

不同生长势杉木成熟林的生物量生长模型研究

姜 鹏, 庞立欣, 邵思祺, 杨 冲, 郭金堂, 张绍轩

(河北农业大学, 河北 保定 071001)

摘 要:以福建省将乐县国有林场杉木成熟林为研究对象,通过建立 16 块杉木标准地,获取各标准地基础数据。根据克拉夫特林木分级法以及胸径、树高的统计分析,将标准地内林木按生长势不同分为优势木、中庸木和被压木 3 类。结果表明:1)通过林木实测数据拟合不同生长势的杉木各器官生物量(干、根、叶、枝)估算模型、全株生物量模型,以 D 、 DH 为自变量,分别拟合了各个器官(树干、树根、树叶、树枝)和全株的 Logistic 方程和幂函数,其模型的相关判定系数 R^2 均在 0.881~0.932 之间。2)根据残存平方和 SSE 、总相对误差 RS 、平均相对误差 E_1 、平均相对误差绝对值 E_2 、 AIC 、 BIC 6 个检测评价指标进行方程的 4 选 1 筛选,筛选出最优模型中,幂函数模型 9 个(模型自变量 D 1 个,自变量 DH 8 个),Logistic 函数模型 6 个(自变量 D 的 2 个,自变量 DH 4 个)。

关键词:杉木;生长势;生物量模型

中图分类号:S791.27 **文献标志码:**A **文章编号:**1001-7461(2016)03-0036-05

Biomass Model of *Cunninghamia lanceolata* with Different Growth Potentials

JIANG Peng, PANG Li-xin, SHAO Si-qi, YANG Chong, Zhang Shao-xuan

(Agricultural University of Hebei, Baoding, Hebei 071000, China)

Abstract: In this paper, the mature *Cunninghamia lanceolata* plantation of state-owned forest farms in Jianle County of Fujian Province was taken as the research object, in which 16 sample plots were established to extract the basic data. According to the Kraft forest grading and statistical analysis of DBH and tree height, trees in sample plots were divided into dominant, intermediate, and suppressed trees by different growth potentials. 1) Models that were used to predict biomass of whole plant and different organs (trunk, root, leaf, and branch) were established by fitting the actual measured data and different growth potentials. By using D and DH as independent variables, the Logistic equation and power function of different organs and whole-plant were simulated. The determination coefficient R^2 of the model was between 0.881 to 0.932. 2) Based on the 6 evaluation indicators, such as residual sum of squares, total average relative error, average relative error, average absolute relative error, Akaike information criterion, and Bayesian information criterion, the best model was selected from four models. The best model included 9 power function models with independent variables of 1 D and 8 DH , 6 Logistic models with independent variables of 2 D and 4 DH .

Key words: *Cunninghamia lanceolata*; growth potential; biomass model

森林生物量的测定对于研究森林生态系统有很重要的意义^[1]。在生态系统中,维持其正常运行的能量基础和营养物质的来源的是生物量,同样在森

林生态系统中,森林生物量的积累和生产力的发展也起到了根本性的动力作用,二者的变化将直接影响森林生态系统的变化。在森林经营方面也需要以

这种动态的变化作为重要参考指标^[2]。1876 年最早开始对森林生物量的研究,关于几种德国重要树种的枝叶凋落量测定和木材重量进行了测定^[3]。我国在 1975 年后始对森林生物量进行研究,涵盖了数 10 种树木^[4]。对全国范围内的 60 多个森林群落从生产力与环境关系的角度进行了研究,并搜集相关数据,参考中外学者相关的可用于大尺度估算的生物量方程^[5-10],建立相应的生物量模型,为森林生物量监测及森林碳汇能力评估提供科学依据检测,目前已经取得了较多成果^[11-16]。方精云^[17]等自 1995 年开始对森林生物量及其变化规律的全国性探讨,以历年森林二类调查数据为基础,进行野外实测和生物建模的研究。

