

网络出版时间:2018-03-09 17:09

DOI:10.13207/j.cnki.jnwfufu.2018.07.002

网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20180309.1708.004.html>

云南松不同区域相容性生物量模型的构建

刘薇玮¹, 邓华锋¹, 黄国胜², 王雪军², 张璐²

(1 北京林业大学 林学院, 北京 100083; 2 国家林业局 调查规划设计院, 北京 100714)

[摘要] 【目的】探索云南松不同区域相容性生物量模型的构建方法, 为云南松生物量建模工作提供技术支撑。【方法】以四川、西藏和云南 150 株云南松地上生物量实测数据为基础, 选取基础生物量模型(一元、二元模型), 引入以地理区域为特征的哑变量模型, 建立不同省(自治区)云南松的地上总生物量及树干、干材、干皮、树冠、树枝和树叶各项生物量的通用模型; 然后采用非线性度量误差联立方程组法, 建立地上总生物量与各分项生物量的相容性生物量模型, 根据方程构成的不同, 该方法又分为比例总量直接控制及代数和控制 2 种方案; 对上述模型的拟合效果进行评价。【结果】基础模型中, 各项生物量的二元模型的拟合效果较一元模型明显提高。比例总量直接控制及代数和控制 2 种方案都能有效解决地上总生物量与各分项生物量间不相容的问题, 其中二元模型优于一元模型, 比例总量直接控制方案及代数和控制方案的拟合效果基本相当; 引入哑变量可以有效地将不同地域的生物量模型融为一体。【结论】引入哑变量可减少工作量、增强模型稳定性; 综合考虑模型精度和建模工作量, 建议采用非线性度量误差联立方程组代数和及控制方案构建相容性生物量模型。

[关键词] 云南松; 生物量模型; 相容性; 非线性度量误差联立方程组

[中图分类号] S718.55⁺6

[文献标志码] A

[文章编号] 1671-9387(2018)07-0007-08

Establishment of compatible biomass models for *Pinus yunnanensis* in different regions

LIU Weiyi¹, DENG Huafeng¹, HUANG Guosheng², WANG Xuejun², ZHANG Lu²

(1 College of Forestry, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China;

2 Academy of Forest Inventory and Planning, State Forestry Administration, Beijing 100714, China)

Abstract: 【Objective】 This study explored the method of constructing compatible biomass models for different regions to provide technical support for the biomass modeling of *Pinus yunnanensis*. 【Method】 Based on the measurement data of aboveground biomass of 150 *P. yunnanensis* trees in Sichuan, Xizang and Yunnan, the general models for total above ground biomass as well as stem, wood, bark, crown, branch and leaf biomasses for trees from different regions were established with basic biomass models (one or two predictor variables) and dummy variables characterized by geographic regions. Then, the compatible biomass models were built using the method of nonlinear simultaneous equations with measurement error. According to different equations, the method was divided into direct control under total tree biomass by proportions and sum control. At last, the fitting effect was evaluated and analyzed. 【Result】 In basic models, the fitting effect of models with two predictor variables was significantly higher than models with one predictor variable. Both the direct control under total tree biomass by proportions and sum control could efficiently

[收稿日期] 2017-05-05

[基金项目] 北京市教育委员会科学研究与科研基地建设项目(省部共建重点实验室); 国家林业公益性行业科研专项(201204510); 国家林业公益性行业科研专项重大项目(201504303)

[作者简介] 刘薇玮(1992—), 女(土家族), 湖北利川人, 硕士, 主要从事森林可持续经营研究。E-mail: 2439752348@qq.com

[通信作者] 邓华锋(1966—), 男, 湖南株洲人, 教授, 博士生导师, 主要从事森林可持续经营研究。

E-mail: denghuafeng@bjfu.edu.cn

ensure that the total biomass was equal to the summary of its components with high accuracy. The models with two predictor variables were better than models with one predictor variable and the direct control method was as effective as sum control method. The introduction of dummy variable could integrate different regional biomass models effectively. 【Conclusion】 Introducing dummy variable was helpful to reduce workload and enhance model stability. For balancing prediction accuracy and workload, it is suggested to adapt the nonlinear simultaneous equations with measurement error of sum control to build compatible biomass models.

Key words: *Pinus yunnanensis*; biomass model; compatibility; nonlinear simultaneous equations with measurement error

森林生物量是评价森林生态系统结构和功能的重要指标,随着森林生态系统与全球气候变化、陆地碳汇等过程的联系越来越紧密,世界各国对森林生物量的监测和评估也越来越重视^[1-4]。一般情况下,建立适合较大范围的通用性立木生物量模型针对的是总生物量、地上生物量和地下生物量,但在研究森林生产力和营养物质分布时,需要将总生物量进一步分解成干材、干皮、树枝和树叶等不同的组成部分^[5],而传统的生物量回归模型是独立拟合的,不能满足地上总生物量等于各分项生物量之和的要求,从而导致外业调查和数据统计结果不一致^[6]。因此,如何合理地构建森林地上生物量相容性模型一直备受重视。

