

# 新疆云杉一体化立木生物量模型系统研建

马克西<sup>1</sup>, 曾伟生<sup>2\*</sup>, 李智华<sup>1</sup>

(1. 国家林业局西北林业调查规划设计院, 陕西 西安 710048; 2. 国家林业局调查规划设计院, 北京 100714)

**摘要:** [目的] 研究建立地上生物量与地下生物量、立木材积之间相容, 以及地上生物量与各分量之间可加的一体化生物量模型系统, 为准确估计森林生物量提供定量依据。 [方法] 以新疆自治区的云杉 (*Picea* spp.) 为研究对象, 基于 230 株和 78 株样木的实测地上生物量、树干材积和地下生物量数据, 综合利用误差变量联立方程组方法和哑变量建模方法, 研究建立集地上生物量、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生物量模型系统, 并分析一元模型是否受地域的影响。 [结果] 所建云杉一元和二元一体化生物量模型系统, 地上生物量方程的平均预估误差在 7% 以下, 干、皮、枝、叶各分项生物量方程的平均预估误差在 10% 左右, 地下生物量方程的平均预估误差在 15% 以下, 均达到了相关技术规定的预估精度要求。除了干材和树皮生物量的估计效果不如二元模型外, 一元模型对其它各项生物量的估计均要优于二元模型。比例控制法和代数控制法均能解决地上生物量与干、皮、枝、叶各分项生物量之间的可加性问题, 且两种方法得出的模型预估结果无显著差异。 [结论] 将哑变量引入误差变量联立方程组, 不仅能解决地上生物量和地下生物量样本单元数不相等时如何联合建模的问题, 还能同时解决地上生物量与地下生物量和立木材积之间的相容性问题及地上生物量与各分量之间的可加性问题, 方法切实可行; 对地上生物量、地下生物量及立木材积的估计, 含区域因子的哑变量模型均要优于总体平均模型。

**关键词:** 地上生物量; 地下生物量; 联立方程组; 误差变量; 哑变量

中图分类号: S757

文献标识码: A

文章编号: 1001-1498(2018)06-0106-09

## Integrated Individual Tree Biomass Equation Systems for *Picea* spp. in Xinjiang

MA Ke-xi<sup>1</sup>, ZENG Wei-sheng<sup>2</sup>, LI Zhi-hua<sup>1</sup>

(1. North-Western Forest Inventory and Planning Institute, State Forestry Administration, Xi'an 710048, Shanxi, China;

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

**Abstract:** [Objective] The purpose of this study is to develop integrated individual tree biomass equation systems, in which above-ground biomass is compatible with below-ground biomass and stem volume, and stem, bark, branches and foliage biomass are additive to above-ground biomass, for providing a quantitative basis on accurate estimation of forest biomass. [Method] Based on the mensuration data of above- and below-ground biomass from 230 and 78 destructive sample trees of *Picea* spp. in Xinjiang, respectively, one- and two-variable integrated biomass systems with compatibility and additivity, including above- and below-ground biomass, component biomass, and stem volume, were developed using error-in-variable simultaneous equations approach and dummy variable modeling approach, and the impact of region on estimation of biomass and volume was analyzed. [Result] The mean prediction errors (MPEs) of above-ground biomass equations in the developed one- and two-variable integrated biomass systems for *Picea* spp. in Xinjiang were less than 7%, the MPEs of components biomass equations were about 10%, and the MPEs of below-ground biomass equations were less than 15%, which could meet the need of precision re-

收稿日期: 2018-03-10 修回日期: 2018-05-18

基金项目: 国家自然科学基金项目 (编号: 31570628)

作者简介: 马克西 (1963—), 男, 河南南阳人, 高级工程师, 主要从事森林资源调查监测工作。E-mail: ma83235078@126.com

\* 通讯作者: 曾伟生 (1966—), 教授级高工, 博士。E-mail: zengweisheng0928@126.com

quirements from relevant regulation. One-variable equations were better than two-variable equations for estimation of biomass except for stem and bark biomass. Both proportion control and algebraic control methods could ensure the compatibility between above-ground biomass and component biomass, and the difference between estimates of models from the two methods was not significant. [ **Conclusion** ] Integrating dummy variable into error-in-variable simultaneous equations is a practical approach, which can simultaneously develop a system even though the numbers of above- and below-ground biomass observations are very different, and ensure not only the compatibility between above- and below-ground biomass and stem volume, but also the additivity between above-ground biomass and component biomass. For estimation of above- and below-ground biomass, and stem volume, the dummy variable models are better than population average models.

**Keywords:** above-ground biomass; below-ground biomass; simultaneous equations; error-in-variable; dummy variable

生物量一般通过材积信息和生物量扩展因子进行估计,也可利用生物量模型进行估计<sup>[1]</sup>。从最新研究结果知,对生物量的估计,采用生物量模型法准确性最高,而林木水平的生物量模型其预精度要高于林分水平的模型<sup>[2]</sup>。根据国内外文献,目前所建林木水平的生物量方程已经涵盖了全球不同生态地理区域的主要树种<sup>[3-12]</sup>。从建模方法看,已经从原来拟合单个的独立的生物量方程逐渐发展成为构建相容的可加的生物量联立方程组<sup>[13-27]</sup>。但这些模型通常只是解决总量与分量的可加性问题<sup>[14-16,20,24-25]</sup>或生物量与材积的相容性问题<sup>[17,19,21]</sup>,同时解决相容性和可加性问题的文献很少<sup>[23,26]</sup>。此外,还有学者利用哑变量模型或混合模型方法,建立不同区域、不同起源的立木生物量模型<sup>[17,23,28-30]</sup>。