杉木(*Cunninghamia lanceolata*)为南方乡土树种,在当地林区占有绝对优势,在全国杉木产区中,福建省是重要的杉木林区之一^[18-20]。本研究通过实地测量杉木成熟林生物量,根据克拉夫特林木生长分级,选取树高和直径最大,树冠很大,且伸出一一般林冠之上的为优势木;选取生长尚好,但树高和直径较前两级林木为差,树冠较窄,位于林冠的中层,树干的圆满度较优势木为大的为中庸木;选取树高和直径生长都非常落后,树冠受挤压,通常都是小径木的为被压木,被压木包括 2 种类型:1)树冠狭窄,侧方被压,但枝条在主干上分布均匀,树冠能伸入林冠层中;2)树冠偏生,只有树冠的顶部才伸入林冠层,侧方和上方均受压制^[21]。研究福建地区杉木成熟林不同生长势的生物量模型,利用杉木成熟林生物量实测数据,确定适用于不同生长势杉木的生物量最优模型和全林分杉木的生物量最优模型,为南方地区杉木成熟林资源清查和杉木成熟林的经营管理提供理论依据,进一步探索生物量循环模式有重要的意义。

1 研究区概况

研究区位于福建将乐县(26°26′—27°04′N、117°05′—117°40′E)。将乐县地处武夷山脉东南部,属褶皱山地貌,其山势狭长,平均海拔在 400~800 m 左右,最高峰海拔 1 640.2 m。该地区气候属于亚热带海洋性季风气候,兼有海洋性和大陆性气候特点,气候温暖,年平均气温为 19.8℃,年均降雨量 2 027 mm,年均蒸发量 1 204 mm,无霜日为 293 d。该地区内气候湿润,雨量充沛,有较长的雨季,气候特点非常适宜杉木的生长,森林覆盖率为全省之最,达 85.2%。当地的土壤类型主要以红壤为主,多为轻壤土或沙壤土,土层厚,土质好,土壤肥沃,水分充足^[22]。

2 研究方法

2.1 标准地设置及标准木选择

2012 年 9 月至 2014 年 12 月,在将乐国有林场选择具有代表性的杉木成熟林为研究对象,选择具有代表性的杉木成熟林林地,布设 4 个大标准地,每个大标准地内布设 4 个小标准地,标准地形状均为方形,小标准地面积为 400 m²,共计 16 块(表 1)。标准地选择遵循试验标准地与周边环境的一致性原则,避开林缘带状区域。记录标准地内所有胸径、树高等信息。树高采用超生波测高器进行测定,每棵树观测 3 次,求取平均值。

在每木检尺基础上,参考克拉夫特的生长分级法,依据标准地树木胸径(*D*)、树高(*H*)及立地条件对不同生长势杉木的影响进行划分,根据标准地调查数据得出全林分胸径和树高的平均值与标准差,以 1 倍标准差确定上下限,高于上限初定为优势木,低于下限初定为被压木,在根据克拉夫特生长分级法与实地调查确定其所属范围。在各个小标准地选出优势木、中庸木和被压木标准木各 1 株,16 块标准地共 48 株,进行树木解析。杉木成熟林中优势木、中庸木和被压木的平均胸径表现为被压木(13.95 cm)<中庸木(22.25 cm)<优势木(30.19 cm);其树高生长中,优势木平均树高最高为 26.65 m,其次中庸木平均树高为 21.11 m,被压木平均树高为 14.41 m(表 1)。

表 1 杉木成熟林不同长势林分基础情况
Table 1 The basic situation of *C. lanceolata* in different growth degree

不同长势	N/株	胸径/cm	树高/m
被压木	136	13.95±2.81	14.41±2.88
中庸木	561	22.25±4.54	21.11±3.49
优势木	108	30.19±2.86	26.65±2.49

注:均值±标准差。

2.2 生物量测定

标准木树干和树根的数据采集调查采用全称重法,将标准木伐倒后,打掉所有枝条,将其分成 5 段,称鲜重,对于标准木根部,则采取全挖法称重,将所取样本进行称重,记录数据并装入袋中,按照统一规则编号后带回,先调查树干、树根鲜重,之后标准木取样^[23]。

标准木树枝和树叶数据采集调查采用的是全枝称重法^[23-24]。先将树冠分成上、下 2 层,砍下各层枝条,尽量保持所有枝条带叶,减少叶片损失,之后称其鲜重,然后在 2 层枝条中各选取平均枝,进行称重^[24]。之后去掉叶子,对没有叶子的树枝进行称

重,得出标准木树叶叶的鲜重。最后在标准木树枝的中部截取 3 cm 小段,进行称重,在上、下 2 层中随机抽取同等数量的标准木树叶进行称重,将取得的样本按照统一规则编号后装袋带回。

