

网络出版时间:2017-06-06 13:46

DOI:10.13207/j.cnki.jnwafu.2017.07.007

网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20170606.1346.014.html>

# 北亚热带常绿阔叶林林下灌木 生物量模型的建立

许崇华, 樊伟, 崔珺, 李婧, 朱永一, 徐小牛

(安徽农业大学 林学与园林学院, 安徽 合肥 230036)

**【摘要】**【目的】灌木是森林生产力的重要组成部分,探索北亚热带地区常绿阔叶林林下灌木生长模型,为森林生物量及其碳储量估算奠定基础。【方法】在安徽南部查湾自然保护区,选取 4 种常见林下灌木树种(老鼠矢、乌药、朱砂根和香桂),通过野外实测获得地径( $D$ )、树高( $H$ )、地径平方乘树高( $D^2H$ )、冠径树高乘积( $CH$ )、植冠面积( $A_c$ )和植冠体积( $V_c$ )等模型参数,拟合生物量模型,基于独立检验数据对模型进行验证,获得生物量最优模型。【结果】各灌木树种单器官及全株生物量模型以  $D^2H$  和  $CH$  为自变量都具有较高的拟合优度(0.815~0.983)和较小的标准误(SEE)。不同灌木树种、不同器官之间的生物量最优模型选用方程均存在一定差异,以幂函数、二项式方程为主,且模型检验精度均较高(总相对误差(RS) $<30\%$ ,平均相对误差绝对值(RMA) $<20\%$ )。模型的普适性研究表明,叶、枝和根生物量最优通用模型为  $W=a+bX+cX^2$  ( $X$  为  $D^2H$ (叶、枝)或  $CH$ (根)),拟合效果较优;而全株生物量最优模型为  $W=1.4232(D^2H)^{0.8324}$ ,拟合指数(FI)=0.960,适用于 4 种灌木叶、枝、根和全株生物量的估算,但根系通用模型的估算精度低于叶、枝与全株的最优生物量通用模型。【结论】基于生物量模型可以精准地估算亚热带地区的灌木生物量。

**【关键词】** 灌木;生物量模型;通用模型;亚热带

**【中图分类号】** S711

**【文献标志码】** A

**【文章编号】** 1671-9387(2017)07-0049-08

## Biomass models for shrubs under evergreen broad-leaved forest in north subtropics

XU Chonghua, FAN Wei, CUI Jun, LI Jing, ZHU Yongyi, XU Xiaoniu

(School of Forestry & Landscape Architecture, Anhui Agricultural University, Hefei, Anhui 230036, China)

**Abstract:** 【Objective】The shrub layer is an important part of stand productivity in forest ecosystems. This study investigated allometric models for biomass estimation of shrubs to provide basis for accurate estimation of forest biomass and related carbon stock. 【Method】Four common shrub trees (*Symplocos stellaris*, *Lindera aggregate*, *Ardisia crenata*, and *Cinnamomum subavenium*) at Zhawan Natural Reserve in southern Anhui were selected and descriptive parameters of  $D$  (basal diameter),  $H$  (total plant height),  $D^2H$  (square of basal diameter  $\times$  height),  $CH$  (mean of crown diameter  $\times H$ ),  $A_c$  (means crown area),  $V_c$  (means plant crown volume), and  $A_c \times H$  were obtained through filed investigation to fit biomass models. Models were also validated based on independent test data. 【Result】The biomass models of both single organ and whole plant with  $D^2H$  and  $CH$  as independent variables had higher goodness of fit (0.815—0.983)

〔收稿日期〕 2016-05-20

〔基金项目〕 国家“973”计划项目(2012CB416905);国家自然科学基金项目(31370626);安徽省自然科学基金项目(1408085QC69)

〔作者简介〕 许崇华(1990—),男,安徽黄山人,硕士,主要从事森林生产力及其固碳能力研究。E-mail: xch422248787@live.com

〔通信作者〕 徐小牛(1961—),男,安徽合肥人,教授,博士,博士生导师,主要从事森林培育、森林生物地球化学等研究。

E-mail: xnxcu2007@ahau.edu.cn

and lower standard error of estimation (SEE). The biomass equations differed between different organs and different shrub species, and the optimal models mostly followed power function and binomial with high examination precision of  $RS < 30\%$  and  $RMA < 20\%$ . The universality analysis of the models for these four shrubs indicated that the optimal universal biomass model for leaf, branch and root was  $W = a + bX + cX^2$  with superior fitting effect, while the best model for entire plant biomass was binomial ( $W = 1.4232 \times (D^2H)^{0.8234}$ ,  $FI = 0.960$ ). The universal model can apply to biomass estimation of leaf, branch, root and whole plant for the four shrub trees, but the estimate accuracy of universal model was lower for root biomass than for leaf, branch and whole biomass. 【Conclusion】 The allometric equations obtained is a valid and nondestructive method to accurate estimation of shrub biomass in subtropical forest ecosystems.

