

内蒙古大兴安岭天然白桦生物量估算模型

王 微¹, 王 冰^{1,2*}, 张向龙¹, 张秋良^{1,2}, 郝 帅^{1,2}

(1. 内蒙古农业大学 林学院, 内蒙古 呼和浩特 010019; 2. 内蒙古大兴安岭森林生态系统国家野外科学观测研究站, 内蒙古 根河 022350)

摘 要:构建天然白桦预估精度较高的生物量模型,为天然白桦林的生产力估测及生产经营提供科学依据。根据白桦标准木实测数据,选择与生物量分布关系密切且易于人工获取的测树因子(胸径、树高及其组合形式),采用留一交叉验证法,通过比较异速生长模型与相容性生物量模型拟合结果,筛选内蒙古大兴安岭地区天然白桦生物量的最优估算模型。基于异速生长关系建立的2种生物量模型,以胸径和树高组合形式(D^2H)为自变量的二元模型优于以胸径(D)为单独预测变量的一元模型,其校正决定系数 Adjusted R^2 介于 0.846~0.953。对于相容性生物量模型,以胸径(D)为单独预测变量的一元相容性模型优于以胸径和树高组合形式(D^2H)为自变量的二元相容性模型,其校正决定系数 Adjusted R^2 介于 0.752~0.961。2种不同方案建立的最优生物量模型的拟合精度均为单株总生物量和树干生物量的模型最好,树枝生物量模型最差,且除树枝外的各项生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 及其余各项评价指标(ME、RSME、MAE)均高度相似。上述2种不同方案所建立的生物量模型均能够对内蒙古大兴安岭天然白桦生物量作出较准确的预估;若考虑模型的适用性和自变量的可获取性,建议采用以胸径为自变量的一元相容性生物量模型对天然白桦生物量进行预估。

关键词:大兴安岭;白桦;异速生长模型;相容性模型;生物量

中图分类号:S792.153

文献标志码:A

文章编号:1001-7461(2023)06-0180-09

Biomass Estimation Models of Natural *Betula platyphylla* Forests in Daxinganling, Inner Mongolia

WANG Wei¹, WANG Bing^{1,2*}, ZHANG Xiang-long¹, ZHANG Qiu-liang^{1,2}, HAO Shuai^{1,2}

(1. Forestry College, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010019, Inner Mongolia, China;

2. Forest Ecosystem National Observation and Research Station of Daxinganling, Genhe 022350, Inner Mongolia, China)

Abstract: The biomass model of natural *Betula platyphylla* forest with high prediction accuracy was constructed to provide a scientific basis for the productivity estimation and management of the forest. Based on the measured data of *B. platyphylla* standard wood, the forest-mensuration factors (diameter at breast height, tree height and their combinations) that are closely related to biomass distribution and easy to be obtained were selected, and the leave-one-out cross-validation method was used. By comparing the fitting results of allometric growth model and compatibility biomass model, the optimal estimation model of natural *B. platyphylla* biomass in Daxinganling, Inner Mongolia was selected. Among the two biomass models based on the allometric growth relationship, the binary model with DBH and tree height (D^2H) as independent variable (Adjusted $R^2=0.846-0.953$) was better than the univariate model with DBH (D) as single independent variable. For the compatibility biomass models, the univariate compatibility model with DBH (D) as the single variable (Adjusted $R^2=0.752-0.961$) was superior to the binary compatibility

收稿日期:2022-10-25 修回日期:2023-01-31

基金项目:内蒙古自治区科技计划项目(2020GG0067);国家自然科学基金项目(32260389);内蒙古农业大学林学院青年教师科研基金。

第一作者:王 微。研究方向:森林可持续经营。E-mail:136027626@qq.com

*通信作者:王 冰,博士,副教授。研究方向:森林可持续经营。E-mail:wbingbing2008@126.com

model with DBH and tree height (D^2H) as the independent variable. The fitting accuracy of the optimal biomass models established by the two different schemes showed that the models of total biomass and stem biomass were the best, the branch biomass model was the worst, and the correlation coefficients Adjusted R^2 and the other evaluation indicators (ME, RSME, MAE) of various biomass models were highly similar except for branches. The biomass models developed by the above two different schemes can clearly predict the biomass of natural *B. platyphylla* forest in the Daxinganling of Inner Mongolia. Considering the model applicabilities and the independent variable accessibilities, a univariate compatibility biomass model with DBH as the independent variable is recommended for natural *B. platyphylla* biomass estimation.

