afromontane forests in south-central Ethiopia[J]. Forest Ecology and Management, 2020, 473: 118335.
- [3] Fehrmann L, Kleinn C. General consideration about the use of allometric equations for biomass estimation on the example of Norway spruce in central Europe[J]. Forest Ecology and Management, 2006, 236(2): 412-421.
- [4] 罗云建,张小全,王效科,等.森林生物量的估算方法及其研究进展[J].林业科学,2009,45(8):129-134.
Luo Y J, Zhang X Q, Wang X K, et al. Forest biomass estimation methods and their prospects[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2009, 45(8): 129-134.
- [5] 赵菡,雷渊才,符利勇.江西省不同立地等级的马尾松林生物量估计和不确定性度量[J].林业科学,2017,53(8):81-93.
Zhao H, Lei Y C, Fu L Y. Biomass and uncertainty estimates of *Pinus massoniana* forest for different site classes in Jiangxi Province[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2017, 53(8): 81-93.
- [6] 曾伟生,唐守正.东北落叶松和南方马尾松地下生物量模型研建[J].北京林业大学学报,2011,33(2):1-6.
Zeng W S, Tang S Z. Establishment of below-ground biomass equations for larch in northeastern and Masson pine in southern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2011, 33(2): 1-6.
- [7] 曹磊,刘晓彤,李海奎,等.广东省常绿阔叶林生物量生长模型[J].林业科学研究,2020,33(5):61-67.
Cao L, Liu X T, Li H K, et al. Biomass growth models for evergreen broad-leaved forests in Guangdong[J]. Forest Research, 2020, 33(5): 61-67.
- [8] 王佳慧,李凤日,董利虎.基于不同预测变量的天然椴树可加性地上生物量模型构建[J].应用生态学报,2018,29(11):3685-3695.
Wang J H, Li F R, Dong L H. Additive aboveground biomass equations based on different predictors for natural *Tilia* Linn[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, 29(11): 3685-3695.
- [9] 王金池,邓华锋,黄国胜,等.天然云杉相容性生物量估算模型[J].应用生态学报,2017,28(10):3189-3196.
Wang J C, Deng H F, Huang G S, et al. Compatible biomass models of natural spruce (*Picea asperata*)[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2017, 28(10): 3189-3196.
- [10] Fu L Y, Lei Y C, Zeng W S, et al. Uncertainty assessment in aboveground biomass estimation at the regional scale using a new method considering both sampling error and model error[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2017, 47(8): 1095-1103.
- [11] 李海奎,宁金魁.基于树木起源、立地分级和龄组的单木生物量模型[J].生态学报,2012,32(3):740-757.
Li H K, Ning J K. Individual tree biomass model by tree origin, site classes, and age groups[J]. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(3): 740-757.
- [12] 曾伟生,王雪军,陈振雄,等.林分起源对立木生物量模型的影响分析[J].林业资源管理,2014(2):40-45.
Zeng W S, Wang X J, Chen Z X, et al. Analysis of impacts of forest origin on single tree biomass models[J]. Forest Resources Management, 2014(2): 40-45.
- [13] 薛春泉,徐期瑚,林丽平,等.广东主要乡土阔叶树种含年龄和胸径的单木生物量模型[J].林业科学,2019,55(2):97-108.
Xue C Q, Xu Q H, Lin L P, et al. Biomass models with breast height diameter and age for main native tree Species in Guangdong Province[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2019, 55(2): 97-108.
- [14] 欧建德,欧家琳,康永武.基于树冠形态特征因子的云南红豆杉单木生物量模型拟合[J].西南林业大学学报(自然科学),2022,42(4):117-124.
Ou J D, Ou J L, Kang Y W. Single tree biomass simulation of *Taxus yunnanensis* plantation based on crown morphological index[J]. Journal of Southwest Forestry University (Natural Science), 2022, 42(4): 117-124.
- [15] 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.
- Fu L Y, Lei Y C, Zeng W S. Comparison of several compatible biomass models and estimation approaches[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2014, 50(6): 42-54.
- [16] Fu L Y, Lei Y C, Wang G X, et al. Comparison of seemingly unrelated regressions with error in-variable models for developing a system of nonlinear additive biomass equations[J]. *Trees*, 2015, 30: 839-857.