**Key words:** shrub; biomass model; universal model; subtropical forest

森林生物量体现了森林生态系统的生产力,是森林生态系统碳固定能力的标志,对森林碳汇的评估具有重要作用<sup>[1-3]</sup>。林下灌木层是森林生态系统的重要组成部分<sup>[4]</sup>,其生物量占总生物量的 10%~30%,研究灌木生物量对于整个森林生态系统碳储量的精准估算具有重要意义<sup>[5]</sup>。灌木生物量估测方法主要包括直接收获法和模型估测法。直接收获法精度高,但花费大,对林地破坏严重;而模型估测法具有较高的精确度,简便、实用且不会对林地造成破坏<sup>[6-8]</sup>。因此,建立精确的灌木生物量模型十分必要。

林下灌木种类繁多且分布广泛,估测灌木生物量的模型较多<sup>[9]</sup>,国内外许多学者对灌木生物量进行了研究,得到的灌木生物量模型均存在差异,主要分为线性模型和非线性模型。Mandal 等<sup>[10]</sup>在研究喜马拉雅西部地区林下灌木生物量时指出,以地径( $D$ )与树高( $H$ )的复合因子( $D^2H$ )为自变量的线性模型估测马缨丹(*Lantana camara*)生物量精度较高;Liu 等<sup>[11]</sup>研究发现,以冠幅( $C$ )、树高( $H$ )及  $D^2H$  为自变量建立生物量二元函数、幂函数及指数函数模型,可以很好地估算祁连山地区林下灌木的生物量;Paton 等<sup>[12]</sup>用年龄作为自变量,建立对数模型用以估测西班牙西南部地区的灌木生物量;曾伟生等<sup>[13]</sup>基于植冠面积( $A_c$ )与丛枝数( $N$ )建立了内蒙古柠条(*Caragana korshinskii*)和山杏(*Armenia casibirica*)的生物量相容性模型。

北亚热带地区多以常绿阔叶林为主,林下植被丰富,是中国森林碳库的重要组成部分。当前,国内灌木生物量模型的研究主要集中在北部地区<sup>[13-16]</sup>,而北亚热带地区的研究相对较少,鉴于此,本研究基于安徽南部查湾自然保护区常绿阔叶林林下灌木层的调查结果,以常见物种老鼠矢(*Symplocos stellaris*)、乌药(*Lindera aggregata*)、朱砂根(*Ardisia*

*crenata*)、香桂(*Cinnamomum subavenium*)为对象,通过野外收获实测数据分析,建立该地不同灌木种的生物量模型,以期为精确估算亚热带北部地区林下灌木生物量及碳储量奠定基础。

## 1 研究区域与方法

### 1.1 研究区自然概况

安徽祁门县查湾自然保护区(117°32'30" E, 29°37'05" N)位于亚热带北部,地处皖南山地南部,属亚热带季风气候。该区四季分明,降水充沛,多年连续平均气温约为 16.6 °C,夏季最高气温 39 °C,冬季最低气温 -7 °C,无霜期达 290 d,年均降水 1 750 mm,空气湿度高达 85%,海拔处于 120~670 m,土壤类型以黄红壤、山地黄壤为主,土层较厚,pH 为 4.0~5.0。自然保护区内拥有大面积的常绿阔叶林,建群种多以甜槠(*Castanopsis eyrei*)为主,林下植被丰富。调查区内优势乔木树种主要有甜槠、苦槠(*Castanopsis sclerophylla*)、枫香(*Liquidambar formosana*)、水青冈(*Fagus longipetiolata*)、江南桫木(*Alnus trabeculosa*)、马尾松(*Pinus massoniana*)等。

### 1.2 数据获取

于 2015 年 9—11 月进行调查,在研究区域内选取老鼠矢、乌药、朱砂根和香桂 4 种林下主要灌木,作为拟合灌木生长模型的研究对象。调查时选择长势良好的灌木,采用全株收获法,尽量将植株的整个根部挖出以获取整株灌木,以保证根部生物量的准确性,对于一根多株的灌木,将植株根部从分蘖处断开,分别作为各植株的根系。选用游标卡尺测量每株灌木的地径( $D$ ),精确到 0.01 cm;用钢卷尺测量树高( $H$ )、冠幅( $C$ ,为长、短冠幅的均值),记录数据。灌木多主干不明显,本研究将灌木分为根、干、叶(包括花和果)分别截取,带回实验室放于 80 °C 恒温干

燥箱烘干至恒质量,用电子天平(精度为0.1 g)称量各样品的质量并记录,4种灌木的参数见表1。每种

灌木样本数为50株左右,选取其中30株用以拟合生长模型,剩余部分用于模型精度检验。

表1 4种灌木样本的基本参数

Table 1 Basic parameters of 4 shrub species

树种 Species	样本数 Samples	地径(D)/cm Basal diameter		树高(H)/cm Height		冠幅(C)/m Crown		全株生物量(W <sub>T</sub> )/g Total biomass	
		最小值 Min	最大值 Max	最小值 Min	最大值 Max	最小值 Min	最大值 Max	最小值 Min	最大值 Max
老鼠矢 <i>Symplocos. stellaris</i>	48	0.45	1.57	30	180	0.25	1.08	7.8	235.1
朱砂根 <i>Ardisia. crenata</i>	53	0.54	2.01	32	229	0.25	1.40	15.7	411.9
乌药 <i>Lindera. aggregata</i>	56	0.14	1.49	13	180	0.08	1.39	2.0	246.0
香桂 <i>Cinnamomum. subavenium</i>	53	0.53	2.02	30	229	0.25	1.50	15.8	381.9

### 1.3 数据分析

1.3.1 自变量的选取 构建灌木生长模型的关键在于自变量的选取,选择与因变量相关性高的因子作为自变量,才能更好地提高模型的拟合优度。曾伟生<sup>[17]</sup>研究国内外灌木生物量模型时指出,影响灌木生物量的变量主要有地径(D)、树高(H)、冠幅(C)、年龄(T)以及复合因子地径平方与树高乘积(D<sup>2</sup>H)、冠幅与树高乘积(CH)、植冠面积(A<sub>C</sub>, A<sub>C</sub> = πC<sub>1</sub>C<sub>2</sub>/4,其中C<sub>1</sub>为冠径长轴,C<sub>2</sub>为冠径短轴)、植冠体积(V<sub>C</sub>, V<sub>C</sub> = A<sub>C</sub>H)等。本研究通过野外测量计算获得D、H、D<sup>2</sup>H、CH、A<sub>C</sub>和V<sub>C</sub>等易于测量的影响因子,将各因子分别与因变量(灌木各组分生物量)进行相关性分析,选取显著相关且系数较大的影响因子作为自变量。在建模的过程中,为避免各自变量之间存在严重的多重共线性问题,即同时存在于同一方程中会导致参数估计值的方差增大,采用方差膨胀因子(variance inflation factor, VIF)<sup>[18]</sup>检验各变量之间的多重共线性,当√VIF > 2时则认为共线性严重,去除共线性严重的变量,利用逐步回归法分别建立各灌木器官及全株的生物量模型。