Key words: Daxinganling; *Betula platyphylla*; allometric growth model; compatibility model; biomass

生物量是评价林分产量和碳汇的主要指标,是估测森林生态系统碳储量的依据,同时也对森林质量的评价起主要作用^[1]。它是生态系统物质循环和能量流动的基础和关键因子,直接反映了生态系统功能的强弱,对生态系统结构的形成有着非常重要的影响。目前生物量估测主要有直接收获法与模型估测法两种。其中,直接收获法对生物量估测最为直观、准确。但工作量大且对森林生长的破坏性强,同时估测较大尺度内的森林生物量也不容易实现;模型估测法是利用数学建模方法,构建生物量与易测因子及其组合形式间的回归方程,能够快速、准确且不具有破坏性地对林分或生态系统生物量进行估测,从而为大尺度动态监测森林生物量变化提供数据支撑^[2]。目前,我国已为云杉(*Picea asperata*)、桉树(*Eucalyptus robusta*)、马尾松(*Pinus massoniana*)和一些阔叶树种构建了生物量相对方程^[3],而对白桦生物量模型方程的研究主要集中在地上部分,缺少对根系生物量模型的研究^[4],对单株立木白桦生物量模型的研究相对较少,特别对大兴安岭天然白桦生物量模型的研究^[5-6]更是鲜有报道。

根据大量研究表明,在过去的几十年里,利用异速生长模型法估测生物量的研究颇多^[7]。与皆伐法相比,异速生长模型法不仅可以节省大量的人力和物力,而且工作效率高、破坏性小。异速生长模型仅利用树木的易测因子(胸径、树高及其组合形式)便可快速推算出立木的总生物量和各组分生物量。然而在构建各分项生物量模型时,若各组分生物量模型均是独立建模的,往往在模型间会存在各分项生物量预测值之和与单株总生物量的预测值不相等的现象,即模型的不可加性。为解决生物量各分量与单株总生物量不相容问题,许多学者^[8-9]提出联立方程组的方法,并使用不同的结构形式建立相容性生物量模型^[11],从而解决各分项生物量与总量间的不可加问题。

白桦(*Betula platyphylla*)是一种耐寒性强、耐瘠薄、生长快、萌芽能力强的树种。白桦在我国大兴安岭地区分布甚广,其面积占大兴安岭林区总面积的

39.2%,是阔叶落叶林及针叶阔叶混交林中常见的伴生树种。特别是在经历林火之后的林地,白桦作为次生林的先锋树种,表现出更新能力强的特点,形成大片白桦林;同时它也是天然林的主要树种之一,在大兴安岭地区发挥着重要的生态功能。本研究以内蒙古大兴安岭天然白桦为研究对象,以白桦生物量实测数据为基础,从自变量可靠性、易获取性和模型的实用性等原则出发^[11],充分考虑模型自变量与生物量之间的关联性^[12],选取适宜自变量,建立生物量的异速生长模型和相容性模型,通过对评价指标的分析,比较相容性模型和异速生长模型的优劣,为大兴安岭白桦林生物量精确估测提供方法借鉴和数据支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于内蒙古大兴安岭根河林业局潮查林场的试验区内,地理位置为 $50^{\circ}51' - 50^{\circ}53'N$, $121^{\circ}30' - 121^{\circ}32'E$,属于寒温带大陆性湿润季风气候。年平均气温 $-5.3^{\circ}C$,全年无霜期平均90 d,年降水量450~500 mm,以7—8月为主。研究区内主要乔木树种有兴安落叶松(*Larix gmelinii*)、白桦、山杨(*Populus davidiana*)等^[13]。

1.2 标准地设置与样品采集处理

2021年和2022年,选择立地条件一致的天然白桦林,设置了16块 $30\text{ m} \times 30\text{ m}$ 的标准地,对每块标准地内胸径 $\geq 5\text{ cm}$ 的林木进行每木检尺,记录胸径、树高、冠幅等因子。根据每木检尺数据在每块标准地内选取3株健康的标准木作为解析木,伐倒后,按照2 m区分段,测定每段树干的鲜质量,并分层选取枝叶样品称其鲜重。由于活细根(直径 $\leq 1 \sim 2\text{ mm}$)通常很难从土壤有机成分或枯落物中区分出来,并且其质量变化对根系总生物量的影响不大,同时全部根系人工挖掘难度较大,因此本研究仅挖掘根径 $> 2\text{ mm}$ 的树根^[14],测定根的鲜质量。将所有样品带回室内,并在 $95^{\circ}C$ 烘箱内烘干至恒重,进行称重,计算各组分生物量并记录。统计因子见表1。

表 1 天然白桦基本测树因子和组分生物量统计

Table 1 Summary statistics of tree measurement factors and component biomass for natural *Betula platyphylla*

统计量	测树因子		生物量/kg				
	胸径/cm	树高/m	树根	树枝	树叶	树干	地上部分生物量
最小值	5.00	2.10	4.137	1.502	0.226	7.671	9.399
最大值	37.80	38.70	21.259	6.514	4.340	74.342	85.196
平均值	11.77	16.13	10.992	3.448	1.498	38.300	42.246
标准差	32.80	36.60	17.122	5.012	4.114	66.671	75.797