云杉(*Picea* spp.)是我国重要的针叶树种,广泛分布于东北、西北和西南诸省,其面积蓄积仅次于落叶松<sup>[31]</sup>。在新疆的森林蓄积中,落叶松林蓄积只占近1/4,而云杉林蓄积占了一半以上。本研究将利用采集自新疆自治区的云杉立木生物量样本数据,研建一体化立木生物量模型系统,主要研究目标包括:(1)利用误差变量联立方程组方法,同时解决地上生物量、地下生物量、立木材积与生物量转换因子和根茎比等因子之间的相容性问题,以及地上生物量与各分量之间的可加性问题;(2)利用哑变量模型方法,解决在地上生物量和地下生物量样本单元数不相等的情况下,如何建立一体化联立模型系统的问题,并分析按不同区域建立一元立木生物量模型是否能显著提高预估精度。

## 1 数据与方法

### 1.1 数据采集

本研究所用数据来自国家森林资源连续清查生物量调查建模项目组,包括230株样木的地上生物量和干、皮、枝、叶各个分量及立木材积实测数据,其

中78株样木还实测了地下生物量。按区域分,150株样木采集自阿尔泰山林区,80株样木采集自天山林区。采集的样本在新疆云杉分布区域内具有广泛的代表性。

全部样木株数按10个径阶(2、4、6、8、12、16、20、26、32 cm以及38 cm以上)均匀配置,每个径阶约23株样木,各个径阶的样木也要求尽可能均匀配置在不同的树高级。每一株样木伐前测量胸径和冠幅,伐后测量树高、冠长和年龄等因子。然后分上、中、下3段测量树干总鲜质量和3个圆盘鲜质量,并将树干从0、0.05、0.1、0.2、0.3、0.4、0.5、0.6、0.7、0.8和0.9相对树高处分成11段,根据测量的每段基部直径用Smalian公式计算树干材积,即每段材积等于大头和小头断面面积平均值乘以每段长度。再分上、中、下3层测量树枝总鲜质量,并从各层挑选样枝,根据针叶和无叶枝条的鲜质量比,推算整个样木树枝和树叶鲜质量,同时选取树枝和树叶样品称其鲜质量。从全部样木中选取约1/3(共78株)同时测量地上和地下生物量。根据样木大小,采用机械或人工方法将整个根系挖出,将根上的泥土清除干净后,分别树桩(根莖)、粗根(大于10 mm)和细根(2~10 mm,不包括2 mm以下须根)称其总鲜质量,并选取样品称质量。所有样品带回实验室,在85℃温度下烘干至恒质量。根据干质量和鲜质量之比,算出各个部分的生物量及样木的总生物量。样木的选取,干材、树皮、树枝、树叶和树根等各个部分的测量、取样和干质量测定,都严格执行林业行业标准<sup>[30]</sup>。表1给出了新疆云杉分区域的立木生物量建模样本的统计特征值。

### 1.2 模型建立

立木生物量和树干材积方程的基本表达式如下<sup>[19,33]</sup>:

$$y = \beta_0 x_1^{\beta_1} x_2^{\beta_2} \cdots x_j^{\beta_j} + \varepsilon \quad (1)$$

式中, $y$ 为生物量(kg)或树干材积(dm<sup>3</sup>); $x_j$ 为

表1 新疆云杉立木生物量建模样本的统计特征值  
Table 1 Statistics of individual tree biomass samples of *Picea* spp. in Xinjiang

区域 Region	项目 Item	样本量 Sample size	变量 Variable	平均值 Mean	最小值 Min.	最大值 Max.	标准差 SD	变动系数 CV/%
阿尔泰山林区 Altai mountainous region	地上生物量 Above-ground biomass	150	胸径 Diameter/cm	17.3	1.3	65.5	13.6	78.9
			树高 Height /m	12.8	1.5	36.8	8.4	67.5
			立木材积 Volume/(dm <sup>3</sup> ·株 <sup>-1</sup> )	356.5	0.6	4 163.4	611.1	171.4
			地上生物量 Above-ground biomass/(kg·株 <sup>-1</sup> )	176.9	0.4	1 540.8	260.5	147.3
			生物量转换因子 Biomass conversion factor	0.686 9	0.164 6	1.585 9	0.265 1	38.6
天山林区 Tianshan mountainous region	地上生物量 Above-ground biomass	80	胸径 Diameter/cm	17.2	1.0	57.0	13.1	76.0
			树高 Height/m	13.5	1.5	44.0	9.0	66.5
			立木材积 Volume/(dm <sup>3</sup> ·株 <sup>-1</sup> )	368.5	0.6	5 248.8	725.6	196.9
			地上生物量 Above-ground biomass/(kg·株 <sup>-1</sup> )	185.8	0.7	1 090.2	254.6	137.0
			生物量转换因子 Biomass conversion factor	0.656 5	0.324 1	1.160 4	0.202 6	30.9
地下生物量 Below-ground biomass	50	胸径 Diameter/cm	17.1	1.3	52.0	12.8	75.0	
		树高 Height/m	12.9	1.5	33.6	8.5	65.8	
		地上生物量 Above-ground biomass/(kg·株 <sup>-1</sup> )	168.5	1.1	832.0	225.2	133.6	
		地下生物量 Below-ground biomass/(kg·株 <sup>-1</sup> )	37.3	0.3	260.9	56.4	151.2	
		根茎比 Root-to-shoot ratio	0.295 8	0.139 7	0.605 8	0.128 3	43.4	
地下生物量 Below-ground biomass	28	胸径 Diameter/cm	16.2	2.0	38.9	11.4	70.7	
		树高 Height/m	12.2	1.9	35.0	8.2	76.6	
		地上生物量 Above-ground biomass/(kg·株 <sup>-1</sup> )	162.6	1.6	726.9	208.2	128.1	
		地下生物量 Below-ground biomass/(kg·株 <sup>-1</sup> )	54.2	0.2	269.1	76.4	141.0	
		根茎比 Root-to-shoot ratio	0.259 1	0.052 5	0.522 4	0.109 2	42.2	