1.3.2 模型的选择与建立 根据国内外灌木生物量模型研究结果,生物量模型主要包括线性和非线性模型2种,而非线性模型应用最为广泛,包括异速生长模型、幂函数模型和多项式模型<sup>[15,19]</sup>。为此,本研究选用以下5种模型,分别拟合4种灌木各器官及全株的生物量:

$$W = aX^b + \epsilon; \quad (1)$$

$$W = a + b \ln X + \epsilon; \quad (2)$$

$$W = a + bX + \epsilon; \quad (3)$$

$$W = a + bX_1 + cX_2 + \epsilon; \quad (4)$$

$$W = a + bX + cX^2 + \epsilon. \quad (5)$$

式中:W为因变量(即灌木各组分生物量),X为自变量(包括D、H、C、D<sup>2</sup>H、CH、A<sub>C</sub>和V<sub>C</sub>),a、b和c为生物量方程的参数,ε为误差项。

1.3.3 模型的评价与检验 选用R 3.2.2及EXCEL软件对灌木生物量和影响因子进行回归分析,通过决定系数(R<sup>2</sup>)、模型估算值的标准误(standard error of the estimate, SEE)和回归检验(F检验)显著水平(P < 0.01)对灌木生物量拟合模型进行效果评价,筛选出决定系数R<sup>2</sup>值最大、SEE最小且方程回归显著(P < 0.01)的模型,并以总相对误差(RS)和平均相对误差绝对值(RMA)作为验证指标,利用独立检验数据对方程进行验证,一般RS、RMA越接近0,则估测效果越好,即为各器官以及全株生物量的最优拟合模型。

然而,R<sup>2</sup>值不能在存在自变量对数转换和无自变量对数转换的方程之间进行直接比较,为进行各模型间的拟合效果比较,本研究选择拟合指数(fit index, FI)代替R<sup>2</sup>作为评价指标,当幂函数方程的FI值接近线性方程、二项式以及对数方程的R<sup>2</sup>值时,选择幂函数方程为最佳生物量模型<sup>[11,15,20]</sup>。

$$SEE = \frac{[(\sum (y_i - \hat{y}_i)^2 / (n - k)^{1/2})]}{y}; \quad (6)$$

$$FI = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}; \quad (7)$$

$$RS = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)}{\sum_{i=1}^n \hat{y}_i} \times 100\%; \quad (8)$$

$$RMA = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left| \frac{y_i - \hat{y}_i}{y_i} \right| \times 100\%. \quad (9)$$

式中:y<sub>i</sub>为第i株灌木器官或全株生物量的实测值,ŷ<sub>i</sub>为第i株灌木器官或全株生物量的模型估计值,ȳ为灌木器官或全株生物量的平均值,n为样本数,k为自由度。

## 2 结果与分析

### 2.1 灌木生物量模型中自变量与因变量的相关性

自变量的选取对灌木生物量模型的建立起着至关重要的作用,将自变量  $D$ 、 $H$ 、 $CH$ 、 $D^2H$ 、 $A_C$ 、 $V_C$  分别与灌木各器官以及全株的生物量进行相关性分析,结果见表 2。由表 2 可以看出,各变量与灌木各器官及全株生物量之间均显著相关,相关系数数值为 0.792~0.989。其中,变量  $CH$ 、 $D^2H$ 、 $A_C$  和  $V_C$  与灌木各组分生物量之间的相关性显著高于  $D$ 、 $H$ ,且

表 2 灌木生物量模型中自变量与因变量的相关性分析结果

Table 2 Correlation coefficients between independent and dependent variables in shrub biomass models

树种 Species	生物量 Biomass	$D$	$H$	$CH$	$D^2H$	$A_C$	$V_C$
老鼠矢 <i>Symplocos stellaris</i>	$W_L$	0.883**	0.839**	0.935**	<b>0.944**</b>	0.906**	0.916**
	$W_B$	0.875**	0.853**	0.917**	<b>0.974**</b>	0.851**	0.891**
	$W_R$	0.836**	0.814**	0.895**	<b>0.923**</b>	0.851**	0.883**
	$W_T$	0.884**	0.855**	0.934**	<b>0.970**</b>	0.882**	0.912**
朱砂根 <i>Ardisia crenata</i>	$W_L$	0.916**	0.892**	0.970**	<b>0.970**</b>	0.928**	0.962**
	$W_B$	0.912**	0.909**	0.972**	<b>0.986**</b>	0.896**	0.955**
	$W_R$	0.827**	0.850**	0.890**	<b>0.912*</b>	0.792**	0.873**
	$W_T$	0.916**	0.913**	0.976**	<b>0.988**</b>	0.902**	0.961**
乌药 <i>Lindera aggregata</i>	$W_L$	0.850**	0.921**	<b>0.959**</b>	0.901**	0.937**	0.912**
	$W_B$	0.813**	0.875**	0.945**	<b>0.945**</b>	0.908**	0.942**
	$W_R$	0.836**	0.887**	0.891**	<b>0.905**</b>	0.828**	0.846**
	$W_T$	0.864**	0.925**	<b>0.963**</b>	0.956**	0.916**	0.933**
香桂 <i>Cinnamomum subavenium</i>	$W_L$	0.931**	0.901**	0.976**	<b>0.980**</b>	0.940**	0.971**
	$W_B$	0.925**	0.916**	0.975**	<b>0.989**</b>	0.908**	0.959**
	$W_R$	0.890**	0.872**	<b>0.900**</b>	0.899**	0.817**	0.845**
	$W_T$	0.938**	0.922**	0.980**	<b>0.989**</b>	0.917**	0.959**