目前,已有众多国内外学者对相容性生物量模型进行了大量研究。在国内,骆期邦等^[7]针对生物量总量与各分项生物量不相容的问题,提出了线性联立模型和非线性联合估计模型,并得出非线性联合估计模型优于线性联立模型;曾伟生等^[8]以马尾松为例进行了相容性生物量方程的研究,对比分析了比值函数下分级联合控制和总量直接控制 2 种方案;符利勇等^[9]利用比例平差和非线性联立方程组 2 种方法,建立了南方马尾松不同林分起源的相容性生物量模型。在国外使用较多的是 Parreso 提出的似然无关回归方法^[10],用该法来解决生物量方程的相容性问题。尽管目前生物量相容性模型已被广泛运用,但在构建模型时考虑地域因素的作用和影响的研究仍较少。但在实际中,同一树种在不同区域生物量可能有较大差别^[8],因此在保证不同地域对森林生物量模型的影响和大范围内森林生物量估计值可靠性的前提下,分地理区域合并建模是值得研究的问题^[11]。为此,本研究以四川、西藏和云南 150 株云南松地上生物量实测数据为基础,在引入哑变量^[12-14]的前提下,利用非线性度量误差联立方程组法,采用比例总量直接控制及代数和控制 2 种

方案构建方程,研究不同区域云南松地上总生物量与树干、干皮、树枝和树叶等各分项生物量相容的生物量通用模型,以期为云南松生物量建模和监测工作提供技术支撑。

1 材料与方法

1.1 数据来源

本研究所用数据来源于全国第八次森林资源清查生物量调查项目,共 150 株样木,采集地点为四川、西藏、云南 3 个省(自治区)。为了保证样本在大尺度范围内具有广泛的代表性,样本单元数的选取大致按各省资源量分配,即四川 20 株,西藏 50 株,云南 80 株,各径阶的样本数尽量均匀分布。所有样木均实测胸径、地径和冠幅,将样木伐倒后测量树高和冠长,分干材、干皮、树枝和树叶称鲜质量,并分别抽取样品带回实验室,在 85 ℃ 恒温下烘干至质量稳定,统计得到样木各部分干质量数据并汇总推算得到地上部分干质量。样木基本情况见表 1。

1.2 基础模型

近年来,国内外很多学者对生物量模型做了大量研究,并得到多种经验模型^[15-18]。目前大部分生物量模型都是以胸径、树高、冠幅、年龄等为解释变量,前人的研究结果表明,随着解释变量个数的增加,模型的预估精度也随之提高,但只有一元到二元的变化对模型效果的提升最明显,而且在实际应用中,林木冠幅和年龄的测定繁琐复杂^[19],因此在前人研究的基础上,本研究主要探讨地上生物量与胸径、树高之间的回归关系^[20-21],所对应的一元、二元生物量模型表达式如下:

$$W_i = f_i(x) = aD^b. \quad (1)$$

$$W_i = f_i(x) = aD^b H^c. \quad (2)$$

式中: W_i ($i=0,1,\dots,6$) 分别为地上总生物量及树干、干材、干皮、树冠、树枝和树叶生物量, D 为胸径, H 为树高, a 、 b 、 c 为待估参数。

表 1 云南松生物量建模样本基本情况

Table 1 Basic information of *Pinus yunnanensis* samples used for biomass modeling

地域 Region	株数 Number	项目 Item	胸径/cm DBH	树高/m Tree height	冠幅/m CW	地上 生物量/kg AG	树干/kg Stem	干材/kg Wood	干皮/kg Bark	树冠/kg Crown	树枝/kg Branch	树叶/kg Leaf
四川 Sichuan	20	最小值 Min	2.10	2.00	0.90	0.69	0.38	0.23	0.15	0.28	0.12	0.10
		最大值 Max	42.90	15.70	7.34	658.77	454.55	401.66	52.89	204.22	170.39	53.94
		平均 Mean	17.09	9.67	3.40	138.35	90.88	78.45	12.43	47.47	36.78	10.70
		标准差 <i>SD</i>	12.86	5.04	2.19	184.70	124.98	109.52	15.89	62.60	50.65	14.02
西藏 Xizang	50	最小值 Min	1.80	2.00	1.10	0.31	0.21	0.14	0.06	0.10	0.02	0.03
		最大值 Max	46.70	33.30	10.56	850.22	698.89	632.36	66.53	185.32	141.89	64.80
		平均 Mean	16.73	11.32	4.20	140.57	104.57	91.54	13.03	36.00	25.85	10.15
		标准差 <i>SD</i>	12.62	7.40	2.54	208.30	159.12	141.69	17.86	53.97	39.58	15.55
云南 Yunnan	80	最小值 Min	1.90	1.80	0.75	0.40	0.29	0.19	0.10	0.07	0.03	0.04
		最大值 Max	47.10	29.01	12.59	900.59	763.84	697.49	66.35	212.36	189.60	39.76
		平均 Mean	16.67	10.69	4.71	146.74	109.05	98.08	10.97	37.69	30.41	7.29
		标准差 <i>SD</i>	12.28	6.99	2.86	203.91	163.76	149.29	14.80	48.36	40.18	8.88