1.3 生物量模型构建

在 16 块标准地内按平均树高胸径法各选 3 株标准木,共得到解析木 48 株。48 株白桦生物量数据全部参与生物量建模,采用留一交叉验证法对模型进行构建和检验。

为了适应大尺度森林生物量预估,为天然白桦林生产力估测和生产经营提供数据支撑,在建立生物量模型过程中,在众多测树因子中,选择与森林生物量关系密切且易于获取的,故本文选择树高和胸径作为建立模型的基本参数。

1.3.1 异速生长关系模型拟合 利用异速生长关系模型建立生物量模型时,选用两种模型:以胸径为自变量的一元模型即 CAR 模型与最常用的以胸径和树高的组合形式(D^2H)为自变量的二元模型^[2,15]。具体公式如下

$$w = aD^b \quad (1)$$

$$w = a(D^2H)^b \quad (2)$$

式中: w 为生物量; D 为立木胸径; H 为立木树高; a 、 b 为模型待估计参数。

1.3.2 相容性生物量模型拟合 利用异速生长关

系模型中的 2 个公式分别对各分项生物量及单株总生物量进行拟合,并从模型可加性角度出发,构建相容性生物量模型。

参考唐守正等^[16]给出的分析和计算的思路,本文采用以代数和分配法解决模型的相容性问题。首先计算出天然白桦树根、树干、树枝和树叶的生物量模型,其次将 4 部分生物量进行加和,使其与单株总生物量相等。

1.3.2.1 一元相容性生物量模型

$$\begin{cases} w_3 = a_3 D^{b_3} \\ w_4 = a_4 D^{b_4} \\ w_5 = a_5 D^{b_5} \\ w_6 = a_6 D^{b_6} \\ w_1 = a_1 D^{b_1} = a_3 D^{b_3} + a_4 D^{b_4} + a_5 D^{b_5} + a_6 D^{b_6} \end{cases} \quad (3)$$

式中: w_1 为单株总生物量; w_3 、 w_4 、 w_5 和 w_6 分别表示树根、树干、树枝和树叶; a_1 、 a_3 、 a_4 、 a_5 、 a_6 、 b_1 、 b_3 、 b_4 、 b_5 和 b_6 为模型参数。

由式(3)简化可得式(4)如下

$$\begin{cases} w_3 = \frac{a_3 D^{b_3}}{a_3 D^{b_3} + a_4 D^{b_4} + a_5 D^{b_5} + a_6 D^{b_6}} a_1 D^{b_1} = \frac{r_3 D^{k_3}}{r_3 D^{k_3} + 1 + r_1 D^{k_1} + r_2 D^{k_2}} a_1 D^{b_1} \\ w_4 = \frac{a_4 D^{b_4}}{a_3 D^{b_3} + a_4 D^{b_4} + a_5 D^{b_5} + a_6 D^{b_6}} a_1 D^{b_1} = \frac{1}{r_3 D^{k_3} + 1 + r_1 D^{k_1} + r_2 D^{k_2}} a_1 D^{b_1} \\ w_5 = \frac{a_5 D^{b_5}}{a_3 D^{b_3} + a_4 D^{b_4} + a_5 D^{b_5} + a_6 D^{b_6}} a_1 D^{b_1} = \frac{r_1 D^{k_1}}{r_3 D^{k_3} + 1 + r_1 D^{k_1} + r_2 D^{k_2}} a_1 D^{b_1} \\ w_6 = \frac{a_6 D^{b_6}}{a_3 D^{b_3} + a_4 D^{b_4} + a_5 D^{b_5} + a_6 D^{b_6}} a_1 D^{b_1} = \frac{r_2 D^{k_2}}{r_3 D^{k_3} + 1 + r_1 D^{k_1} + r_2 D^{k_2}} a_1 D^{b_1} \end{cases} \quad (4)$$

式中: $r_1 = a_5/a_4$, $r_2 = a_6/a_4$, $r_3 = a_3/a_4$; $k_1 = b_5 - b_4$, $k_2 = b_6 - b_4$, $k_3 = b_3 - b_4$ 。其中 r_1 、 r_3 、 k_1 、 k_3 、 a_1 、 b_1 为待估计参数,其初始值为单株总生物量、树干、树枝、树叶和树根基础模型的参数估计值。

1.3.2.2 二元相容性生物量模型 利用 D^2H 将方案 2 中一元相容性生物量模型公式(4)中的 D 替换,便可得到式(5),即二元相容性生物量模型简化式

$$\begin{cases} w_3 = a_1 r_3 D^{2k_3+2b_1} H^{k_3+b_1} / (1 + r_1 D^{2k_1} H^{k_1} + r_2 D^{2k_2} H^{k_2} + r_3 D^{2k_3} H^{k_3}) \\ w_4 = a_1 r_3 D^{2b_1} H^{b_1} / (1 + r_1 D^{2k_1} H^{k_1} + r_2 D^{2k_2} H^{k_2} + r_3 D^{2k_3} H^{k_3}) \\ w_5 = a_1 r_1 D^{2k_1+2b_1} H^{k_1+b_1} / (1 + r_1 D^{2k_1} H^{k_1} + r_2 D^{2k_2} H^{k_2} + r_3 D^{2k_3} H^{k_3}) \\ w_6 = a_1 r_2 D^{2k_2+2b_1} H^{k_2+b_1} / (1 + r_1 D^{2k_1} H^{k_1} + r_2 D^{2k_2} H^{k_2} + r_3 D^{2k_3} H^{k_3}) \end{cases} \quad (5)$$