注: $W_L$ 、 $W_B$ 、 $W_R$  和  $W_T$  分别为灌木叶、枝、根以及全株生物量; \* 表示  $P < 0.01$ , 字体加粗者为相关系数最大值。

Note:  $W_L$ ,  $W_B$ ,  $W_R$ , and  $W_T$  represent the biomass of leaf, branch, root and total, respectively. \* \* .  $P < 0.01$ . Bold indicates the maximum correlation coefficient.

### 2.2 灌木生物量模型的拟合

2.2.1 单一器官生物量的最优模型 利用建模数据,基于相关性分析结果,建立灌木生物量模型,结果如表 3 所示。表 3 显示,不同物种、不同器官的最优生物量模型不尽相同,4 种灌木单一器官的生物量最优模型均以幂函数方程(1)、二项式方程(5)为主,这与灌木生长的不规则性和自变量存在差异有关。老鼠矢枝和根、朱砂根枝和根、乌药根以及香桂叶和枝最优生物量模型为方程(1),且自变量均为复合因子  $D^2H$ ,拟合指数 FI 值较高,为 0.815(朱砂根)~0.980(香桂枝),标准误(SEE)较小, $F$  检验结果显示方程回归性显著( $P < 0.01$ )。朱砂根叶、乌药叶和枝以及香桂根的最优生物量模型为方程(5),决定系数  $R^2$  均大于 0.900,SEE 值小,且回归方程均达到显著水平( $P < 0.01$ ),其中香桂根的生物量模型决定系数值最小( $R^2 = 0.925$ ),但自变量存在

大多数灌木的各器官及全株生物量均与自变量  $D^2H$  间的相关系数最大,只有乌药的叶和全株生物量及香桂的根生物量与变量  $CH$  间相关系数最大。对  $CH$ 、 $D^2H$ 、 $A_C$  和  $V_C$  等 4 个变量进行多重线性检验,结果显示,4 个变量之间存在严重共线性( $\sqrt{VIF} > 2$ ),因而在拟合生物量模型时不能同时存在。为避免 4 个变量同时出现在同一方程导致 SEE 变大,故采用逐步回归法建立生物量模型,根据评价指标  $R^2$  最大、SEE 最小原则选择最优模型。

差异,乌药叶和香桂根的生物量模型选用的自变量为  $CH$ ,其他生物量模型则用自变量  $D^2H$  解释最为理想,这与灌木的生长形态有关。乌药冠幅相对较大,叶多枝细,因而不同器官生物量模型的解释变量不同。香桂植株矮小且冠幅较大,朱砂根形态类似乔木,只有单一主干,冠幅相对较小,故解释变量也存在差异。此外,老鼠矢叶的生物量最优模型为二元方程(4),自变量为  $D^2H$ 、 $A_C$ ,且自变量间不存在共线性, $R^2$  值较大( $R^2 = 0.971$ ),SEE 较小, $F$  检验结果表明回归方程显著相关( $P < 0.01$ )。

2.2.2 全株生物量的最优模型 拟合 4 种灌木的全株生物量方程,选择  $R^2$  最大、SEE 值最小且  $F$  检验显著相关的模型作为最优模型,结果如表 3 所示。由表 3 可知,不同灌木树种间的全株生物量模型差异不大。老鼠矢、朱砂根和香桂的全株最优生物量模型为二项式方程(5),模型评价指标  $R^2$  介于

0.946~0.983,SEE值最小且回归方程显著相关( $P<0.01$ )。乌药的最全株优生物量模型为幂函数方程(1),自变量为 $D^2H$ ,FI值为0.923,其标准误(SEE=15.880)与其他4种形式的模型相比最小,

显著性 $F$ 检验显示回归方程达到显著相关水平( $P<0.01$ ),因此乌药全株生物量最优模型可表示为: $W_T=2.9755 \times (D^2H)^{0.7298}$ 。

表3 4种灌木各器官及全株生物量最优单一模型与通用模型

Table 3 Optimal single and universal models of each organ and total biomasses of 4 shrubs