样品处理方法参考文献^[24]。计算标准木的树干、树根、树叶、树枝的干鲜重比,随后再将各器官鲜重换算成干重,计算每一株标准木各器官和全株的生物量。单株杉木各器官生物量表现由大到小为:树干>树枝>树根>树叶。

2.3 数据模型及检测

从生物学意义出发,选择幂函数模型、多项式模型、指数函数模型和 Logistic 函数模型 4 种,自变量选取以胸径或者胸径和树高的组合。以 6 种评价指标作为模型选择依据,评价指标依次为残存平方和(SSE)、总相对误差(RS)、平均相对误差(E_1)、平均相对误差绝对值(E_2)、AIC(akaike information criterion)和 BIC(bayesian information criterion) 6 种^[25]。采用 Excel 软件做基本数据的处理,利用 SPSS21.0 对杉木各个器官和全株的生物量进行拟合,以及对拟合效果和预测精度进行检验。

3 结果与分析

3.1 优势木最优模型的拟合

优势木各器官和全株生物量最优模型的拟合结果和检验(表 2)表明,模型预测精度较高,各个生物量回归模型均在 0.05 水平上成显著性,在 5 个生物量模型中,幂函数模型占 3 个,其模型自变量均为 DH,分别为树干、树根和全株的生物量模型;Logistic 函数模型占 2 个,其自变量也为 DH,生物量模型是树叶和树枝的生物量模型。

杉木生物量模型判别系数(R^2)的均值为 0.913,幂函数 R^2 的均值为 0.917,logistics 方程 R^2 的均值为 0.910,树干、树根、树叶、树枝和全株的生物量模型 R^2 均值依次为 0.908、0.917、0.921、0.913、0.908,树叶生物量模型的 R^2 均值最高,范围在 0.904~0.928 之间,而树干和全株的生物量模型的 R^2 均值最低且相等,杉木全株的生物量模型的 R^2 的范围略微广些,处于 0.881~0.930 之间。

杉木成熟林树干、树根、树叶、树枝和全株的生物量模型残差平方和(SSE)的均值为 2.044,幂函数 SSE 的均值为 1.988,logistics 方程的 SSE 均值为 2.101,树干、树根、树叶、树枝和全株生物量的 SSE 均值依次为 1.741、1.409、1.645、3.339、2.088,杉木树根生物量模型的 SSE 均值最小,范围在 0.009~3.337 之间,而杉木树枝生物量模型的 SSE 均值最大,范围在 0.679~3.339 之间。

树干、树根、树叶、树枝和全株的生物量模型总相对误差(RS)普遍较小,整体均值为 0.174%,幂函数 RS 的均值为 0.101%,logistics 方程 RS 的均值为 0.248%,树干、树根、树叶、树枝和全株的生物量模型的 RS 均值依次为 0.089%、0.172%、0.273%、0.235%、0.103%,杉木树干生物量模型的 RS 均值最小,而杉木树叶的生物量模型的 RS 均值最大。

杉木生物量模型的平均相对误差 E_1 与总相对误差都偏小,整体均值为 0.069%,幂函数 E_1 的均值为 0.065%,logistics 方程 E_1 的均值为 0.073%,树干、树根、树叶、树枝和全株的生物量模型的 E_1 均值依次为 0.042%、0.048%、0.055%、0.151%、0.049%,杉木树干生物量模型的 E_1 均值最小,范围在 0.002%~0.073%之间,而杉木树枝生物量模型的 E_1 均值最大,范围在 0.076%~0.370%之间。

杉木生物量模型的平均相对误差绝对值 E_2 与平均相对误差 E_1 相反,整体均值为 2.418%,幂函数 E_2 的均值为 2.209%,logistics 方程 E_2 的均值为 2.628%,树干、树根、树叶、树枝和全株的生物量模型的 E_2 均值依次为 1.804%、2.095%、2.687%、3.610%、1.898%,杉木树干生物量模型的 E_2 均值最小,范围在 0.518%~1.804%之间,而杉木树枝生物量模型的 E_2 均值最大,范围在 2.067%~6.578%之间。