1.3 哑变量模型

哑变量的定义为:对于等级性(定性)数据 x ,用变量 $\delta(x,i)$ 表示成:

$$\delta(x,i)=\begin{cases} 1, & \text{当 } x \text{ 取第 } i \text{ 等级时;} \\ 0, & \text{否则。} \end{cases}$$

这种方法叫做定性因子(0,1)化展开,因此称变量 $\delta(x,i)$ 为哑变量。一个定性变量(m 个等级)对应一个向量 $\delta(x^0,)=(\delta(x,1),\cdots,\delta(x,m))$,这样就可将定性变量转换为数值向量进行处理^[22]。本研究引入以地理区域为特性的哑变量,构建四川、云南和西藏 3 个区域的云南松通用性生物量模型,所建模型具体如下:

$$W_i=f_i(x)=(a_i+a_{1i}S_1+a_{2i}S_2)D^{(b_i+b_{1i}S_1+b_{2i}S_2)}。 \tag{3}$$

$$W_i=f_i(x)=(a_i+a_{1i}S_1+a_{2i}S_2)D^{(b_i+b_{1i}S_1+b_{2i}S_2)}H^{(c_i+c_{1i}S_1+c_{2i}S_2)}。 \tag{4}$$

式中: $S_1=1$ 、 $S_2=0$ 时为四川省, $S_1=0$ 、 $S_2=1$ 时为云南省, $S_1=0$ 、 $S_2=0$ 时为西藏自治区; a_i 、 b_i 、 c_i 为待估参数, a_{1i} 、 a_{2i} 、 b_{1i} 、 b_{2i} 、 c_{1i} 、 c_{2i} 为哑变量 S_1 、 S_2 的特定参数。

1.4 相容性生物量模型

传统的独立回归模型是在不考虑相容性的情况下得到的最优估计,但是考虑相容性以后可能就不再是最优估计了,为此唐守正等^[23]提出了非线性模型联合估计方法,即多元非线性误差变量联立方程组法,其向量形式为^[22]:

$$\begin{cases} f(y_i,x_i,c)=0; \\ Y_i=y_i+e_i,i=1,2,\cdots,n; \\ E(e_i)=0,\text{cov}(e_i)=\sigma^2\varphi。 \end{cases} \tag{5}$$

式中: f 是 m 维向量函数; y_i 是 p 维误差变量的观测数据; x_i 是 q 维无误差变量的观测数据; Y_i 是 y_i 的未知真值; c 是参数; e_i 是度量误差; $E(e_i)$ 是 e_i 的期望; $\text{cov}(e_i)=\sigma^2\varphi$ 为误差的协方差矩阵,其中 φ 是 e_i 的误差结构矩阵, σ^2 为估计误差。

目前已有很多学者在此基础上又做了许多相关研究^[24-25],但方程结构都比较复杂。本研究在前人研究基础上,尝试直接用比例总量直接控制及代数和控制 2 种结构相对简单的方案,采用非线性度量误差模型方法构建各分项生物量方程系统。

1.4.1 比例总量直接控制 比例总量直接控制法,即将地上生物量直接按比例分配给干材、干皮、树枝和树叶,从而保证各分项生物量之和等于地上生物量总量^[20]。具体计算公式如下:

$$\begin{cases} W_2=\frac{f_2(x)}{f_2(x)+f_3(x)+f_5(x)+f_6(x)}\times\hat{W}_0+\epsilon_2, \\ W_3=\frac{f_3(x)}{f_2(x)+f_3(x)+f_5(x)+f_6(x)}\times\hat{W}_0+\epsilon_3, \\ W_5=\frac{f_5(x)}{f_2(x)+f_3(x)+f_5(x)+f_6(x)}\times\hat{W}_0+\epsilon_5, \\ W_6=\frac{f_6(x)}{f_2(x)+f_3(x)+f_5(x)+f_6(x)}\times\hat{W}_0+\epsilon_6。 \end{cases} \tag{6}$$

式中: W_2 、 W_3 、 W_5 、 W_6 分别表示干材生物量、干皮生

物量、树枝生物量和树叶生物量; $\hat{W}_0$ 为地上总生物量估计值,由传统的独立回归模型计算得到; $f_2(x)$ 、 $f_3(x)$ 、 $f_5(x)$ 、 $f_6(x)$ 为式(3)和式(4)对应的表达式; ϵ_2 、 ϵ_3 、 ϵ_5 、 ϵ_6 为误差项。

1.4.2 代数和限制条件 直接用各分项生物量传统回归模型及代数和限制条件来构建非线性联立方程组,既保证了参数的最优估计,又保证了地上总生物量等于各分项生物量之和。具体计算公式如下:

$$\begin{cases} W_2=f_2(x)+\epsilon_2, \\ W_3=f_3(x)+\epsilon_3, \\ W_5=f_5(x)+\epsilon_5, \\ W_6=f_6(x)+\epsilon_6, \\ W_0=f_2(x)+f_3(x)+f_5(x)+f_6(x)+\epsilon_0. \end{cases} \quad (7)$$