树种 Species	方程 Equation	$a$	$b$	$c$	$R^2$	FI	SEE	$P$
老鼠矢 <i>Symplocos stellaris</i>	$W_L=aD^2H+bAc$	0.094 4	43.107 5		0.971	0.971	4.393	<0.01
	$W_B=a(D^2H)^b$	0.163 5	1.077 4		0.954	0.951	6.178	<0.01
	$W_R=a(D^2H)^b$	0.183 7	0.931 0		0.855	0.846	5.338	<0.01
	$W_T=a+bD^2H+c(D^2H)^2$	10.230 0	0.417 9	0.000 3	0.946	0.946	6.715	<0.01
朱砂根 <i>Ardisia crenata</i>	$W_L=a+bD^2H+c(D^2H)^2$	2.183 0	0.153 1	-0.000 1	0.947	0.947	9.330	<0.01
	$W_B=a(D^2H)^b$	0.310 3	0.963 1		0.972	0.972	6.330	<0.01
	$W_R=a(D^2H)^b$	0.566 9	0.754 5		0.830	0.815	10.890	<0.01
	$W_T=a+bD^2H+c(D^2H)^2$	10.850 0	0.515 6	-0.000 1	0.978	0.978	16.120	<0.01
乌药 <i>Lindera aggregata</i>	$W_L=a+bCH+c(CH)^2$	-0.809 8	0.264 2	-0.000 3	0.931	0.931	3.297	<0.01
	$W_B=aD^2H+b(D^2H)^2+c(D^2H)^3$	0.405 7	-0.001 5	0.000 1	0.947	0.947	7.154	<0.01
	$W_R=a(D^2H)^b$	2.012 2	0.642 5		0.841	0.834	9.917	<0.01
	$W_T=a(D^2H)^b$	2.975 5	0.729 8		0.926	0.923	15.880	<0.01
香桂 <i>Cinnamomum subavenium</i>	$W_L=a(D^2H)^b$	0.349 3	0.846 2		0.960	0.960	4.370	<0.01
	$W_B=a(D^2H)^b$	0.289 8	0.973 2		0.980	0.980	5.150	<0.01
	$W_R=aCH+b(CH)^3$	0.276 2	-0.000 1		0.925	0.925	8.823	<0.01
	$W_T=a+bD^2H+c(D^2H)^2$	5.172 0	0.555 4	-0.000 1	0.983	0.983	10.050	<0.01
通用模型 Universal models	$W_L=a+bD^2H+c(D^2H)^2$	3.195 0	0.149 5	-0.000 1	0.941	0.941	5.800	<0.01
	$W_B=aD^2H+b(D^2H)^2$	0.258 1	-0.000 1		0.982	0.982	7.880	<0.01
	$W_R=aCH+b(CH)^2$	0.324 6	-0.000 2		0.876	0.876	11.480	<0.01
	$W_T=a(D^2H)^b$	1.423 2	0.832 4		0.961	0.960	17.580	<0.01

2.2.3 生物量模型的诊断 表3显示,4种灌木叶、枝和根系生物量模型的拟合指数(FI)分别为0.931~0.971,0.947~0.980,0.815~0.925,即最优单器官生物量模型的拟合指数大小依次为枝>叶>根,且根系生物量模型的拟合指数远小于枝和叶,说明灌木形态(一根多株等)及采样过程中灌木根系不能完全取出而产生的误差,均影响根系生物量模型的拟合优度。4种灌木全株最优生物量模型FI值大小依次为香桂(0.983)>朱砂根(0.978)>老鼠矢(0.946)>乌药(0.923)。

考虑模型方差齐性问题,通过残差标准化对模型进行诊断,结果显示,标准化残差均未超过默认值3,且残差分布图显示,拟合模型的残差均呈随机分布,以老鼠矢为例(图1),各器官及全株的生物量模型均能合理地解释4种灌木各组分生物量的变化。

2.2.4 生物量模型的普适性 亚热带地区气候适宜,林下植被丰富,灌木树种繁多,为提高大面积生物量估算效率,对林下常见灌木生物量的通用模型进行了探讨。基于上述4种灌木的建模数据(120组),分别拟合灌木各器官及全株的通用生物量模型,选择 $R^2$ 最大、SEE最小的方程作为最优模型。

灌木生物量模型的普适性研究结果见表3。表3显示,4种灌木各器官及全株生物量最优通用模型的拟合优度( $R^2$ 或FI)依旧较优,均大于0.850,标准误(SEE)较小,对回归方程进行 $F$ 检验均达到显著水平( $P<0.01$ )。叶、枝及根的生物量通用模型为二项式方程(5),评价指标 $R^2$ 值均较大,为0.876~0.982,因而模型(5)在拟合以上4种灌木叶、枝和根的生物量时具有较高的适用性。4种灌木全株生物量通用模型是幂函数方程(1),拟合指数(FI)为0.960,拟合优度较高,可作为4种灌木全株的通用模型,说明4种灌木在整个生长过程中生物量变化趋势相似。

2.2.5 模型精度检验 模型验证对于模型能否在实际应用中获得良好估测效果起着至关重要的作用。本研究将独立验证数据代入表3对应的生物量拟合方程中,获得4种灌木各器官以及全株生物量的估测值,以总相对误差(RS,<30%)、平均相对误差绝对值(RMA,<30%)为验证指标,对拟合的生物量模型进行精度检验,结果见表4。由表4可得,4种灌木各器官及全株生物量模型检验指标RS和RMA值均在精度检验允许的范围内,RS值变化于