反映林木大小的变量,如胸径( $D, cm$ )和树高( $H, m$ ); $\beta_j$ 为待估参数; $\varepsilon$ 为误差项,假定其服从正态分布。因为生物量和材积数据都表现为异方差性,在参数估计时应当采取消除异方差的措施。本研究采用加权回归估计方法,其权函数根据最小二乘回归模型的残差拟合而来<sup>[16,34-35]</sup>。因为基于胸径 $D$ 的一元模型和基于胸径 $D$ 与树高 $H$ 的二元模型都得到广泛应用,本文将建立一元和二元两套模型。地上生物量、地下生物量和树干材积方程的二元模型分别表述如下:

$$M_a = a_0 D^{a_1} H^{a_2} + \varepsilon \quad (2)$$

$$M_b = b_0 D^{b_1} H^{b_2} + \varepsilon \quad (3)$$

$$V = c_0 D^{c_1} H^{c_2} + \varepsilon \quad (4)$$

式中, $M_a$ 和 $M_b$ 分别为地上生物量和地下生物量(kg), $V$ 为树干材积(dm<sup>3</sup>), $a_i$ 、 $b_i$ 和 $c_i$ 为待估参数,其它符号同前。

1.2.1 一体化联立方程组 在生物量建模实践中,相容性一般是指地上生物量与立木材积方程及生物量转换因子模型之间的参数相关性和协调一致性<sup>[17,19,21]</sup>,也包括地下生物量与地上生物量方程及根茎比模型之间的参数相关性和协调一致性<sup>[36-38]</sup>。因此,为解决相容性问题,可通过生物量转换因子( $BCF$ )和根茎比( $RSR$ )将地上生物量、立木材积及地下生物量三者关联起来。可加性是指地上生物量或总生物量与各个分项生物量模型之间的协调一致

性,以确保各分量估计值之和等于总量<sup>[16,25-26]</sup>。另外,由于测定地下生物量与地上生物量的样本数量不相等,前者仅为后者的1/3,通常的做法是分别建立地上生物量和地下生物量联立方程组<sup>[33,39]</sup>。为了解决这一问题,此处引入一个哑变量 $x$ ,对于测定了地下生物量的样本,令 $x=1$ ;对于未测定地下生物量的样本,令 $x=0$ <sup>[26,40]</sup>。为了保证地上生物量与干、皮、枝、叶各个分量的可加性,本研究拟按比例控制和代数控制2种方法进行建模对比<sup>[20,25-26]</sup>,其二元模型的一体化联立方程组分别为:

$$\left\{ \begin{aligned} M_a &= a_0 D^{a_1} H^{a_2} + \varepsilon \\ M_b &= b_0 D^{b_1} H^{b_2} x + \varepsilon \\ V &= c_0 D^{c_1} H^{c_2} + \varepsilon \\ BCF &= \hat{M}_a / \hat{V} + \varepsilon \\ RSR &= \hat{M}_b x / \hat{M}_a + \varepsilon \\ M_1 &= 1 / (1 + f_0 D^{f_1} H^{f_2} + g_0 D^{g_1} H^{g_2} + h_0 D^{h_1} H^{h_2}) \cdot \hat{M}_a + \varepsilon \\ M_2 &= 1 / (1 + f_0 D^{f_1} H^{f_2} + g_0 D^{g_1} H^{g_2} + h_0 D^{h_1} H^{h_2}) \cdot f_0 D^{f_1} H^{f_2} \cdot \hat{M}_a + \varepsilon \\ M_3 &= 1 / (1 + f_0 D^{f_1} H^{f_2} + g_0 D^{g_1} H^{g_2} + h_0 D^{h_1} H^{h_2}) \cdot g_0 D^{g_1} H^{g_2} \cdot \hat{M}_a + \varepsilon \\ M_4 &= 1 / (1 + f_0 D^{f_1} H^{f_2} + g_0 D^{g_1} H^{g_2} + h_0 D^{h_1} H^{h_2}) \cdot h_0 D^{h_1} H^{h_2} \cdot \hat{M}_a + \varepsilon \end{aligned} \right. \quad (5)$$

$$\begin{cases} M_a = a_0 D^{a_1} H^{a_2} + \varepsilon \\ M_b = b_0 D^{b_1} H^{c_2} x + \varepsilon \\ V = c_0 D^{c_1} H^{c_2} + \varepsilon \\ BCF = \hat{M}_a / \hat{V} + \varepsilon \\ RSR = \hat{M}_b x / \hat{M}_a + \varepsilon \\ M_1 = \hat{M}_a - f_0 D^{f_1} H^{f_2} - \hat{M}_2 + \varepsilon \\ M_2 = g_0 D^{g_1} H^{g_2} + \varepsilon \\ M_3 = f_0 D^{f_1} H^{f_2} - \hat{M}_4 + \varepsilon \\ M_4 = h_0 D^{h_1} H^{h_2} + \varepsilon \end{cases} \quad (6)$$