式中: W_0 为地上总生物量, ϵ_0 为误差项。

1.5 异方差

由于生物量数据普遍存在着异方差性,在独立拟合和利用度量误差联立方程组法拟合时均需要消除异方差,常用的方法是采用对数回归或加权回归^[26-28]。由于受方程形式限制无法采用对数回归方法消除异方差,因此本研究结合前人研究,对不同的权函数进行对比分析,最终确定独立拟合的残差平方关于胸径的一元回归模型来做权函数,即在进行参数求解时,每个方程的两侧分别乘以权重变量 $g(x)$ 。

$$g(x)=1/g(D)。$$

式中: D 为胸径。

1.6 模型评价

为了对不同方法所建立的模型进行比较分析,

表 2 云南松各项生物量模型的权函数

Table 2 Weight functions for each biomass model of *Pinus yunnanensis*

项目 Item	常规模型权函数 Weight function of conventional models		哑变量模型权函数 Weight function of dummy variable models	
	一元 One variable	二元 Two variables	一元 One variable	二元 Two variables
W_0	$D^{1.783\ 6}$	$D^{1.802\ 9}$	$D^{1.910\ 3}$	$D^{1.817\ 8}$
W_1	$D^{2.373\ 2}$	$D^{2.080\ 9}$	$D^{2.192\ 5}$	$D^{1.712\ 2}$
W_2	$D^{2.094\ 0}$	$D^{1.978\ 4}$	$D^{2.243\ 2}$	$D^{1.945\ 9}$
W_3	$D^{2.087\ 4}$	$D^{1.928\ 9}$	$D^{1.977\ 9}$	$D^{1.896\ 9}$
W_4	$D^{1.442\ 5}$	$D^{1.301\ 6}$	$D^{1.395\ 3}$	$D^{1.401\ 8}$
W_5	$D^{1.407\ 3}$	$D^{1.293\ 5}$	$D^{1.441\ 7}$	$D^{1.519\ 4}$
W_6	$D^{1.573\ 7}$	$D^{1.361\ 3}$	$D^{1.371\ 0}$	$D^{1.405\ 6}$

注: W_0 . 地上总生物量; W_1 . 树干生物量; W_2 . 干材生物量; W_3 . 干皮生物量; W_4 . 树冠生物量; W_5 . 树枝生物量; W_6 . 树叶生物量; D . 胸径。
下同。

Notes: W_0 . Above-ground biomass; W_1 . Stem biomass; W_2 . Wood biomass; W_3 . Bark biomass; W_4 . Crown biomass; W_5 . Branch biomass;
 W_6 . Leaf biomass; D . Diameter. The same below.

由表 3 可知,云南松地上总生物量的常规模型和考虑地域因素的哑变量模型的拟合效果均较好,

本研究采用 R^2 (确定系数)、 TRE (总相对误差)、 SEE (估计值的标准误差)、 MPE (平均预估误差) 和 AIC (信息量准则) 5 项统计指标^[29],同时将所构建模型与其相对应的基础模型进行比较。其计算公式为:

$$R^2=1-\frac{\sum_{i=1}^n(W_i-\hat{W}_i)^2}{\sum_{i=1}^n(W_i-\bar{W})^2}, \quad (8)$$

$$TRE=\frac{\sum_{i=1}^n(W_i-\hat{W}_i)}{\sum_{i=1}^n\hat{W}_i}\times 100\%, \quad (9)$$

$$SEE=\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n(W_i-\hat{W}_i)^2}{(n-p)}}, \quad (10)$$

$$MPE=t_\alpha(SEE/\bar{W})/\sqrt{n}\times 100\%, \quad (11)$$

$$AIC=2p+n\ln(RSS/n)。 \quad (12)$$

式中: W_i 、 $\hat{W}_i$ 分别为第 i 株样木的地上生物量实测值和估计值, $\bar{W}$ 为全部样木生物量实测值的平均值, n 为样木总数, p 为参数个数, RSS 为残差平方和, t_α 为自由度 $n-p$ 、置信水平 $\alpha=0.05$ 时的 t 分布值。

1.7 数据分析

本研究所有数据分析均在 Forstat 和 Excel 上完成。

2 结果与分析

2.1 云南松生物量基础模型

150 株云南松地上总生物量和各分项生物量的权函数见表 2,对云南松生物量样本一元、二元常规模型和哑变量模型(即模型(1)~(4))进行加权回归拟合,并计算各模型的评价指标,结果见表 3。

R^2 值在 0.92 左右;地上各分项生物量中除树叶生物量以外,其余各项的 R^2 值也多在 0.80 以上。通过对一元、二元模型的对比分析可知,自变量个数增加后,各分项生物量模型的 R^2 值明显提高,平均预估误差(MPE)降低(例如干材生物量常规模型的 MPE 从9.04%降到了 5.51%),且其他几个评价指标也相应优化。对常规生物量模型和考虑地域因素的哑变量生物量模型的对比分析可知,引入哑变量

后各项生物量模型的 AIC 值明显降低,且 R^2 值均相应提高,其中树叶生物量模型的 R^2 值提升最为明显,如二元模型由 0.663 6 提高到 0.723 9。从表 3 还可以看出,各项生物量的一元模型引入哑变量后, R^2 的提高幅度大于二元模型引入哑变量后,这说明不同地理区域之间的一元模型差异较大而二元模型差异较小,即二元模型的地域通用性要优于一元模型。