-13.14%~9.98%, RMA 值变化于 6.74%~17.95%。因此,所拟合的 4 种灌木各器官以及全株

生物量模型估测精度较高。

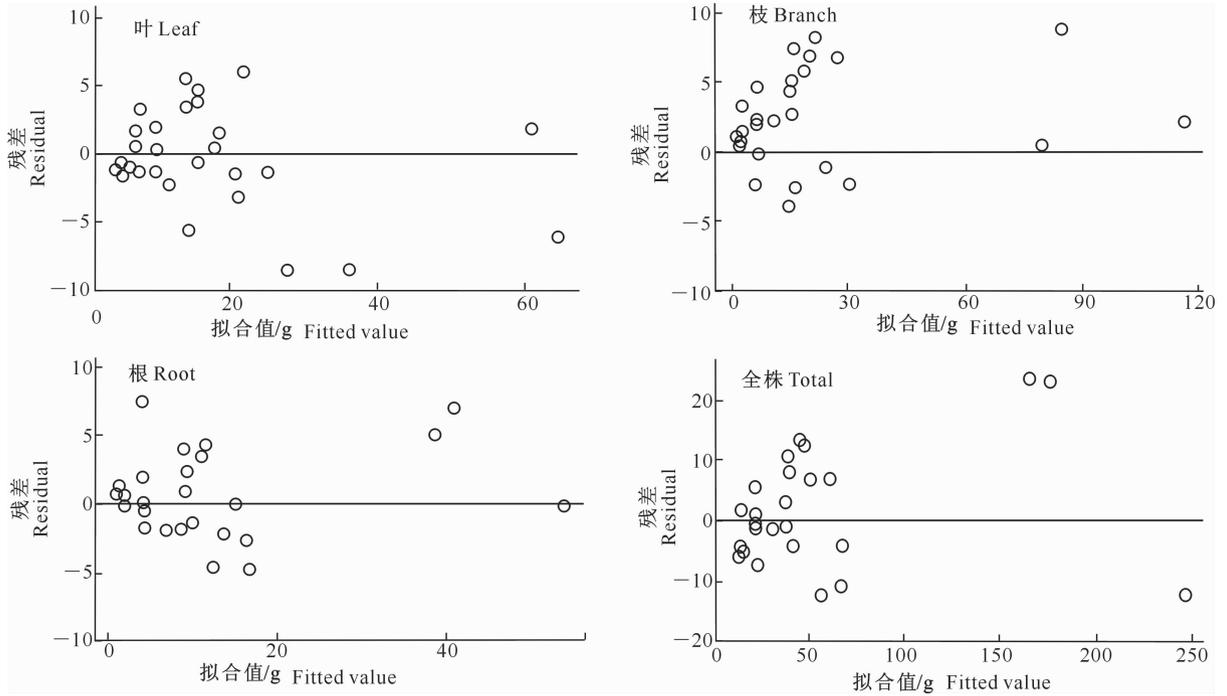


图 1 老鼠矢叶、枝、根与全株生物量的残差分布

Fig. 1 Residual distribution of biomass in leaves, branches, roots and whole-plant of *Symplocos stellaris*

通用模型检验结果(表 4)显示,RS、RMA 取值分别为-3.03%~4.78%和 14.64%~26.15%,均在允许的精度范围内( $RS < 30\%$ ,  $RMA < 30\%$ )。由此可知,4 种灌木各器官及全株最优通用生物量

模型均具有一定的估测精度,但 4 种灌木根系的通用模型的估测精度( $RS = -3.03\%$ ,  $RMA = 26.15\%$ )较其他组分的通用模型差。

表 4 4 种灌木各器官及全株生物量模型的精度检验结果

Table 4 Accuracy of different organs and total biomass models of 4 shrub species

树种 Species	生物量 Biomass	RS	RMA	树种 Species	生物量 Biomass	RS	RMA
老鼠矢 <i>Symplocos stellaris</i>	$W_L$	1.02	14.20	朱砂根 <i>Ardisia crenata</i>	$W_L$	-2.33	17.95
	$W_B$	4.05	14.39		$W_B$	-1.59	12.04
	$W_R$	-1.33	15.66		$W_R$	1.78	12.37
	$W_T$	9.98	17.00		$W_T$	-3.35	9.87
乌药 <i>Lindera aggregata</i>	$W_L$	7.45	16.01	香桂 <i>Cinnamomum subavenium</i>	$W_L$	2.71	11.51
	$W_B$	3.31	15.92		$W_B$	-1.23	11.42
	$W_R$	-13.14	16.02		$W_R$	0.94	16.40
	$W_T$	-2.32	15.25		$W_T$	0.76	6.74
通用模型 <i>Universal model</i>	$W_L$	4.78	18.95				
	$W_B$	2.53	14.64				
	$W_R$	-3.03	26.15				
	$W_T$	0.02	16.11				

### 3 结论与讨论

基于林下灌木在森林生态系统中的重要地位,建立灌木生物量估算模型,对准确估测森林生态系统生物量有重要作用,本研究以查湾自然保护区林下 4 种常见灌木老鼠矢、朱砂根、乌药和香桂为建模对象,每个灌木树种各采集约 50 个样本,对灌木的

各器官及全株生物量模型进行了研究。

森林生态系统中,灌木主要生活在林下层,种间与种内竞争激烈,树高生长普遍受到抑制,被迫横向延伸以增大冠幅来增加光合面积,通过形态上的改变以获得更多生长所需要的阳光、水分以及营养,因而灌木形态对其生物量模型参数的选择影响明显。有学者<sup>[16,21]</sup>研究指出,对于植株较大且主干明显的

灌木树种,用地径和树高可较为精确地预测其生物量。李晓娜等<sup>[22]</sup>研究东北次生林林下植被生物量发现,估测多分枝矮灌木生物量需要考虑冠幅、植冠体积等因子。本研究通过相关性分析发现,自变量  $D$ 、 $H$ 、 $D^2H$ 、 $CH$ 、 $A_c$ 、 $V_c$  均与各器官及全株生物量(因变量)显著相关,其中,复合变量  $D^2H$ 、 $CH$ 、 $A_c$  和  $V_c$  与因变量之间的相关性较  $D$ 、 $H$  大,因此被选作 4 种灌木各器官及全株生物量模型的自变量,各自变量间多重共线性检验结果显示,4 个自变量之间存在严重的共线性,通过逐步回归进行生物量模型拟合,结果表明,除老鼠矢叶的生物量模型外,其余生物量模型的自变量均为  $D^2H$  和  $CH$ ,这与国内外许多学者的研究结果<sup>[21,23-24]</sup>一致,说明以  $D^2H$ 、 $CH$  作为自变量的模型来估测灌木生物量效果较好。