式中,  $BCF$  和  $RSR$  分别为生物量转换因子和根茎比,  $M_1, M_2, M_3, M_4$  分别为干、皮、枝、叶生物量,  $\hat{M}_a, \hat{M}_b, \hat{V}, \hat{M}_2, \hat{M}_4$  分别为地上生物量、地下生物量、立木材积、树皮生物量、树叶生物量的估计值,  $x$  为标识是否有地下生物量数据的指示变量,  $f_i, g_i$  和  $h_i$  为待估参数, 其它符号同(2)~(4)式。如果删除(5)、(6)式中所有包含  $H$  的指数项, 二元模型就变成了二元模型, 为省篇幅, 这里不再列出。

需要补充说明一点, 关于(6)式中4个分项生物量方程, 把所占比例较小的树皮和树叶生物量设计为独立模型, 把比例较大的干材和树枝生物量设计为代数方程之差, 是考虑降低传递误差的相对影响, 不至于造成代数方程之差出现负值。为了分析传递误差的影响大小, 本研究对(6)式中的干材和树枝生物量方程略作调整, 变为以下形式:

$$\begin{cases} M_a = a_0 D^{a_1} H^{a_2} + \varepsilon \\ M_b = b_0 D^{b_1} H^{c_2} x + \varepsilon \\ V = c_0 D^{c_1} H^{c_2} + \varepsilon \\ BCF = \hat{M}_a / \hat{V} + \varepsilon \\ RSR = \hat{M}_b x / \hat{M}_a + \varepsilon \\ M_1 = f_0 D^{f_1} H^{f_2} - \hat{M}_2 + \varepsilon \\ M_2 = g_0 D^{g_1} H^{g_2} + \varepsilon \\ M_3 = \hat{M}_a - f_0 D^{f_1} H^{f_2} - \hat{M}_4 + \varepsilon \\ M_4 = h_0 D^{h_1} H^{h_2} + \varepsilon \end{cases} \quad (7)$$

二者的差异是, 在(6)式中  $f_0 D^{f_1} H^{f_2}$  表示树冠生物量(包括树枝和树叶), 而在(7)式中  $f_0 D^{f_1} H^{f_2}$  表示树干生物量(包括干材和树皮)。

估计上述联立方程组参数的方法有多种, 其中常用的有似乎不相关回归(SUR)和误差变量(EIV)联立方程组方法。有研究表明 EIV 方法比 SUR 方

法更具优势和更有潜力<sup>[41]</sup>, 本研究采用 EIV 建模方法, 通过 ForStat 软件来估计(5)、(6)式中的参数, 其中  $M_a, M_b, M_1, M_2, M_3, M_4, V, BCF$  和  $RSR$  作为误差变量,  $D$  和  $H$  作为无误差变量<sup>[42]</sup>。

1.2.2 含区域因子的哑变量模型系统 为了分析不同区域对生物量和树干材积变动的的影响, 在前述联立方程组的基础上, 再引入一个哑变量  $z$ 。当样本属于阿尔泰山林区时  $z=1$ , 属于天山林区时  $z=0$ 。与(7)式对应的含区域因子的一元哑变量模型系统如下:

$$\begin{cases} M_a = (a_0 + a_1 z) D^{(a_2 + a_3 z)} + \varepsilon \\ M_b = (b_0 + b_1 z) D^{(b_2 + b_3 z)} x + \varepsilon \\ V = (c_0 + c_1 z) D^{(c_1 + c_2 z)} + \varepsilon \\ BCF = \hat{M}_a / \hat{V} + \varepsilon \\ RSR = \hat{M}_b x / \hat{M}_a + \varepsilon \\ M_1 = (f_0 + f_1 z) D^{(f_2 + f_3 z)} - \hat{M}_2 + \varepsilon \\ M_2 = (g_0 + g_1 z) D^{(g_2 + g_3 z)} + \varepsilon \\ M_3 = \hat{M}_a - (f_0 + f_1 z) D^{(f_2 + f_3 z)} - \hat{M}_4 + \varepsilon \\ M_4 = (h_0 + h_1 z) D^{(h_2 + h_3 z)} + \varepsilon \end{cases} \quad (8)$$

式中,  $a_1, a_3, b_1, b_3, c_1, c_3, f_1, f_3, g_1, g_3, h_1$  和  $h_3$  为哑变量  $z$  的待估参数, 其它符号同前。若其中部分参数在统计上与 0 无显著差异, 可将其从模型中剔除。

### 1.3 模型评价

用于评价立木生物量模型或材积模型的统计指标有很多<sup>[43-44]</sup>, 本研究选用以下4项, 即: 确定系数( $R^2$ )、估计值的标准误( $SEE$ )、平均预估误差( $MPE$ )和平均百分标准误差( $MPSE$ )。另外, 为分析不含区域因子模型(以下称总体平均模型)与包含区域因子模型(即哑变量模型)之间是否存在显著差异, 采用  $F$  检验方法<sup>[17, 45-46]</sup>。利用计算的  $F$  值与临界值进行比较, 以确定两个模型之间是否存在显著差异。一元和二元模型之间的差异也可采用  $F$  统计指标进行检验。