表 3 云南松常规模型与哑变量模型的评价结果

Table 3 Evaluation of conventional models and dummy variable models of *Pinus yunnanensis*

	项目 Item	常规模型 Conventional models					哑变量模型 Dummy variable models				
		R^2	SEE	TRE/%	MPE/%	AIC	R^2	SEE	TRE/%	MPE/%	AIC
W_0	一元 One variable	0.917 8	58.01	−0.51	6.52	1 220	0.920 7	57.79	−0.70	6.50	1 201
	二元 Two variables	0.946 1	47.13	−0.49	5.30	1 156	0.947 9	47.33	−0.57	5.32	1 147
W_1	一元 One variable	0.874 9	55.63	1.38	8.54	1 208	0.887 0	53.59	0.04	8.23	1 191
	二元 Two variables	0.952 9	34.27	0.12	5.23	1 063	0.956 1	33.76	−0.12	5.18	1 058
W_2	一元 One variable	0.864 4	52.24	−1.04	9.04	1 189	0.880 5	49.72	−1.03	8.60	1 142
	二元 Two variables	0.949 9	31.86	−0.44	5.51	1 041	0.953 8	31.24	−0.38	5.41	1 028
W_3	一元 One variable	0.877 2	5.60	4.78	7.63	519	0.887 2	5.45	3.05	7.42	509
	二元 Two variables	0.912 4	4.75	0.03	6.47	470	0.920 7	4.61	0.02	6.28	463
W_4	一元 One variable	0.811 5	22.68	−0.50	9.52	941	0.819 4	22.51	−0.60	9.45	930
	二元 Two variables	0.842 9	20.77	−0.29	8.72	920	0.843 7	21.16	−0.59	8.89	913
W_5	一元 One variable	0.805 0	18.32	−0.36	9.94	874	0.817 0	17.99	−0.62	9.77	865
	二元 Two variables	0.836 6	16.83	−0.25	9.13	862	0.837 5	17.14	−0.95	9.30	856
W_6	一元 One variable	0.642 1	7.32	−0.86	13.58	599	0.693 0	6.87	−1.35	12.76	584
	二元 Two variables	0.663 6	7.12	−0.30	13.21	592	0.723 9	6.59	−0.88	12.23	574

2.2 云南松相容性生物量模型

在 2.1 节研究的基础上,利用一元、二元哑变量模型建立云南松地上总生物量与各分项生物量的非线性度量误差联立方程组,这样既能保证模型之间的相容性,也能减少外业测量带来的误差。各评价指标统计结果见表 4。从表 4 可以看出,比例总量直接控制及代数和控制这 2 种方案,均满足地上总生物量及树干、干材和干皮生物量预估效果最好,树枝和树冠生物量次之,树叶生物量预估效果最差的结论。一元模型中,树冠和树枝的代数和和控制拟合效果略优于比例总量直接控制,而树干、干材、干皮和树叶生物量模型均为比例总量直接控制效果更佳,但这 2 种方案之间的差异均不是很明显,其中效果差异较为明显的只有树叶生物量,其比例总量直

接控制方案的 R^2 值为 0.694 9,大于代数和和控制方案的 R^2 值 0.641 4。而二元模型的比例总量直接控制方案除树枝外,其他几项的 R^2 、TRE 等评价指标稍优于代数和和控制方案,如干皮生物量比例总量直接控制方案的 R^2 ,仅比代数和和控制方案的 R^2 大 0.010 5。综合总体来看,比例总量直接控制及代数和和控制 2 种方案对云南松相容性生物量模型的拟合效果相差不大。另外对比一元模型和二元模型可知,二元模型中各项生物量模型的 R^2 都在 0.831 0 以上(树叶生物量除外),平均预估误差都在 10%以内,比一元模型拟合预估效果更好。

综上所述,比例总量直接控制及代数和和控制 2 种方案对云南松相容性生物量模型的拟合效果基本相当,在模型表达式方面两者也各有优劣,比例总量

直接控制方案的总量模型简单、分量模型复杂,而代数和和方案的分量模型简单、总量模型复杂;从建模总工作量来看,代数和和控制方案更优。一元模型和二元模型也如此,各有其优缺点。因此认为非线性度量误差法一元、二元代数和和控制方案所建模型均有实用价值,其模型中各参数值如表 5 所示。表

表 4 云南松非线性度量误差联立方程组法模型拟合效果的评价

Table 4 Evaluation of models with nonlinear simultaneous equations for *Pinus yunnanensis*