生物量模型中 AIC 整体均值为 7.513,幂函数 AIC 的均值为 7.525,logistics 方程 AIC 的均值为 7.501,树干、树根、树叶、树枝和全株的生物量模型的 AIC 最小值依次为 4.306、3.983、4.420、4.957、4.287;生物量模型中 BIC 整体均值为 10.316,幂函数 BIC 的均值为 10.328,logistics 方程 BIC 的均值为 10.304,树干、树根、树叶、树枝和全株的生物量模型的 BIC 最小值依次为 7.108、6.786、7.222、7.759、7.090。参考以上 SSE、RS、 E_1 、 E_2 4 中检测值,再根据 AIC 和 BIC 同时最小原则,选取树干、树根、全株的生物量模型均为幂函数(DH),选取树叶和树枝的生物量模型均为 logistics 方程(DH)。

3.2 中庸木最优模型的拟合

中庸木各器官和全株生物量最优模型的拟合结果和检验(表 3)表明,模型预测精度较高,各个生物量回归模型均在 0.05 水平上成显著性,在 5 个生物量模型中,幂函数模型占 3 个,其模型自变量均为 DH,分别为树干、树根和全株的生物量模型;Logistic 函数模型占 2 个,生物量模型是树叶和树枝的生物量模型,自变量依次为 DH 和 D。杉木生物量模型中 AIC 和 BIC 主要是做为模型的选择指标,是对模型的拟合效果进行评价和选择的比较重要指

标。参考以上 SSE 、 RS 、 E_1 、 E_2 4 中检测值,再根据 AIC 和 BIC 同时最小原则,选取树干、树根、全株的生物量模型均为幂函数(DH),选取树叶(DH)和树枝(D)的生物量模型均为 logistics 方程。

表 2 优势木生物量模型及检测评价指标

Table 2 The biomass model and test evaluation in *C. lanceolata*

器官	方程	回归模型	R^2	评价指标					
				SSE	$RS/\%$	$E_1/\%$	$E_2/\%$	AIC	BIC
干	幂函数	$\ln(W)=5.609\ln(D)^{0.618}$	0.901	2.250	0.065	0.037	2.305	8.826	11.628
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.068+0.309\times0.408^{\ln(D)})$	0.882	3.708	0.205	0.073	2.952	11.443	14.245
	幂函数	$\ln(W)=3.361\ln(DH)^{0.679}$	0.930	0.118	0.010	0.002	0.518	4.306	7.108
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.068+0.341\times0.617^{\ln(DH)})$	0.920	0.887	0.075	0.055	1.439	5.527	8.330
根	幂函数	$\ln(W)=2.929\ln(D)^{0.985}$	0.916	1.723	0.122	0.047	2.621	7.916	10.718
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.079+0.899\times0.333^{\ln(D)})$	0.894	3.337	0.413	0.093	3.912	8.466	11.268
	幂函数	$\ln(W)=1.313\ln(DH)^{1.073}$	0.932	0.009	0.007	0.000	0.186	3.983	6.786
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.079+1.005\times0.555^{\ln(DH)})$	0.925	0.566	0.145	0.053	1.662	4.421	7.223
叶	幂函数	$\ln(W)=1.609\ln(D)^{1.483}$	0.928	0.985	0.109	0.026	1.908	6.393	9.196
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.078+2.515\times0.249^{\ln(D)})$	0.904	3.922	0.678	0.085	4.722	7.634	10.436
	幂函数	$\ln(W)=0.495\ln(DH)^{1.599}$	0.925	1.076	0.143	0.051	2.321	5.329	8.131
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.078+2.838\times0.476^{\ln(DH)})$	0.927	0.596	0.161	0.056	1.795	4.420	7.222
枝	幂函数	$\ln(W)=1.516\ln(D)^{1.585}$	0.922	1.524	0.195	0.076	2.813	5.886	8.689
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.076+2.451\times0.244^{\ln(D)})$	0.926	0.679	0.091	0.078	2.067	4.957	7.759
	幂函数	$\ln(W)=0.456\ln(DH)^{1.676}$	0.883	9.530	0.273	0.370	6.578	18.882	21.684
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.076+2.58\times0.477^{\ln(DH)})$	0.919	1.624	0.381	0.080	2.980	8.852	11.655
全株	幂函数	$\ln(W)=5.589\ln(D)^{0.642}$	0.900	2.558	0.071	0.039	2.363	9.444	12.246
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.066+0.32\times0.403^{\ln(D)})$	0.881	4.553	0.239	0.089	3.166	13.297	16.100
	幂函数	$\ln(W)=3.284\ln(DH)^{0.705}$	0.930	0.108	0.010	0.002	0.479	4.287	7.090
	Logistic	$\ln(W)=1/(0.066+0.355\times0.614^{\ln(DH)})$	0.919	1.133	0.090	0.066	1.582	5.995	8.798