- [17] Zeng W S, Zhang L J, Chen X Y, et al. Construction of compatible and additive individual-tree biomass models for *Pinus tabulaeformis* in China[J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2017, 47: 467-475.
- [18] Dong L, Zhang Y, Zhang Z, et al. Comparison of tree biomass modeling approaches for larch (*Larix olgensis* Henry) trees in Northeast China[J]. *Forests*, 2020, 11: 202.
- [19] 孟延安, 孟俐君, 王静洁, 等. 青海省2种主要树种的生物量分配格局和单木生物量模型[J]. 西部林业科学, 2019, 48(6): 21-28.
- Meng Y S, Meng L J, Wang J J, et al. Models for estimating biomass and its allocation patterns in organs of two major tree species in Qinghai Province[J]. *Journal of West China Forestry Science*, 2019, 48(6): 21-28.
- [20] 蔡会德, 卢峰, 徐占勇, 等. 桉树相容性可加性立木生物量模型系统研建[J]. 林业资源管理, 2023(1): 87-93.
- Cai H D, Lu F, Xu Z Y, et al. Research and development of compatible and additive individual tree biomass model systems for eucalyptus[J]. *Forest Resources Management*, 2023(1): 87-93.
- [21] 梁瑞婷, 王轶夫, 邱思玉, 等. 人工神经网络与相容性生物量模型预测单木地上生物量的比较[J]. 应用生态学报, 2022, 33(1): 9-16.
- Liang R T, Wang Y F, Qiu S Y, et al. Comparison of artificial neural network with compatible biomass model for predicting aboveground biomass of individual tree[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2022, 33(1): 9-16.
- [22] Zhu G, Hu S, Chhin S, et al. Modelling site index of Chinese fir plantations using a random effects model across regional site types in Hunan Province, China[J]. *Forest Ecology and Management*, 2019, 446: 143-150.
- [23] Parresol B R. Assessing tree and stand biomass: a review with examples and, critical comparisons[J]. *Forest Science*, 1999, 45(4): 573-593.
- [24] 曾伟生. 全国立木生物量方程建模方法研究[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2011.
- Zeng W S. Methodology on modeling of single-tree biomass equations for national biomass estimation in China[D]. Beijing: Chinese Academy of Forestry, 2011.
- [25] R Core Team. R: a language and environment for statistical computing[M]. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2024.
- [26] 国家林业局. 立木生物量建模方法技术规程: LY/T 2258-2014[S]. 北京: 中国标准出版社, 2014.
- State Forestry Administration. Technical regulations for tree biomass modeling: LY/T 2258-2014[S]. Beijing: Standards Press of China, 2014.
- [27] 欧光龙, 胥辉. 森林生物量模型研究综述[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2020, 40(1): 1-10.
- Ou G L, Xu H. A review on forest biomass models[J]. *Journal of Southwest Forestry University*, 2020, 40(1): 1-10.
- [28] 曾伟生, 唐守正. 利用度量误差模型方法建立相容性立木生物量方程系统[J]. 林业科学研究, 2010, 23(6): 797-803.
- Zeng W S, Tang S Z. Using measurement error modeling method to establish compatible single-tree biomass equations system[J]. *Forest Research*, 2010, 23(6): 797-803.
- [29] 刘秀红, 姜春前, 徐睿, 等. 相容性单木生物量模型估计方法的比较: 以青冈栎为例[J]. 林业科学, 2020, 56(9): 164-173.
- Liu X H, Jiang C Q, Xu R, et al. Comparison of methods to construct compatible individual tree biomass models: a case study of *Cyclobalanopsis glauca*[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2020, 56(9): 164-173.
- [30] Wang X P, Fang J Y, Zhu B. Forest biomass and root shoot allocation in northeast China[J]. *Forest Ecology and Management*, 2008, 255: 4007-4020.
- [31] Luo Y J, Wang X K, Zhang X Q. Root: shoot ratios across China's forests: forest type and climatic effects[J]. *Forest Ecology and Management*, 2012, 269: 19-25.
- [32] Widagdo F, Li F, Zhang L, et al. Aggregated biomass model systems and carbon concentration variations for tree carbon quantification of natural Mongolian oak in Northeast China[J]. *Forests*, 2020, 11: 397.

(责任编辑 孟瑶 李 契
责任编辑 张会儒)