项目 Item		比例总量直接控制 Controlling directly by proportion functions					代数和和控制 Controlling by the sum of equations				
		R^2	SEE	$TRE/\%$	$MPE/\%$	AIC	R^2	SEE	$TRE/\%$	$MPE/\%$	AIC
一元模型 Models with one variable	W_0	0.920 7	57.79	-0.70	6.50	1 201	0.916 3	59.72	-0.69	6.63	1 207
	W_1	0.886 8	54.16	-0.59	8.33	1 198	0.880 6	54.30	0.01	8.57	1 200
	W_2	0.882 0	54.16	-1.13	8.65	1 116	0.878 3	55.31	0.06	8.78	1 119
	W_3	0.884 9	5.56	3.86	7.58	510	0.882 9	5.66	-0.42	7.61	517
	W_4	0.815 5	22.99	-1.00	9.80	947	0.823 4	21.84	-3.00	9.17	942
	W_5	0.815 6	18.25	-1.01	10.08	879	0.824 1	17.32	-2.78	9.40	872
	W_6	0.694 9	6.92	0.97	12.90	584	0.641 4	7.40	-3.41	13.74	594
二元模型 Models with two variables	W_0	0.947 9	47.33	-0.57	5.32	1 147	0.946 1	47.44	0.33	5.38	1 150
	W_1	0.952 8	32.01	0.04	5.08	1 103	0.949 5	32.83	1.43	5.14	1 112
	W_2	0.951 9	32.02	-0.30	5.31	1 065	0.948 0	32.83	1.13	5.16	1 069
	W_3	0.916 7	4.61	1.76	6.20	490	0.906 2	4.74	3.82	6.46	496
	W_4	0.838 1	20.86	-1.19	8.18	912	0.831 0	21.34	-2.54	8.96	913
	W_5	0.839 2	16.37	-1.27	8.83	865	0.838 9	16.52	-1.44	8.81	862
	W_6	0.719 4	6.18	-1.26	9.68	573	0.704 8	6.70	-1.74	9.95	579

表 5 云南松非线性度量误差法一元与二元代数和和控制方案所建模型的参数估计值

Table 5 Parameter estimation of *Pinus yunnanensis* models of nonlinear simultaneous methods with one and two predictor variables by sum control

项目 Item		a_i	a_{1i}	a_{2i}	b_i	b_{1i}	b_{2i}	c_i	c_{1i}	c_{2i}
一元模型 Models with one variable	W_2	0.054 79	0.057 82	-0.024 61	2.398 26	-0.268 18	0.194 13	—	—	—
	W_3	0.022 89	0.054 23	-0.068 20	2.081 02	-0.381 47	0.057 67	—	—	—
	W_5	0.038 47	0.032 93	0.107 32	2.138 72	-0.086 41	-0.347 47	—	—	—
	W_6	0.019 99	0.331 13	0.053 71	2.053 53	-0.848 79	-0.498 23	—	—	—
二元模型 Models with two variables	W_2	0.018 20	-0.018 19	0.026 97	1.885 83	-0.415 03	-0.306 51	0.978 25	3.189 61	0.086 88
	W_3	0.003 10	-0.003 09	0.026 07	1.841 02	-0.601 72	-0.785 74	0.945 77	3.060 36	0.127 21
	W_5	0.182 34	-0.130 29	-0.084 00	2.354 91	-0.681 07	0.201 24	-0.784 18	1.390 30	-0.026 57
	W_6	0.282 23	-0.221 45	1.343 91	2.498 64	-0.825 56	-0.396 06	-1.451 93	1.441 27	-0.399 95

3 讨论与结论

本研究以来自四川、西藏和云南的 150 株云南松地上生物量实测数据为例,引入以不同地理区域为特征的哑变量,建立了一元、二元回归生物量模型,并对云南松不同区域地上总生物量与各分项生物量的相容性生物量通用模型进行了研究,得出以下结论:

1)从一元模型到二元模型的变化,地上总生物量和各分项生物量模型的各项评价指标与拟合预估效果均有明显优化。但随着自变量个数的增加,建模工作量也会相应增大,而且在进行林业外业调查时,冠幅的测定耗时费力,并且测定结果易受林分结

5 中参数 a_{1i} 与 a_{2i} 、 b_{1i} 与 b_{2i} 、 c_{1i} 与 c_{2i} ,即哑变量作用在固定参数上的特定参数明显不相等,与本研究基础模型的研究结果一致,这进一步说明不同地域云南松生物量之间存在差异。因此,在建立适合较大范围的通用性立木生物量模型时引入哑变量,考虑地域对模型的影响具有现实意义。

构、地形地势等不确定因素的影响而存在较大误差^[9],所以一元、二元模型各有利弊,在实际应用时可根据要求自行选择简单适用的生物量模型。

2)四川、西藏和云南三地由于海拔、经纬度等的差异,导致温度、湿度、气温年较差等气候条件存在差异,而气候条件又是影响云南松生长和地理分布的主要因素^[30]。本研究为构建这 3 个区域的云南松相容性生物量通用模型,引入了以地理区域为特征的哑变量,考虑了其对各分项生物量模型中参数的影响。以模型(7)的二元代数和和控制方案为例,通过分析 a_i 、 a_{1i} 与 a_{2i} 、 b_i 、 b_{1i} 与 b_{2i} 、 c_i 、 c_{1i} 与 c_{2i} 的差异可知,不同区域对云南松生物量有影响,这与戴开结等^[31]、皮文林等^[32]对云南松分布的研究结果一致。

由此可知,这种构建哑变量的方法不仅能够减少工作量,还能有效地解决不同区域生物量模型相容性的问题。另外,本研究只探讨了 3 个不同地域的相容性生物量通用模型,对于多个地域,也可用类似的方法分析多地域对生物量模型的影响,从而建立通用模型。