1.3.3 生物量模型参数的估计 本研究在利用异速生长关系模型构建生物量模型时,生物量的数据统计使用 excel,对于单株总生物量及各分项生物量回归模型的拟合与检验采用 SPSS23.0 和 Python3.6。

本研究所建立的相容性生物量模型与前人研究相一致,均存在异方差性。故需要对异方差进行消除,本研究利用 ForStat3.0 非线性度量误差联立方程组进行参数估计计算^[16-17]。大量研究表明,目前在加权回归方面已经有了许多成果^[18-19]。在进行加权回归时,需要选择权函数,而最优权函数则根据模型的不同而有差异。利用原函数来构造权函数是一种简便、实用的方法,能应用于任意形式的方程^[20]。本研究权函数的选取:利用各分项基模型进行拟合,得到残差的异方差模型,并将其近似地确定为以胸径(D)为自变量的加权回归方程 $\sigma(x)$,则权函数为 $G = 1/\sigma(x)$,即权重变量为 $G = 1/\sigma^x$ 。在用 ForStat3.0 求解参数时,需在方程两侧同时加入权重变量 $G = 1/D^x$ 。

1.3.4 生物量模型的评价 本研究的全部数据参与生物量建模,采用留一交叉法对模型进行检验。通过 4 个常用指标对所构建的生物量模型进行评价,分别是校正决定系数(Adjusted R^2)、平均绝对误差(MAE,式中用 M_{AE} 表示)、平均相对误差(ME,式中用 M_E 表示)及均方根误差(RMSE,式中用 R_{MSE} 表示)。在模型中增加自变量,决定系数 R^2 往往会增大,因此引入校正决定系数 Adjusted R^2 ,其可剔除变量个数对模型拟合优度的影响^[21]。具体公式如下

Adjusted $R^2 = 1 - \left[\frac{(1 - R^2)(n - 1)}{n - p - 1} \right]$ (6)

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

$M_{AE} = \frac{\sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i|}{n}$ (8)

$M_E = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)}{n}$ (9)

$R_{SME} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{n - p}}$ (10)

式中: y_i 、 \hat{y}_i 、 \bar{y}_i 分别代表生物量实测值、生物量估计值和样本测量值的平均值; n 为样本量; p 为参数个数。

2 结果与分析

2.1 基于异速生长关系的模型拟合(方案 1)

利用异速生长关系拟合出的天然白桦一元生物量模型的模型参数及评价指标见表 2。由表 2 可知,各组分模型的拟合优度均较好,Adjusted R^2 均在 0.800 以上。其中,拟合效果最好的是单株总生物量的模型,Adjusted R^2 为 0.932;拟合效果次之的是树干生物量模型和树枝生物量模型,Adjusted R^2 分别为 0.928 和 0.922;其次是根系生物量模型,Adjusted R^2 为 0.897;拟合效果最差的是树叶生物量模型,Adjusted R^2 为 0.847。树根、树枝及树叶生物量模型的均方根误差 RMSE 均 <0.5 kg,单株总生物量模型和树干生物量模型的均方根误差在 3.0 kg 左右,分别为 3.0 kg 和 3.2 kg。所拟合的所有模型的平均绝对误差 MAE 与平均相对误差 ME 均 <2.1 kg。基于异速生长关系拟合的一元生物量模型的拟合精度表现为总量 $>$ 树干 $>$ 树枝 $>$ 树根 $>$ 树叶。

基于异速生长关系拟合出的天然白桦二元生物量模型各参数及评价指标见表 3。由表 3 可知,各组分模型的拟合优度均较好且 Adjusted R^2 均在 0.800 以上。其中,单株总生物量和树干生物量的模型拟合效果最好,Adjusted R^2 分别为 0.953 和 0.938;树枝生物量模型的拟合效果次之,Adjusted R^2 为 0.920;其次是根系生物量,Adjusted R^2 为 0.895;树叶的模型拟合效果最差,Adjusted R^2 为 0.846。除单株总生物量与树干生物量外,其余 3 项生物量模型的均方根误差 RMSE 趋近于 0,单株总生物量模型与树干生物量模型的均方根误差 RMSE 分别为 2.6 kg 和 2.1 kg。所拟合的所有模型的平均绝对误差 MAE 均 <1.8 kg,且平均相对误差 ME 均在 0 kg 左右。基于异速生长关系拟合的二元生物量模型的拟合精度表现为总量=树干 $>$ 树枝 $>$ 树根 $>$ 树叶。