## 2 结果与分析

### 2.1 二元联立方程组

利用新疆云杉的全部生物量样本, 通过 ForStat 软件中的“非线性误差变量联立方程组”方法, 先拟合(5)、(6)、(7)式共3组模型, 以下分别称之为比例法、代数法 A 和代数法 B。表2列出了以上3种建模方法的参数估计值, 表3列出了3组模型各目标变量的统计指标。

表2 不同建模方法的二元联立方程组的参数估计值

Table 2 Parameter estimates of two-variables simultaneous equations of different methods

参数 Parameter	不同建模方法的参数估计值 Parameter estimates of different methods		
	比例法 Proportion method	代数法 A Algebraic method A	代数法 B Algebraic method B
	$a_0$	0.096 26	0.094 69
$a_1$	2.085 86	2.067 71	2.088 19
$a_2$	0.372 32	0.398 62	0.370 08
$b_0$	0.022 23	0.021 69	0.022 21
$b_1$	2.367 41	2.342 59	2.368 90
$b_2$	0.106 51	0.142 74	0.105 45
$c_0$	0.084 31	0.083 35	0.084 66
$c_1$	1.744 14	1.740 86	1.753 66
$c_2$	1.009 76	1.017 23	0.998 74
$f_0$	0.354 66	0.060 09	0.040 91
$f_1$	0.024 36	2.611 94	1.752 23
$f_2$	-0.289 55	-0.420 42	0.883 12
$g_0$	1.345 68	0.011 24	0.010 86
$g_1$	0.999 69	1.753 16	1.763 87
$g_2$	-1.499 88	0.652 32	0.654 19
$h_0$	0.880 81	0.023 61	0.023 55
$h_1$	0.931 59	2.563 80	2.557 86
$h_2$	-1.576 40	-0.463 10	-0.456 05

从表2可以看出,3种建模方法的前9个参数都是很接近的;2种代数法的后6个参数也很接近,中间的3个参数( $f_0$ 、 $f_1$ 和 $f_2$ )差异大,是因为在代数法A中是树冠生物量模型参数,而在代数法B中是树干生物量模型参数。再从表3中各项统计指标的对比可知,对地上、地下生物量和立木材积的估计,3种建模方法差异很小;对干、皮、枝、叶4个分项生物量的估计,代数法B与比例法不相上下,但要略优于代数法A。也就是说,代数法和比例法这2种满足可加性的方法,其预估效果基本相当,难分优劣。而代数法的2种模型设计,(7)式的效果更好,它可以明显提高干材生物量( $M_1$ )的预估精度,而对树枝生物量( $M_3$ )预估精度的影响很小。因此,后续的代数法特指模型(7)式。

## 2.2 一元联立方程组

除了与前述比例法和代数法对应的一元联立方程组以外,还进一步拟合了含区域因子的哑变量模型系统。表4为总体平均模型的参数估计值及根据哑变量模型得出的不同林区的参数估计值,表5为基于两套一元模型系统算出的各项统计指标。

表3 不同建模方法的二元联立方程组的统计指标

Table 3 Statistics of two-variables simultaneous equations of different methods

方法 Method	指标 Statistics	目标变量 Target variable						
		$M_a$	$M_b$	$V$	$M_1$	$M_2$	$M_3$	$M_4$
比例法 Proportion method	$R^2$	0.832 0	0.667 8	0.978 1	0.794 9	0.881 2	0.703 5	0.609 2
	$SEE$	106.17	37.58	96.77	69.26	9.18	40.17	18.46
	$MPE/\%$	7.62	19.52	3.47	9.08	7.30	11.14	12.86
代数法 A Algebraic method A	$MPSE/\%$	21.20	55.25	14.96	23.71	27.71	37.29	44.55
	$R^2$	0.831 6	0.663 4	0.978 5	0.792 6	0.886 2	0.705 4	0.607 6
	$SEE$	106.32	37.83	96.03	69.17	8.80	39.50	18.12
代数法 B Algebraic method B	$MPE/\%$	7.63	19.65	3.44	9.07	7.00	10.95	12.63
	$MPSE/\%$	21.48	56.13	15.06	35.07	25.26	37.82	45.54
	$R^2$	0.830 2	0.667 2	0.977 6	0.798 5	0.883 8	0.706 9	0.611 0
	$SEE$	106.76	37.62	97.87	67.73	8.89	39.66	18.05
	$MPE/\%$	7.67	19.53	3.51	8.88	7.07	10.99	12.57
	$MPSE/\%$	21.16	55.24	14.91	21.73	25.66	38.87	45.64

从表5与表3的对比看,对立木材积和干材、树皮生物量的估计,二元模型均明显优于一元模型, $F$ 检验结果也显示其差异极为显著;然而对地上、地下生物量及树枝、树叶生物量的估计,二元模型反而不如一元模型,其差异在统计上也极为显著。

从表5中总体平均模型与哑变量模型的对比看,对地上、地下生物量及立木材积的估计,哑变量模型均要好于总体平均模型,其差异在统计上极为显著;但是对干、皮、枝、叶4个分项生物量而言,除树叶生物量外,对其它3项的估计,哑变

量模型与总体平均模型在统计上没有显著差异(见表6)。

## 3 讨论

我国云杉立木生物量建模的研究成果很少<sup>[47-48]</sup>,但云杉是全世界广为分布的树种,为了分析区域之间的差异性,这里选用国内外主要文献中的云杉一元立木地上生物量模型进行对比,表7列出了不同模型的参数及文献来源,表8列出了不同模型对各个径阶的地上生物量估计值。

表 4 不同方法总体平均模型与哑变量模型的参数估计值

Table 4 Parameter estimates of population average and dummy-variable models of different methods