本研究利用 5 个生物量方程对 4 种灌木各器官及全株生物量进行模拟,结果显示,单一灌木器官及全株多以方程(1)、(5)建模估测其生物量精度较高,拟合优度( $R^2$  或 FI)均超过 0.800,回归方程参数均达到极显著水平( $P < 0.01$ )。同一灌木树种不同器官间的生物量模型存在差异,模型的拟合优度也不同,基本表现为全株  $>$  枝  $>$  叶  $>$  根。范春楠等<sup>[25]</sup>研究长白山林下植被生物量模型发现,回归方程  $R^2$  值大小依次为全株  $>$  枝  $>$  根  $>$  叶,与本研究有一定差异,这主要是所研究的物种及选用的模型不同所致。赵蓓等<sup>[26]</sup>在研究江西大岗山林下植被生物量模型时建立的朱砂根各器官及全株生物量模型均为  $W = a + bx + cX^2$ ,与本研究所拟合的生物量方程存在差异,说明不同区域、不同生长环境对灌木生物量模型的拟合影响也较大<sup>[27]</sup>。本研究中不同灌木树种相同器官间生物量模型也略有不同,以根为例,老鼠矢、朱砂根和乌药的生物量模型为幂函数方程(1),而香桂的生物量模型为二项式方程(5),说明不同树种间生物学特性的差异会影响各器官及全株生物量模型的选择,这与 Zeng 等<sup>[28]</sup>得到的结论一致。

本研究对 4 种灌木生物量通用模型的普适性研究发现,叶、枝及根的生物量最优通用模型为  $W = a + bX + cX^2$ , $R^2$  值为 0.876~0.982, $F$  检验显示回归方程极显著相关( $P < 0.01$ ),全株的最优通用模型为  $W_T = 1.4232(D^2H)^{0.8324}$ , $FI = 0.960$ , $P < 0.01$ 。4 种灌木叶、枝、根及全株生物量的通用模型均具有较高的拟合优度( $R^2 > 0.85$ )和估测精度( $RS < 30\%$ , $RMA < 30\%$ ),故通用模型能替换单一生物量模型来估测 4 种灌木枝、叶、根及全株生物量。但

根系生物量通用模型的拟合优度和估测精度均低于枝、叶和全株的通用模型,这是因为不同物种的灌木根系生长状况存在一定的差异,乌药和香桂均存在一根多株的情况,不同株灌木根部生物量利用分孽处断开法获取的时候存在一定的误差,同时细根在生物量收获的时候存在缺损。因此,在建立通用生物量模型时,一定要考虑各灌木树种间的生物学特性,且灌木收获时一定要确保植株完整。

本研究以 4 种常见林下灌木为对象,建立各器官及全株生物量模型,为亚热带地区林下灌木植被生物量和碳储量的研究提供了依据。林下植被的生长环境、立地条件对灌木生物量模型的精确度影响较大<sup>[29]</sup>。因此,在本研究区域外应用相对应的灌木生物量模型时,需要利用该地区的灌木数据进行检验,对于因变量取值超出本研究取值范围的也需要进行验证。影响灌木生物量的具体因素、不同生境下因变量的选取以及生物量通用模型拟合,都有待深入研究。

## [参考文献]

- [1] 冯宗炜,王效科,吴刚.中国森林生态系统的生物量和生产力[M].北京:科学出版社,1999.  
Feng Z W, Wang X K, Wu G. Biomass and productivity of the forest ecosystem in China [M]. Beijing: Science Press, 1999.
- [2] Sah J, Ross M, Koptur S, et al. Estimating aboveground biomass of broadleaved woody plants in the understory of Florida Keys pine forests [J]. Forest Ecology and Management, 2004, 203(1): 319-329.
- [3] 万五星,王效科,李东义,等.暖温带森林生态系统林下灌木生物量相对生长模型[J].生态学报,2014,34(23):6985-6992.  
Wan W X, Wang X K, Li D Y, et al. Biomass allometric models for understory shrubs of warm temperate forest ecosystem [J]. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(23): 6985-6992.
- [4] Kume A, Satomura T, Tsuboi N, et al. Effects of understory vegetation on the ecophysiological characteristics of an overstorey pine, *Pinus densiflora* [J]. Forest Ecology and Management, 2003, 176(1): 195-203.
- [5] Lieth H, Whittaker R. Primary productivity of the biosphere [M]. New York: Springer Verlag, 1975.
- [6] Catchpole W, Wheeler C. Estimating plant biomass: a review of techniques [J]. Austral Ecology, 1992, 17(2): 121-131.
- [7] 贺金生,胡东.长江三峡地区典型灌丛的生物量及其再生能力[J].植物生态学报,1997,21(6):512-520.  
He J S, Hu D. Studies on the biomass of typical shrubland and their regeneration capacity after cutting [J]. Acta Phytocologica Sinica, 1997, 21(6): 512-520.
- [8] Návra J, Méndez E, Nájera A, et al. Biomass equations for shrub species of *Tamaulipan thornscrub* of North-eastern Mexico [J]. Journal of Arid Environments, 2004, 59(4): 657-