表 2 一元异速生长模型拟合的参数估计值及评价指标

Table 2 Parameter estimations and evaluation indexes of the univariate allometric growth model

模型类型		参数估计		参数标准误		拟合优度 Adjusted R^2	检验结果			
		α	b	a	b		RMSE	MAE	ME	Sig.
总量	$w=\alpha D^b$	0.096	2.492	0.114	0.150	0.932	2.966	2.114	-0.002	0.048
树干		0.026	2.843	0.077	0.204	0.928	3.154	1.408	-0.000	0.042
树根		0.101	1.888	0.031	0.092	0.897	0.133	0.080	-0.008	0.049
树枝		0.053	1.706	0.019	0.100	0.922	0.297	0.200	-0.040	0.006
树叶		0.003	2.469	0.004	0.224	0.847	0.297	0.200	-0.004	0.031

表 3 二元异速生长模型拟合的参数估计值及评价指标

Table 3 Parameter estimations and evaluation indexes of the binary allometric growth model

模型类型		参数估计		参数标准误		拟合优度	检验结果			
		α	b	α	b	Adjusted R^2	RMSE	MAE	ME	Sig.
总量	$w = \alpha(D^2H)^b$	204.815	0.905	0.134	0.046	0.953	2.581	1.762	0.001	0.046
树干		162.738	1.037	0.360	0.066	0.938	2.118	1.395	0.001	0.039
树根		33.103	0.678	0.446	0.034	0.895	0.137	0.098	0.006	0.042
树枝		9.879	0.612	0.498	0.038	0.920	0.168	0.120	0.000	0.049
树叶		6.268	0.887	0.621	0.087	0.846	0.301	0.209	0.001	0.050

基于上述 2 种异速生长模型的比较, 2 种模型对单株总生物量以及除树叶外其他组分的生物量均具有良好的评价效果。在构建的各组分生物量模型中, 拟合效果最好的是树干生物量模型, 其次是树根生物量和树枝生物量模型, 拟合效果最差的是树叶生物量模型。自变量中引入树高 H 后, 单株总生物量模型及树干生物量模型的拟合优度均有提升, 而树根、树枝及树叶生物量模型的拟合优度基本保持不变。此外, 基于异速生长关系建立的二元生物量模型在 MAE、ME 及 RMSE 上均小于一元异速生长模型。故综上所述, 基于异速生长关系拟合出的

二元生物量模型较优于一元生物量模型。单株总生物量、树根、树干、树枝及树叶所对应的二元生物量模型分别为: $w_1 = 204.815(D^2H)^{0.905}$ 、 $w_3 = 33.103(D^2H)^{0.678}$ 、 $w_4 = 162.738(D^2H)^{1.037}$ 、 $w_5 = 9.879(D^2H)^{0.612}$ 、 $w_6 = 6.268(D^2H)^{0.887}$ 。总体而言, 此方案所采用的上述 2 种模型均能够对大兴安岭地区天然白桦林生物量作出比较清晰的预估, 但 2 种模型中, 二元异速生长模型较好。

2.2 相容性生物量模型拟合(方案 2)

基于以代数和分配解决模型相容性建立的生物量模型的拟合参数及评价指标见表 4 和表 5。

表 4 相容性生物量模型的参数估计值^①

Table 4 Parameter estimations of compatibility biomass models

模型及类型	参数							
	a_1	b_1	r_1	k_1	r_2	k_2	r_3	k_3
一元估计值	0.046	2.814	3.600	8.600	0.300	-0.740	8.600	-1.336
一元标准误	0.133	0.015	0.536	0.013	0.050	0.012	0.068	0.009
二元估计值	207.341	0.994	0.049	-0.512	0.029	-0.263	0.115	-0.472
二元标准误	0.171	0.037	0.551	0.019	0.051	0.017	0.075	0.013

注: ①树叶的权重变量分别为 $1/D^{1.5}$; 其余各组分权重变量均为 $1/D$ 。下同。

表 5 相容性生物量模型的评价指标^①

Table 5 Evaluation indexes of compatibility biomass models

指标	模型类型	拟合优度	检验结果			
		Adjusted R^2	RMSE	MAE	ME	Sig.
总量	一元	0.961	2.499	1.662	0.002	0.049
	二元	0.961	2.562	1.706	-0.002	0.030
树干	一元	0.947	2.133	1.474	-0.005	0.010
	二元	0.943	3.096	2.001	-0.510	0.004
树根	一元	0.880	0.141	0.094	0.004	0.043
	二元	0.728	0.841	0.729	0.028	0.001
树枝	一元	0.899	0.170	0.212	0.002	0.019
	二元	0.882	0.209	0.223	-0.023	0.047
树叶	一元	0.752	0.288	0.156	-0.001	0.000
	二元	0.840	0.267	0.139	-0.013	0.050