方法 Method	参数 Parameter	总体平均模型 Population average model		哑变量模型 Dummy-variable model		
		新疆自治区 Xinjiang autonomous region		阿尔泰山林区 Altai mountainous region		
		天山林区 Tianshan mountainous region				
比例法 Proportion method	$a_0$	0.166 58	0.168 45	0.173 08		
	$a_1$	2.239 11	2.221 85	2.250 24		
	$b_0$	0.039 39	0.050 94	0.027 70		
	$b_1$	2.288 40	2.152 65	2.492 38		
	$c_0$	0.166 97	0.166 74	0.172 51		
	$c_1$	2.434 74	2.419 35	2.453 05		
	$f_0$	0.286 07	0.303 05	0.245 06		
	$f_1$	-0.176 29	-0.174 29	-0.163 18		
	$g_0$	0.677 28	0.662 07	0.730 20		
	$g_1$	-0.132 17	-0.106 38	-0.192 43		
	$h_0$	0.469 32	0.588 37	0.321 69		
	$h_1$	-0.298 54	-0.378 16	-0.164 16		
	代数法 Algebraic method	$a_0$	0.166 13	0.167 93	0.172 30	
		$a_1$	2.239 96	2.222 95	2.251 50	
$b_0$		0.039 10	0.050 67	0.027 45		
$b_1$		2.291 21	2.154 44	2.495 89		
$c_0$		0.168 55	0.166 95	0.176 54		
$c_1$		2.430 46	2.418 57	2.442 99		
$f_0$		0.091 17	0.089 11	0.099 03		
$f_1$		2.291 36	2.282 74	2.292 54		
$g_0$		0.020 57	0.021 01	0.019 81		
$g_1$		2.140 90	2.135 99	2.148 55		
$h_0$		0.031 54	0.039 89	0.023 17		
$h_1$		2.047 60	1.942 53	2.193 20		

表 5 不同方法总体平均模型与哑变量模型的统计指标

Table 5 Statistics of population average and dummy-variable models of different methods

方法 Method	模型 Model	指标 Statistics	目标变量 Target variable							
			$M_a$	$M_b$	$V$	$M_1$	$M_2$	$M_3$	$M_4$	
比例法 Proportion method	总体平均模型	$R^2$	0.866 7	0.715 6	0.813 0	0.714 3	0.848 6	0.785 8	0.700 4	
	PA	$SEE$	94.38	34.54	282.41	81.01	10.27	33.83	16.02	
	model	$MPE/\%$	6.78	17.94	10.12	10.62	8.17	9.38	11.16	
	哑变量模型	$MPSE/\%$	20.72	44.08	30.46	31.37	27.77	39.55	47.21	
	DV	$R^2$	0.877 7	0.820 4	0.829 0	0.718 4	0.848 6	0.781 0	0.735 8	
	model	$SEE$	90.80	27.82	271.24	81.91	10.46	34.84	15.32	
	DV	$MPE/\%$	6.52	14.45	9.72	10.74	8.32	9.66	10.67	
	model	$MPSE/\%$	20.83	37.44	30.22	31.24	27.64	39.68	44.93	
	代数法 Algebraic method	总体平均模型	$R^2$	0.866 3	0.714 6	0.814 1	0.717 7	0.848 6	0.786 3	0.696 1
		PA	$SEE$	94.50	34.61	281.61	79.80	10.13	33.65	15.92
model		$MPE/\%$	6.79	17.97	10.09	10.46	8.06	9.33	11.09	
哑变量模型		$MPSE/\%$	20.71	44.16	30.52	31.50	27.78	39.56	47.07	
DV		$R^2$	0.877 2	0.819 9	0.828 7	0.721 9	0.849 2	0.789 1	0.733 2	
model		$SEE$	90.98	27.86	271.46	79.92	10.15	33.88	14.98	
DV		$MPE/\%$	6.53	14.47	9.73	10.48	8.08	9.39	10.44	
model		$MPSE/\%$	20.81	37.47	30.29	31.42	27.64	39.62	44.78	

表6 不同方法总体平均模型与哑变量模型之间的F值  
Table 6 F-values of population average and dummy-variable models of different methods

方法 Method	目标变量 Target variables						
	$M_a$	$M_b$	$V$	$M_1$	$M_2$	$M_3$	$M_4$
比例法 Proportion method	10.16 **	21.57 **	10.58 **	0.39	0.00	-0.58	3.58 *
代数法 Algebraic method	10.01 **	21.65 **	9.68 **	0.83	0.43	0.49	15.74 **

注:“\*\*”表示在0.01水平下显著,“\*”表示在0.05水平下显著,。

表7 用于对比的地上生物量模型  
Table 7 The above-ground biomass models for comparison

序号 No	地上生物量模型 Above-ground biomass models	样本量 Sample size	应用区域 Region for application	文献来源 Reference
0	$M_0 = 0.1666 D^{2.2391}$	230	新疆 Xinjiang	本研究
1	$M_1 = 0.1556 D^{2.2588}$	150	新疆(阿尔泰林区) Xinjiang(Altai)	[48]
2	$M_2 = 0.1055 D^{2.3893}$	150	云南 Yunnan	[48]
3	$M_3 = 0.1444 D^{2.2604}$	195	加拿大(新不伦瑞克) Canada(NB)	[3]
4	$M_4 = 0.1253 D^{2.3323}$	212	美国 USA	[4]
5	$M_5 = 0.1160 D^{2.3600}$	70	欧洲(北部地区) Europe(Boreal)	[7]
6	$M_6 = 0.2550 D^{2.1740}$	144	欧洲(温带地区) Europe(Temperate)	[7]