注: SSE :残差平方和; RS :总相对误差; E_1 :平均相对误差; E_2 :平均相对误差绝对值; AIC :akaike information criterion; BIC :bayesian information criterion。

表 3 中庸木生物量模型及检测评价指标

Table 3 The biomass model and test evaluation in *C. lanceolata*

器官	方程	回归模型	R^2	评价指标					
				SSE	$RS/\%$	$E_1/\%$	$E_2/\%$	AIC	BIC
干	幂函数	$\ln(W)=3.521\ln(DH)^{0.651}$	0.929	0.180	0.019	0.005	0.740	4.463	6.901
根	幂函数	$\ln(W)=1.288\ln(DH)^{1.085}$	0.932	0.014	0.015	0.001	0.300	3.973	6.410
叶	Logistic	$\ln(W)=1/(0.082+3.402\times0.454^{\ln(DH)})$	0.925	0.656	0.146	0.215	3.178	5.811	8.248
枝	Logistic	$\ln(W)=1/(0.083+3.584\times0.191^{\ln(D)})$	0.925	0.721	0.086	0.153	2.977	5.170	7.608
全株	幂函数	$\ln(W)=3.496\ln(DH)^{0.665}$	0.928	0.239	0.022	0.006	0.846	4.606	7.044

3.3 被压木最优模型的拟合

被压木各器官和全株生物量最优模型的拟合结果和检验(表 4)表明,模型预测精度较高,各个生物量回归模型均在 0.05 水平上成显著性,在 5 个生物量模型中,幂函数模型占 3 个,分别为树干、树叶和全株的生物量模型,树干和全株自变量为 DH ,树叶模型自变量均为 D ;Logistic 函数模型占 2 个,生物量模型是树根和树枝的生物量模型,树根自变量为 DH ,树枝模型自变量均为 D 。杉木生物量模型中 AIC 和 BIC 主要是做为模型的选择指标,是对模型的拟合效果进行评价和选择的比较重要指标(表 4)。

参考 SSE 、 RS 、 E_1 、 E_2 4 中检测值,再根据 AIC

和 BIC 同时最小原则,选取树干(DH)、树叶(D)、全株(DH)的生物量模型均为幂函数,选取树根(DH)和树枝(D)的生物量模型均为 logistics 方程。

4 结论与讨论

在以往的生物量模型研究中,常用的估算模型有幂函数模型、多项式模型、指数函数模型和 Logistic 函数模型 4 种。而自变量数量一般应当少选,使模型趋于简单化,尽量减少变量间的相互抵触^[22-24]。本研究中,生物量模型因变量选用杉木各器官和全株的生物量,自变量选用胸径、树高以及胸径与树高的结合的形式,一些学者认为模型中除胸径外,加入

表 4 被压木生物量模型及检测评价指标

Table 4 The biomass model and test evaluation in *C. lanceolata*

器官	方程	回归模型	R^2	评价指标					
				SSE	RS/%	E_1 /%	E_2 /%	AIC	BIC
干	幂函数	$\ln(W)=3.645\ln(DH)^{0.626}$	0.930	0.100	0.016	0.004	0.774	4.250	5.917
根	Logistic	$\ln(W)=1/(0.091+0.993\times0.53^{\ln(DH)})$	0.929	0.107	0.102	0.023	1.099	3.987	5.654
叶	幂函数	$\ln(W)=1.17\ln(D)^{1.91}$	0.926	0.582	0.262	0.087	2.749	4.782	6.449
枝	幂函数	$\ln(W)=1.241\ln(D)^{1.849}$	0.921	1.290	0.444	0.172	4.900	5.468	7.134
全株	幂函数	$\ln(W)=3.64\ln(DH)^{0.636}$	0.929	0.115	0.017	0.004	0.813	4.286	5.953