由表 5 可知, 以代数和分配建立的一元、二元相容性生物量模型中, 除树根的二元相容性生物量模型及树叶的一元相容性生物量模型外, 其余模型的

拟合效果均较好, 其校正决定系数 Adjusted R^2 均在 0.800 以上。2 种模型均对于单株总生物量的拟合效果最好, Adjusted R^2 为 0.961; 对于建立的各

分项一元相容性生物量模型而言,拟合效果最好的是树干生物量模型, Adjusted R^2 为 0.947; 树枝生物量模型的拟合效果次之, Adjusted R^2 为 0.899; 其次是根系生物量模型, Adjusted R^2 为 0.880; 拟合效果最差的为树叶生物量模型, Adjusted R^2 为 0.752。所有一元相容性生物量模型的均方根误差 RMSE 均 < 2.5 kg。一元相容性模型的拟合精度总体表现为总量 $>$ 树干 $>$ 树枝 $>$ 树根 $>$ 树叶。对于所构建的各分项二元相容性生物量模型来说, 树干生物量模型拟合效果最好, Adjusted R^2 达 0.943; 树枝和树叶生物量模型次之, Adjusted R^2 分别为 0.882 和 0.840; 最差的为根系生物量模型, Adjusted R^2 为 0.728。二元相容性模型拟合精度总体表现为总量 $>$ 树干 $>$ 树枝 $>$ 树叶 $>$ 树根。

在已构建的一元和二元相容性生物量模型中, 单株总生物量、树枝生物量和树叶生物量的评价指标(RMSE、ME、MAE)的结果相似。对于树干和根系而言, 一元相容性生物量模型的均方根误差 RMSE 比二元相容性生物量模型小, 为 0.5 kg。并且 2 种模型均满足单株总生物量等于分项生物量之和, 且单株总生物量预估效果最好、树枝和树干生物量次之、树叶和树根生物量预估效果最差。以上 2 种形式的相容生物量模型均可以较好地估测大兴安岭地区天然白桦的生物量。总的来说, 在所建立的一元和二元相容性生物量模型中, 一元相容性生物量模型的拟合效果更好。一元相容性生物量模型参数 a_1 、 b_1 、 r_1 、 k_1 、 r_2 、 k_2 、 r_3 和 k_3 分别为 0.046、2.814、3.600、8.600、0.300、-0.740、8.600、-1.336。

2.3 2 种方案拟合的生物量模型比较

综合比较上述 2 种方案间选出的最优模型: 2 种形式的单株总生物量、树干生物量、树枝生物量及树根生物量模型的拟合优度均较好, 树枝生物量及树根生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 相差不大且一元相容性生物量模型的单株总生物量及树干生物量的校正决定系数 Adjusted R^2 均大于基于异速生长关系建立的二元生物量模型; 对于树叶生物量来说, 基于异速生长关系建立的二元生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 比一元相容性生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 高出 0.094, 但一元相容性生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 也达 0.750 以上, 说明其模型代表性也较强。其余 3 项模型评价指标(ME、RSME、MAE)则相差不大。同时根据 t 检验结果, 二元异速生物量模型和一元相容性生物量模型的显著性水平均 < 0.05 , 说明差异有统计意义。但相比较来看, 一元相容性生

物量模型的显著性水平优于二元异速生物量模型。因此综上所述, 对于 2 种方案间最优模型形式来说, 2 种模型拟合精度均较好; 从校正决定系数 Adjusted R^2 的比较来看, 基于异速生长关系建立的二元生物量模型较优; 从显著性水平 Sig. 值的比较来看, 一元相容性生物量模型较优。

3 结论与讨论

3.1 讨论

基于易测量指标(胸径 D 、树高 H 及其组合形式)构建生物量模型, 可以更准确地实现对森林生物量的监测和评估^[22]。根据对 Adjusted R^2 的分析可以看出模型的拟合效果, 即 Adjusted R^2 越趋近于 1 说明模型的拟合效果越好, 而 MAE、RMSE 和 ME 则是越趋近于 0 越理想^[23]。本研究 2 种方案各自选出的最优模型形式中, 单株总生物量、树干、树枝和树根生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 值均介于 0.840~0.961。虽然树叶生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 相对较低, 但也在 0.750 以上, 这与已有研究结论相符^[24-26], 可能是由于树叶受到各种外来生物因子和其他非生物因素等因子影响较大^[26], 从而可能造成了抽样误差, 进而对模型的拟合效率产生了较大的影响, 与此同时在立地条件以及郁闭度等不同因子的影响下, 树叶生物量的大小同样具有不确定性^[25]。