表8 不同地上生物量模型对不同径阶的估计值  
Table 8 The estimates of above-ground biomass models for different diameter classes

D/cm	$M_0$	$M_1$	$M_2$	$M_3$	$M_4$	$M_5$	$M_6$
5	6.12	5.90	4.94	5.49	5.35	5.18	8.44
10	28.89	28.23	25.86	26.30	26.93	26.57	38.07
15	71.62	70.55	68.14	65.77	69.33	69.19	91.91
20	136.39	135.12	135.49	126.01	135.63	136.42	171.78
25	224.78	223.67	230.92	208.68	228.23	230.99	279.04
30	338.11	337.64	356.98	315.10	349.17	355.19	414.76
35	477.49	478.27	515.94	446.46	500.24	511.04	579.89
40	643.89	646.65	709.83	603.76	683.02	700.36	775.21
45	838.20	843.74	940.53	787.93	898.96	924.78	1001.44
50	1061.22	1070.44	1209.76	999.81	1149.37	1185.84	1259.22
合计 Total	3826.70	3840.22	4198.38	3585.31	4046.23	4145.57	4619.75
相差 RD/%	/	0.35	9.71	-6.31	5.74	8.33	20.72

注: $M_0 \sim M_6$  各列为表7中各地上生物量模型的估计值;相差行数据是指  $M_1 \sim M_6$  各列合计数与  $M_0$  列合计数之间的差异百分数。

从表8可以看出,与本研究所建模型相比,6个模型中有5个模型的相对差异在±10%以内,只有最后一个模型的相对差异较大,超过了20%。该模型的2个参数与其它模型的参数相差明显,尤其是幂指数参数(2.17)与通用性模型的幂指数(2.33)<sup>[49]</sup>相差也很大。从我国、北美和欧洲3组对应模型的数据看,相同直径林木的地上生物量估计值,高纬度地区要小于低纬度地区,即新疆小于云南,加拿大小于美国,欧洲北部地区小于温带地区。其深层次原因有待于作进一步研究。

### 4 结论

本研究利用国家森林资源连续清查生物量调查建模项目组从新疆采集的230株样木的各项生物量和立木材积实测数据,建立了基于胸径和基于胸径、

树高的两套一体化立木生物量模型系统。通过误差变量联立方程组方法解决地上生物量与立木材积及地下生物量之间的相容性问题,通过比例控制和代数控制2种方法解决地上生物量与干、皮、枝、叶4个分项生物量的可加性问题,通过哑变量模型方法解决地下生物量与地上生物量样木数量不相等的情况下的联合估计问题,并分析不同区域模型的差异显著性。根据研究结果,可以得出以下结论:

(1)基于胸径的一元模型系统能够对新疆云杉的生物量给出较为满意的估计,除了干材和树皮生物量的估计效果不如二元模型外,其它各项生物量的估计均要优于二元模型。

(2)包含区域因子的哑变量模型能够进一步提高新疆云杉一元生物量模型的预估精度,除了干材、树皮、树枝生物量的估计效果无显著提高外,对地上

生物量、地下生物量、树叶生物量及立木材积的估计,哑变量模型均要优于总体平均模型。

(3)比例控制法和代数控制法都能有效解决地上生物量与干、皮、枝、叶各分项生物量之间的可加性问题,且二者无显著差异。应用代数控制法时,宜将树干、树皮、树枝生物量表达为单个模型形式,而将干材和树枝生物量分别表达为 2 个和 3 个模型的代数和。

(4)利用哑变量模型方法,可以将数量不等的地上生物量与地下生物量样本汇到一起联合建模,而不必分别地上生物量和地下生物量各自独立建模。

(5)所建相容性生物量模型系统,地上生物量的平均预估误差在 7% 以下,干、皮、枝、叶各分项生物量的平均预估误差在 10% 左右,地下生物量的平均预估误差在 15% 以下,能满足立木生物量建模的精度要求。