3)通过比较分析可知,本研究所建立的相容性生物量模型中,比例总量直接控制方案及代数和和控制方案的拟合效果相差不大,但在考虑建模总工作量的情况下,代数和和控制方案更优,其二元模型的确系数数均在 0.831 0 以上(树叶生物量除外),最高达 0.949 5,地上总生物量的平均预估误差为 5%左右,其余各分项的平均预估误差均在 10%以内,满足立木生物量的建模要求。本研究只探讨了不同区域的生物量模型建立,在后续研究中可同时考虑区域和树种,利用混合模型的方法建立适用于更大范围不同树种的相容性生物量通用型模型。

[参考文献]

- [1] Wei C L, Rowe G T, Escobar B E, et al. Global patterns and predictions of seafloor biomass using random forests [J]. PLoS One, 2010, 12(5): 354-369.
- [2] Tatarinov F A, Cienciala E, Vopenka P. Effect of climate change and nitrogen deposition on central-European forests: regional-scale simulation for South Bohemia [J]. Forest Ecology and Management, 2011, 262(10): 1919-1927.
- [3] Mugasha W A, Eid T. Allometric models for prediction of above- and belowground biomass of trees in the miombo woodlands of Tanzania [J]. Forest Ecology and Management, 2013, 310(5): 87-101.
- [4] Ene L T, Naesset E, Gobakken T. Large-scale estimation of aboveground biomass in miombo woodlands using airborne laser scanning and national forest inventory data [J]. Remote Sensing of Environment, 2016, 186(10): 626-636.
- [5] Waring R H, Runing S W. Forest ecosystems: analysis at multiple scales [M]. 2nd ed. San Diego, Calif: Academic Press, 1998.
- [6] 胥 辉. 立木生物量模型的构建及估计方法的研究 [D]. 北京: 北京林业大学, 1998.
Xu H. Studies on standing tree biomass models and corresponding parameter estimation [D]. Beijing: Beijing Forestry University, 1998.
- [7] 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.
Luo Q B, Zeng W S, He D B, et al. Establishment and application of compatible tree above-ground biomass models [J]. Journal of Natural Resources, 1999, 14(3): 271-277.
- [8] 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.
- [9] 符利勇, 雷渊才, 孙 伟, 等. 不同林分起源的相容性生物量模型构建 [J]. 生态学报, 2014, 34(6): 1461-1470.
Fu L Y, Lei Y C, Sun W, et al. Development of compatible biomass models for trees from different stand origin [J]. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(6): 1461-1470.
- [10] Parreso I B R. Additivity of nonlinear biomass equations [J]. Can J For Res, 2001, 31: 865-878.
- [11] 符利勇, 曾伟生, 唐守正. 利用混合模型分析地域对国内马尾松生物量的影响 [J]. 生态学报, 2011, 31(19): 5797-5808.
Fu L Y, Zeng W S, Tang S Z. Analysis the effect of region impacting on the biomass of domestic Masson pine using mixed model [J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(19): 5797-5808.
- [12] 李丽霞, 郜艳晖, 张 瑛. 哑变量在统计分析中的应用 [J]. 数理医药学杂志, 2006(1): 51-53.
Li L X, Gao Y H, Zhang Y. The application of dummy variable in statistics analysis [J]. Journal of Mathematical Medicine, 2006(1): 51-53.
- [13] 郑冬梅, 曾伟生. 用哑变量方法构建东北落叶松和栎类分段地上生物量模型 [J]. 北京林业大学学报, 2013(6): 23-27.
Zheng D M, Zeng W S. Using dummy variable approach to construct segmented aboveground biomass models for larch and oak in northeastern China [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2013(6): 23-27.
- [14] 曾 鸣, 聂祥永, 曾伟生. 中国杉木相容性立木材积和地上生物量方程 [J]. 林业科学, 2013, 49(10): 74-79.
Zeng M, Nie X Y, Zeng W S. Compatible tree volume and aboveground biomass equations of Chinese fir in China [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2013, 49(10): 74-79.
- [15] Parresol B R. Additivity of nonlinear biomass equations [J]. Canadian Journal of Forest Research, 2001, 31(5): 865-878.
- [16] Zhang Y J, Borders B E. Using a system mixed-effects modeling method to estimate tree compartment biomass for intensively managed loblolly pines an allometric approach [J]. Forest Ecology and Management, 2004, 194(1/2/3): 145-157.
- [17] Bi H, Turner J, Lambert M J. Additive biomass equations for native eucalypt forest trees of temperate in Australia [J]. Trees, 2004, 18(4): 467-479.
- [18] Fehrman L, Lehtonen A, Kleinn C, et al. Comparison of linear and mixed-effect regression models and a k-nearest neighbor approach for estimation of single-tree biomass [J]. Canadian Journal of Forest Research, 2008, 38(1): 1-9.
- [19] 吕常笑. 不同区域马尾松相容性生物量模型研究 [D]. 北京: 北京林业大学, 2016.
Lü C X. Research on the compatible biomass models of *Pinus massoniana* in different regions [D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2016.
- [20] 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 e-