根据国内外专家的研究结果均可得出: 在构建生物量模型时引入树高(H)可提高生物量模型的预估精度^[14, 26-27]。Wang^[14]与 Zhou 等^[28]研究表明, 在对树干、树枝及树叶生物量预估时, 树高是一个重要变量。Wang^[14]、Meng^[27]、梁瑞婷等^[29]研究表明, 采用异速生长模型构建生物量模型时, 在自变量中引入树高(H)可以有效提高各组分生物量的预测精度。但在本文研究中, 增加树高(H)变量后, 仅有单株总生物量与树干生物量模型的预测精度显著提升, 校正决定系数 Adjusted R^2 增加, 同时 MAE、ME 及 RSME 均减小。异速生长模型方案(方案 1)所构建的 2 种生物量模型中, 拟合效果最好的是树干生物量模型, 其次是树根生物量和树枝生物量模型, 拟合效果最差的是树叶生物量模型这一结论, 与魏红等^[30]、陈志林等^[31]和孟盛旺^[4]研究结果一致。与先前的异速生长模型^[30]相比, 本研究所建立的二元异速生物量模型中, 除根系外, 其余各分项生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 均大于其模型的决定系数 R^2 , 再结合“校正决定系数 Adjusted R^2 可剔除增加或减少自变量个数对模型拟合效果的影响, 其值总是小于决定系数 R^2 ”这一结论, 可更好地

体现本研究所建立的异速生物量模型的准确性。相容性方案(方案2)所构建的2种生物量模型均满足单株总生物量等于分项生物量之和,并且与“预估效果最好的是地上单株总生物量模型、其次是树枝和树干生物量模型、预估效果最差的是树叶和树根生物量模型”这一结论相符合,这与刘薇祎等^[32]、马克西等^[33]和刘秀红等^[34]研究结果一致。本研究在2种不同方案下所建立的最优模型比较中,从校正决定系数 Adjusted R^2 及其余各项评价指标(ME、RSME、MAE)来看,2种模型所构建的单株总生物量模型、树干生物量模型、树枝生物量模型及树根生物量模型的拟合优度均较好,校正决定系数 Adjusted R^2 之间的差值可以小到忽略不计。但对于树叶生物量模型来说,基于异速生长关系建立的二元生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 优于一元相容性生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 ,但一元相容性生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 也达0.750以上,说明其代表性也较强。符合“白桦建模使用代数和法控制法预测精度更高^[35]”这一结论。其次根据统计检验显著性水平的比较,一元相容性生物量模型显著性水平较高。此外,树高(H)的测定要比胸径(D)困难和耗时,且预估精度低,尤其是高大且树冠重叠的树木。同时,树高(H)会引入传播误差,因为树高(H)测量的输入(例如抽样和随机测量误差)和估计误差,在后续单株总生物量估测时,各组分叠加会造成误差积累,由此则会导致误差增加。因此总体看来,在2种不同方案下构建的生物量模型,均可认为在白桦生物量预估上具有一定精度,但当考虑模型的适用性、自变量的可获取性,在对生物量估测时,建议以胸径(D)为自变量的一元相容性生物量模型优先考虑。

受研究区地理位置及白桦标准木数量的限制,加上影响生物量估测的诸多因素,故要通过扩大研究区域、增加样本数量、减少抽样误差和控制采样比例等多方面来提高生物量估测的精确度^[36-37],同时在外业工作进行过程中应尽可能避免树叶以及树枝的损失。在“双碳”目标下,天然白桦生物量估测模型具有更强的实用性和推广性。通过测量白桦的单独预测变量即胸径(D)便可准确估测出白桦单株及各组分的生物量,可以降低在实测中人力、物力等资源方面的实际投入。同时,生物量模型可为生态系统的碳动态分析提供基础,对碳经济的发展非常重要^[38]。在下一步研究中,还应扩大研究区范围、探索其他更具创新性的生物量估测方法,以期建立更加具有创新性、科学性的大兴安岭天然白桦生物量模型。

3.2 结论

本研究采用2种不同方案,分别建立了一元、二元异速生长模型和相容性生物量模型。结果表明,除树叶的一元相容性生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 为0.752,其余生物量模型的校正决定系数 Adjusted R^2 均在0.8以上,2种不同方案下建立的4种生物量模型均能实现对内蒙古大兴安岭天然白桦生物量较准确的估测;总体来看,单株总生物量模型和树干生物量模型的拟合效果最好;树叶生物量模型的拟合效果最差。基于异速生长关系(方案1)建立的2种生物量模型,以胸径和树高组合形式(D^2H)为自变量的二元模型较优于以胸径(D)为单独预测变量的一元模型;而相容性生物量模型(方案2)中,以胸径(D)为单独预测变量的一元相容性模型较优于以胸径和树高组合形式(D^2H)为自变量的二元相容性模型。对于2种不同建模方案下最优模型的比较,单株总生物量和树干生物量的一元相容性模型的拟合优度均优于二元异速生长模型且2种不同方案的树干、树枝生物量模型的校正决定系数相差不大;若考虑模型的适用性和自变量的可获取性,以胸径(D)为自变量的一元相容性生物量模型更适用于天然白桦生物量的预估。