- 674.
- [9] Haase R, Haase P. Above-ground biomass estimates for invasive trees and shrubs in the Pantanal of Mato Grosso, Brazil [J]. *Forest Ecology and Management*, 1995, 73(1): 29-35.
- [10] Mandal G, Joshi S P. Estimation of above-ground biomass and carbon stock of an invasive woody shrub in the subtropical deciduous forests of Doon Valley, western Himalaya, India [J]. *Journal of Forestry Research*, 2015, 26(2): 291-305.
- [11] Liu Z, Chen R, Song Y, et al. Estimation of aboveground biomass for alpine shrubs in the upper reaches of the Heihe River Basin, northwestern China [J]. *Environmental Earth Sciences*, 2014, 73(9): 5513-5521.
- [12] Paton D, Azocar P, Tovar J. Growth and productivity in forage biomass in relation to the age assessed by dendrochronology in the evergreen shrub *Cistus ladanifer* using different regression models [J]. *Journal of Arid Environments*, 1998, 38(2): 221-235.
- [13] 曾伟生, 白锦贤, 宋连城, 等. 内蒙古柠条和山杏单株生物量模型研建 [J]. *林业科学研究*, 2015, 28(3): 311-316.  
Zeng W S, Bai J X, Song L C, et al. Establishment of individual biomass equations for *Caragana korshinskii* and *Armeniaca sibirica* in Inner Mongolia [J]. *Forest Research*, 2015, 28(3): 311-316.
- [14] 蔡兆伟, 孙玉军, 刘凤娇. 长白落叶松林下灌木生物量模型研究 [J]. *河南农业科学*, 2013, 42(6): 126-129.  
Cai Z W, Sun Y J, Liu F J. Studies on biomass models of understory shrubs in *Larix olgensis* Herry, plantation [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2013, 42(6): 126-129.
- [15] 姚正阳, 刘建军. 西安市 4 种城市绿化灌木单株生物量估算模型 [J]. *应用生态学报*, 2014, 25(1): 111-116.  
Yao Z Y, Liu J J. Models for biomass estimation of four shrub species planted in urban area of Xi'an City, Northwest China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2014, 25(1): 111-116.
- [16] 黄劲松, 邸雪颖. 帽儿山地区 6 种灌木地上生物量估算模型 [J]. *东北林业大学学报*, 2011, 39(5): 54-57.  
Huang J S, Di X Y. Estimation model for biomass of typical shrubs in Maershan Area, Heilongjiang [J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 2011, 39(5): 54-57.
- [17] 曾伟生. 国内外灌木生物量模型研究综述 [J]. *世界林业研究*, 2015, 28(1): 31-36.  
Zeng W S. A review of studies of shrub biomass modeling [J]. *World Forestry Research*, 2015, 28(1): 31-36.
- [18] 何晓群, 刘文卿. *应用回归分析* [M]. 3 版. 北京: 中国人民大学出版社, 2001.  
He X Q, Liu W Q. *Applied regression analysis* [M]. 3rd ed. Beijing: China Remin University Press, 2011.
- [19] Mascaro J, Litton C, Hughes R, et al. Minimizing bias in biomass allometry: model selection and log-transformation of data [J]. *Biotropica*, 2011, 43(6): 649-653.
- [20] Crow T R, Schlaegel B E. A guide to using regression equations for estimating tree biomass [J]. *Northern Journal of Applied Forestry*, 1988, 5(1): 15-22.
- [21] Paton D, Nuñez J, Bao D, et al. Forage biomass of 22 shrub species from Monfragüe Natural Park (SW Spain) assessed by log-log regression models [J]. *Journal of Arid Environments*, 2002, 52(2): 223-231.
- [22] 李晓娜, 国庆喜, 王兴昌, 等. 东北天然次生林下木树种生物量的相对生长 [J]. *林业科学*, 2010, 46(8): 22-32.  
Li X N, Guo Q X, Wang X C, et al. Allometry of understory tree species in a natural secondary forest in Northeast China [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2010, 46(8): 22-32.
- [23] 杨 昆, 管东生. 森林林下植被生物量收获的样方选择和模型 [J]. *生态学报*, 2007, 27(2): 705-714.  
Yang K, Guan D S. Selection of gaining quadrat for harvesting the undergrowth vegetation and its biomass estimation modeling in forest [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(2): 705-714.
- [24] 王 蕾, 张 宏, 哈 斯, 等. 基于冠幅直径和植株高度的灌木地上生物量估测方法研究 [J]. *北京师范大学学报(自然科学版)*, 2004, 40(5): 700-704.  
Wang L, Zhang H, Ha S, et al. A study on the estimating method of shrub upper biomass based on the crown diameter and plant height [J]. *Journal of Beijing Normal University (Natural Science Edition)*, 2004, 40(5): 700-704.
- [25] 范春楠, 庞圣江, 郑金萍, 等. 长白山林区 14 种幼树生物量估测模型 [J]. *北京林业大学学报*, 2013, 35(2): 1-9.  
Fan C N, Pang S J, Zheng J P, et al. Biomass estimating models of saplings for 14 species in Changbaishan Mountains, northeastern China [J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2013, 35(2): 1-9.
- [26] 赵 蓓, 郭泉水, 牛树奎, 等. 大岗山林区几种常见灌木生物量估算与分析 [J]. *东北林业大学学报*, 2012, 40(9): 28-33.  
Zhao B, Guo Q S, Niu S K, et al. Estimation and analysis on biomass of several common shrubs in Dagang Mountain [J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 2012, 40(9): 28-33.
- [27] Lufafa A, Diedhiou I, Ndiaye N, et al. Allometric relationships and peak-season community biomass stocks of native shrubs in Senegal's Peanut Basin [J]. *Journal of Arid Environments*, 2009, 73(3): 260-266.
- [28] Zeng H, Liu Q, Feng Z, et al. Biomass equations for four shrub species in subtropical China [J]. *Journal of Forest Research*, 2009, 15(2): 83-90.
- [29] 李 银, 侯 琳, 陈军军, 等. 秦岭火地塘林区典型灌木生物量估算模型 [J]. *东北林业大学学报*, 2014, 42(2): 116-119.  
Li Y, Hou L, Chen J J, et al. Estimation models of typical shrub biomass in Huoditang forest region in Qinling Mountain [J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 2014, 42(2): 116-119.