## 参考文献:

- [1] Somogyi Z, Cienciala E, Mäkipää R, *et al.* Indirect methods of large-scale forest biomass estimation[J]. *European Journal of Forest Research*, 2007, 126(2): 197–207.
- [2] 曾伟生,陈新云,蒲莹,等. 基于国家森林资源清查数据的不同生物量和碳储量估计方法的对比分析[J]. *林业科学研究*, 2018, 31(1): 66–71.
- [3] 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.
- [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] Zianis D, Muukkonen P, Mäkipää R, *et al.* Biomass and stem volume equations for tree species in Europe[J]. *Silva Fennica*, 2005, 4(4): 1–63.
- [6] Snorrason A, Einarsson S F. Single-tree biomass and stem volume functions for eleven tree species used in Icelandic forestry[J]. *Icelandic Agricultural Sciences*, 2006, 19: 15–24.
- [7] Muukkonen P. Generalized allometric volume and biomass equations for some tree species in Europe[J]. *European Journal of Forest Research*, 2007, 126(2): 157–166.
- [8] Návar J. Allometric equations for tree species and carbon stocks for forests of northwestern Mexico[J]. *Forest Ecology and Management*, 2009, 257(2): 427–434.
- [9] Fayolle A, Doucet J L, Gillet J F, *et al.* Tree allometry in Central Africa: Testing the validity of pantropical multi-species allometric equations for estimating biomass and carbon stocks[J]. *Forest Ecology and Management*, 2013, 305(4): 29–37.
- [10] Zeng W S. Development of monitoring and assessment of forest biomass and carbon storage in China[J]. *Forest Ecosystems*, 2014, 1(1): 1–10.
- [11] Adrien D N, Nicolas P, Adeline F, *et al.* Tree allometry for estimation of carbon stocks in African tropical forests[J]. *Forestry*, 2016; 89(4): 1–10.
- [12] 曾伟生. 基于木材密度的 34 个树种组一元立木生物量模型建立[J]. *林业资源管理*, 2017(6): 33–38.
- [13] 陈传国,朱俊凤. 东北主要林木生物量手册[M]. 北京:中国林业出版社, 1989.
- [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] 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.
- [16] Parresol B R. Additivity of nonlinear biomass equations[J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2001, 31(5): 865–878.
- [17] Zeng W S, Zhang H R, Tang S Z. Using the dummy variable model approach to construct compatible single-tree biomass equations at different scales—a case study for Masson pine (*Pinus massoniana*) in southern China[J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2011, 41(7): 1547–1554.
- [18] 董利虎,李凤日,贾炜炜,等. 含度量误差的黑龙省主要树种生物量相容性模型[J]. *应用生态学报*, 2011, 22(10): 2653–2661.
- [19] Zeng W S, Tang S Z. Modeling compatible single-tree aboveground biomass equations of Masson pine (*Pinus massoniana*) in southern China[J]. *Journal of Forestry Research*, 2012, 23(4): 593–598.
- [20] 董利虎,李凤日,贾炜炜. 东北林区天然白桦相容性生物量模型[J]. *林业科学*, 2013, 49(7): 75–85.
- [21] 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.
- [22] Dong L H, Zhang L J, Li F R. A compatible system of biomass equations for three conifer species in Northeast, China[J]. *Forest Ecology and Management*, 2014, 329(5): 306–317.
- [23] Zeng W S. Integrated individual tree biomass simultaneous equations for two larch species in northeastern and northern China[J]. *Scandinavian Journal of Forest Research*, 2015, 30(7): 594–604.
- [24] 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.
- [25] Dong L H, Zhang L J, Li F R. Developing two additive biomass equations for three coniferous plantation species in northeast China[J]. *Forests*, 2016, 7, 136; doi:10.3390/f7070136.
- [26] Zeng WS, Zhang LJ, Chen XY, *et al.* Construction of compatible and additive individual-tree biomass models for *Pinus tabulaeformis* in China[J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2017, 47(4): 467–475.
- [27] 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.
- [28] 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.

- [29] Zeng W S. Using nonlinear mixed model and dummy variable model approaches to construct origin-based single tree biomass equations [J]. *Trees-Structure and Function*, 2015, 29(1): 275–283.
- [30] 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.
- [31] 国家林业局. 中国森林资源报告(2009–2013)[M]. 北京: 中国林业出版社. 2014.
- [32] 国家林业局. 立木生物量建模样本采集技术规程(LY/T 2259–2014)[S]. 北京: 中国标准出版社. 2015.
- [33] 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. 2015.
- [34] 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.
- [35] 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(5): 55–61.
- [36] Wang X P, Fang J Y, Zhu B A. Forest biomass and root–shoot allocation in northeast China[J]. *Forest Ecology and Management*, 2008, 255(12): 4007–4020.
- [37] 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.
- [38] Mugasha W A, Eid T, Bollandsas O M, *et al.* Allometric models for prediction of above- and belowground biomass of trees in the miombo woodlands of Tanzania[J]. *Forest Ecology and Management*, 2013, 310: 87–101.
- [39] 曾伟生,姚顺彬,肖前辉. 中国湿地松立木生物量方程研建[J]. *中南林业科技大学学报*, 2015, 35(1): 8–13.
- [40] Crecente-Campo F, Soares P, Tomé M, *et al.* Modelling annual individual-tree growth and mortality of Scots pine with data obtained at irregular measurement intervals and containing missing observations[J]. *Forest Ecology and Management*, 2010, 260(11): 1965–1974.
- [41] Fu L, Lei Y, Wang G, *et al.* Comparison of seemingly unrelated regressions with errors-in-variables models for developing a system of nonlinear additive biomass equations[J]. *Trees*, 2016, 30(3): 1–19.
- [42] 唐守正,郎奎建,李海奎. 统计和生物数学模型计算(ForStat教程)[M]. 北京: 科学出版社. 2008.
- [43] Parresol B R. Assessing tree and stand biomass: a review with examples and critical comparisons [J]. *Forest Science*, 1999, 45(4): 573–593.
- [44] 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.
- [45] Meng S X, Huang S, Lieffers V J, *et al.* Wind speed and crown class influence the height–diameter relationship of lodgepole pine: nonlinear mixed effects modeling[J]. *Forest Ecology and Management*, 2008, 256(4): 570–577.
- [46] Zeng W S, Duo H R, Lei X D, *et al.* Individual tree biomass and growth models sensitive to climate variables for *Larix* spp. in China [J]. *European Journal of Forest Research*, 2017, 136(2): 233–249.
- [47] 陈振雄,甘世书,贺东北. 云南省云杉立木生物量模型研建[J]. *中南林业调查规划*, 2011, 30(4): 56–61.
- [48] 国家林业局. 立木生物量模型及碳计量参数—云杉(LY/T 2655–2016)[S]. 北京: 中国标准出版社. 2017.
- [49] 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.

(责任编辑:彭南轩)