树高变量后,可以消除同一树种在不同生长势树木之间的差异^[24,26]。综合多方面的考虑,本研究使用胸径、树高或胸径与树高相结合的形式作为生物量模型中的自变量,经过拟合测试,杉木成熟林模型的自变量选择 D 、 D^2 、 DH 、 D^2H 4 种类型较为适宜,证明了幂函数和 Logistic 函数作为杉木生物量的预估模型具有较好的生物学意义^[27]。

采用幂函数方程和 Logistic 函数作为生物量的预估模型,适用于大尺度森林生物量的估算^[11,24],模型中自变量选取 D 、 DH ,可较好解释生物量变动幅度^[11,23]。对各器官生物量和总生物量取自然对数作为因变量,根据杉木各器官生物量和总生物量回归曲线以及各个方程的评价指标综合判断方程的拟合效果,从而选出最优拟合模型。

参考文献:

[1] 冯慧想. 杨树人工林生长特性及生物量研究[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2007.

[2] 彭少麟, 方炜. 南亚热带森林演替过程生物量和生产力动态特征[J]. 生态科学, 1995(2): 1-9.

PENG S L, FANG W. Features of biomass and productivity dynamics in successional process of low subtropical forest[J]. Ecological Science, 1995(2): 1-9. (in Chinese)

[3] EBERMAYER E. Die gesamte lehre der waldstreu mit rücksicht auf die chemische statik des waldbaues[M]. Berlin: Julius Springer, 1876.

[4] 殷淑燕, 刘玉成. 大头茶构件种群生物量及叶面积动态[J]. 植物生态学报, 1997, 21(1): 83-89.

YIN S Y, LIU Y C. Biomass and leaf area dynamics of modular populations in *Gordonia acuminata* [J]. Acta Phytocologica Sinica, 1997, 21(1): 83-89. (in Chinese)

[5] CHOJNACKY D C. Allometric scaling theory applied to FIA biomass estimation; GFR NC-230[R]. North Central Research Station, Forest Service USDA, 2002: 96-102.

[6] JENKINS J C, CHOJNACKY D C, HEATH L S, *et al.* National-scale biomass estimators for United States tree species [J]. For. Sci., 2003, 49(1): 12-35.

[7] SNORRASON A, EINARSSON S F. Single-tree biomass and stem volume functions for eleven tree species used in Icelandic forestry[J]. Icelandic Agric. Sci., 2006(19): 15-24.

[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] BLUJDEA V N B, PILLI R, DUTCA I, *et al.* Allometric biomass equations for young broadleaved trees in plantations in Romania[J]. Forest Ecology and Management, 2012, 264: 172-184.

[10] 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: 29-37.

[11] 曾伟生, 肖前辉, 胡觉, 等. 中国南方马尾松立木生物量模型研建[J]. 中南林业科技大学学报, 2010, 30(5): 50-56.

ZENG W S, XIAO Q H, HU J, *et al.* Establistenent of single-tree bimass equations for *Pinus massoniana* in southern China [J]. Journal of Central South University of Forestry &. Technology, 2010, 30(5): 50-56. (in Chinese)

[12] 尹艳豹, 曾伟生, 唐守正. 中国东北落叶松立木生物量模型的研建[J]. 东北林业大学学报, 2010, 38(9): 23-26.

YIN Y B, ZENG W S, TANG S Z. Modeling of standing tree biomass for larch in northeast China. [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2010, 38(9): 23-26. (in Chinese)

[13] 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]. Can. J. For. Res., 2011, 41(7): 1547-1554.

[14] 王为斌, 党永峰, 曾伟生. 东北落叶松相容性立木材积和地上生物量方程研建[J]. 林业资源管理, 2012(2): 69-73.

WANG W B, DANG Y F, ZENG W S. Compatible tree volume and above-ground biomass equations for larch (*Larix* spp.) in northeastern China [J]. Forest Resources Management, 2012(2): 69-73. (in Chinese)

[15] ZENG W S, TANG S Z. Modeling compatible single-tree biomass equations of Masson pine (*Pinus massoniana*) in southern China[J]. Journal of Forestry Research, 2012, 23(4): 593-598.

[16] 姜鹏, 任佳佳, 任仙, 等. 典型针阔混交林中山杨生物量和碳储量研究[J]. 西北林学院学报, 2014, 29(1): 15-20.