- quations for national biomass estimation in China [D]. Beijing: Chinese Academy of Forestry, 2011.
- [21] Parresol B R. Assessing tree and stand biomass: a review with examples and critical comparisons [J]. Forest Science, 1999, 45(4): 573-593.
- [22] 唐守正, 郎奎建, 李海奎. 统计与生物数学模型计算教程 [M]. 北京: 科学出版社, 2009.
- Tang S Z, Lang K J, Li H K. Statistics and mathematical model calculation ForStat Course [M]. Beijing: Science Press, 2009.
- [23] 唐守正, 李 勇. 一种多元非线性度量误差模型的参数估计及算法 [J]. 生物数学学报, 1996, 11(1): 23-27.
- Tang S Z, Li Y. An algorithm for estimating multivariate nonlinear error-in-measure models [J]. Journal of Biomathematics, 1996, 11(1): 23-27.
- [24] 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): 42-55.
- 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): 42-55.
- [25] 蔡兆伟, 孙玉军, 施鹏程. 基于非线性度量误差的杉木相容性生物量模型 [J]. 东北林业大学学报, 2014, 42(9): 28-32.
- Cai Z W, Sun Y J, Shi P C. Compatible tree biomass models for Chinese Fir plantations based on nonlinear measurement error [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2014, 42(9): 28-32.
- [26] 曾伟生, 骆期邦, 贺东北. 论加权回归与建模 [J]. 林业科学, 1999, 35(5): 5-11.
- Zeng W S, Luo Q B, He D B. Research on weighting regression and modeling [J]. Scientia Silvae Sinicae, 1999, 35(5): 5-11.
- [27] 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.
- Zeng W S, Tang S Z. Bias correction in logarithmic regression and comparison with weighted regression for non-linear models [J]. Forest Research, 2011, 24(2): 137-143.
- [28] 曾伟生. 加权回归估计中不同权函数的对比分析 [J]. 林业资源管理, 2013, 10(5): 55-61.
- Zeng W S. Comparison of different weight functions in weighted regression [J]. Forest Resources Management, 2013, 10(5): 55-61.
- [29] 曾伟生, 唐守正. 立木生物量模型的优度评价和精度分析 [J]. 林业科学, 2011, 47(11): 106-113.
- Zeng W S, Tang S Z. Goodness evaluation and precision analysis of tree biomass equations [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2011, 47(11): 106-113.
- [30] 陈 飞, 王健敏, 孙宝刚, 等. 云南松的地理分布与气候关系 [J]. 林业科学研究, 2012, 25(2): 163-168.
- Chen F, Wang J M, Sun B G, et al. Relationship between geographical distribution of *Pinus yunnanensis* and climate [J]. Forest Research, 2012, 25(2): 163-168.
- [31] 戴开结, 何 方, 沈有信, 等. 云南松研究综述 [J]. 中南林学院学报, 2006, 26(2): 138-142.
- Dai K J, He F, Shen Y X, et al. Advances in the research on *Pinus yunnanensis* forest [J]. Journal of Central South Forestry University, 2006, 26(2): 138-142.
- [32] 皮文林, 罗方书, 万国华. 云南松生长的早晚期相关初探 [J]. 云南植物研究, 1994, 16(1): 90-92.
- Pi W L, Luo F S, Wan G H. The earlier-later period correlation of increment of *Pinus yunnanensis* [J]. Acta Botanica Yunnanica, 1994, 16(1): 90-92.

(上接第 6 页)

- [16] Chowdhury I, Tharakan B, Bhat G K. Caspases-an update [J]. Comp Biochem Physiol B Biochem Mol Biol, 2008, 151(1): 10-27.
- [17] Watt W, Koeplinger K A, Mildner A M, et al. The atomic-resolution structure of human caspase-8, a key activator of apoptosis [J]. Structure, 1999, 7(9): 1135-1143.
- [18] 胡彦武, 刘 凯, 闫梦彤. 淫羊藿苷对大鼠糖尿病心肌缺血再灌注损伤模型的治疗作用及机制研究 [J]. 中国中药杂志, 2015, 40(21): 4234-4239.
- Hu Y W, Liu K, Yan M T. Effect and mechanism of icariin on myocardial ischemia-reperfusion injury model in diabetes rats [J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2015, 40(21): 4234-4239.
- [19] Alvarez S, Drane P, Meiller A. A comprehensive study of *p53* transcriptional activity in thymus and spleen of gamma irradiated mouse; high sensitivity of genes involved in the two main apoptotic pathways [J]. International Journal of Radiation Biology, 2006, 82(11): 761-770.
- [20] Vanlandingham J W, Tassabehji N M, Somers R C, et al. Expression profiling of *p53*-target genes in copper-mediated neuronal apoptosis [J]. Neuromolecular Medicine, 2005, 7(4): 311-324.
- [21] Chatterjee P K. Hepatic inflammation and insulin resistance in Pre-diabetes-further evidence for the beneficial actions of PPAR-gamma agonists and a role for SOCS-3 modulation [J]. British Journal of Pharmacology, 2010, 160(8): 1889-1891.
- [22] Qin H, Wilson C A, Roberts K L, et al. IL-10 inhibits lipopolysaccharide-induced CD40 gene expression through induction of suppressor of cytokine signaling-3 [J]. J Immunol, 2006, 177(11): 7761-7771.