JIANG P, REN J J, REN X, *et al.* Biomass and carbon storage of *Populus davidiana* in typical theropencedrymion[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2014, 29(1): 15-20. (in Chinese)

[30] HUANG S,PRICE D,J TITUS S. Development of ecoregion-based height-diameter models for white spruce in boreal forests[J]. Forest Ecology and Management,2000,129(1):125-141.

[31] FANG Z,BAILEY R L. Nonlinear mixed effects modeling for slash pine dominant height growth following intensive silvicultural treatments[J]. Forest Science,2001,47(3):287-300.

[32] MENG S X, HUANG S. Improved calibration of nonlinear mixed-effects models demonstrated on a height growth function[J]. Forest Science,2009,55(3):238-248.

[33] DAVIDIAN M,GILTINAN D M. Nonlinear models for repeated measurement data[M]. New York:Chapman & Hall, 1995.

[34] FU L,SUN H,SHARMA R P,*et al.* Nonlinear mixed-effects crown width models for individual trees of Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) in south-central China[J]. Forest Ecology and Management,2013(302):210-220.

[35] CASTEDO D F,DI E GUEZ-ARANDA U,BARRIO A M,*et al.* A generalized height—diameter model including random components for radiata pine plantations in northwestern Spain [J]. Forest Ecology and Management,2006,229(1):202-213.

[36] IHAKA R,GENTLEMAN R. R: A language and environment for statistical computing[DB/CD]. Vienna, Austria; R Foundation for Statistical Computing,2004.

[37] 李春明. 随机截距效应在模拟杉木人工林单木胸径生长量中的应用[J]. 北京林业大学学报,2011,33(4):7-12.

LI C M. Using random intercept effects in DBH increment model of individual trees for fir plantation[J]. Journal of Beijing Forestry University,2011,33(4):7-12. (in Chinese)

(上接第 40 页)

[17] 方精云,刘国华,徐嵩龄. 我国森林植被的生物量和净生产量[J]. 生态学报,1996,16(4):497-508.

FANG J Y,LIU G H,XU S L. Biomass and net production of forest vegetation in China [J]. Acta Ecologica Sinica,1996,16(4):497-508. (in Chinese)

[18] 张其水,俞新妥. 连栽杉木林生长状况的调查研究[J]. 福建林学院学报,1992,12(3):33-38.

ZHANG Q S,YU X T. An incestlgation of artificlal fir stands in the reteated plantation woodland in Sanming, Fujian[J]. Journal of Fujian College of Forestry,1992,12(3):33-38.

[19] 刘景芳,童书振. 杉木林经营新技术[M]. 世界林业研究,1996(9):6-24.

[20] 刘洪愕. 关于森林生物量及其研究[J]. 浙江林学院科技通讯,1981(2):67-77.

[21] 沈国舫,翟明普. 森林培育学[M]. 北京:中国林业出版社,2010.

[22] 涂宏涛,孙玉军,刘素真,等. 福建将乐灌木生物量模型研究[J]. 西北林学院学报,2015,30(4):89-93.

TU H T,SUN Y J,LIU S Z,*et al.* Establishment of the models on shrub biomass in Jiangle Forest Farm, Fujian[J]. Journal of Northwest Forestry University,2015,30(4):89-93. (in Chinese)

[23] 彭小勇. 闽北杉木人工林地上部分生物量模型的研究[D]. 福州:福建农林大学,2007.

[24] 胥辉. 立木生物量模型构建及估计方法的研究[D]. 北京:北京林业大学,1998.

[25] GERRY P Q,MICHAEL J K. 生物实验设计与数据分析[M]. 蒋志刚,李春旺,曾岩,译. 北京:高等教育出版社,2003.

[26] 罗旭. 基于三维激光扫描测绘系统的森林计测学研究[D]. 北京:北京林业大学,2006.

[27] 李燕,张建国,段爱国,等. 杉木人工林生物量估算模型的选择[J]. 应用生态学报,2010,21(12):3036-3046.

LI Y,ZHANG J G,DUAN A G,*et al.* Selection of biomass estimation models for Chinese fir plantation [J]. Chinese Journal of Applied Ecology,2010,21(12):3036-3046. (in Chinese)