参考文献:

- [1] 汪梦婷,孙继伟,李亚麒,等.不同苗龄云南松各器官生物量的分配特征研究[J].西南林业大学学报:自然科学,2020,40(3):46-51.
WANG M T, SUN J W, LI Y L, et al. Study on biomass allocation pattern of *Pinus yunnanensis* at different seedling ages [J]. Journal of Southwest Forestry University, 2020, 40(3): 46-51. (in Chinese)
- [2] 王维枫,雷渊才,王雪峰,等.森林生物量模型综述[J].西北林学院学报,2008,23(2):58-63.
WANG W F, LEI Y C, WANG X F, et al. A review of forest biomass models [J]. Journal of Northwest Forestry College, 2008, 23(2): 58-63. (in Chinese)
- [3] 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. (in Chinese)
- [4] 孟盛旺.大兴安岭主要树种地上生物量研究[D].北京:北京林业大学,2018.
- [5] 董利虎,李凤日,贾炜玮.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.
DONG L H, LI F R, JIA W W. Compatible tree biomass modes for natural white birch (*Betula platyphylla*) in Northeast China forest area [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2013, 49(7): 75-85. (in Chinese)
- [6] 刘丽颖,马燕,张绍轩,等.典型针阔混交林白桦生物量和碳储

- 量研究[J]. 林业资源管理, 2014(3): 82-86.
- LIU L Y, MA Y, ZHANG S X, *et al.* Study on biomass and carbon storage of *Betula platyphylla* in typical mixed coniferous and broadleaf forest[J]. Forest Resources Management, 2014(3): 82-86. (in Chinese)
- [7] BI H, TURNER J, LAMBERT M J. Additive biomass equations for native eucalypt forest trees of temperate Australia[J]. Trees, Structure and Function, 2004, 18(4): 467-479.
- [8] 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.
- [9] TANG S, LI Y, WANG Y. Simultaneous equations, error-in-variable models, and model integration in systems ecology[J]. Ecological Modelling, 2001, 142(3): 285-294.
- [10] 彭妮, 董利虎, 李凤日. 基于可加性生物量模型的大兴安岭东部主要林型森林植被碳储量及其分配[J]. 应用生态学报, 2016, 27(12): 3749-3758.
- PENG W, DONG L H, LI F R. Carbon storage of forest vegetation and allocation for main forest types in the east of Daxingan Mountains based on additive biomass model[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, 27(12): 3749-3758. (in Chinese)
- [11] 曾伟, 江斌, 余林, 等. 江西杉木人工林生物量分配格局及其模型构建[J]. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2016, 40(3): 177-182.
- ZENG W, JIANG B, YU L, *et al.* Biomass allocation and its model construction of *Cunninghamia lanceolata* plantations in Jiangxi Province[J]. Journal of Nanjing Forestry University: Natural Sciences Edition, 2016, 40(3): 177-182. (in Chinese)
- [12] 王轶夫, 孙玉军. 马尾松生物量模型的对比研究[J]. 中南林业科技大学学报, 2012, 32(10): 29-33.
- WANG Y F, SUN Y J. Comparative study on biomass models for *Pinus massoniana* [J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2012, 32(10): 29-33. (in Chinese)
- [13] 周梅. 大兴安岭森林水文规律研究[M]. 北京: 中国科学技术出版社, 2003.
- [14] WANG C. Biomass allometric equations for 10 co-occurring tree species in Chinese temperate forests[J]. Forest Ecology and Management, 2005, 222(1): 9-16.
- [15] 潘伟华. 国有林场林下经济的发展现状与对策[J]. 福建林业科技, 2012, 39(3): 148-150.
- PAN W H. Investigation on the forestry economic developmental status and countermeasures of state-owned farms[J]. Fujian Academy of Forestry, 2012, 39(3): 148-150. (in Chinese)
- [16] 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(S1): 19-27.
- TANG S Z, ZHANG H R, XU H. Study on establish and estimate method of compatible biomass model[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2000(S1): 19-27. (in Chinese)
- [17] 陈振雄, 贺东北, 谢国来, 等. 西藏云杉立木生物量与材积相容性模型研建[J]. 西北林学院学报, 2019, 34(3): 161-166.
- CHEN Z X, HE D B, XIE G L, *et al.* Establishment of compatible single-tree biomass and tree volume models for spruce in Tibet[J]. Journal of Northwest Forestry College, 2019, 34(3): 161-166. (in Chinese)
- [18] 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 modelling[J]. Scientia Silvae Sinicae, 1999, 35(5): 5-11. (in Chinese)
- [19] VALLET P, DHÔTE J, MOGUÉDEC G L, *et al.* Development of total aboveground volume equations for seven important forest tree species in France[J]. Forest Ecology and Management, 2006, 229(1): 98-110.
- [20] 张会儒, 唐守正, 胥辉. 关于生物量模型中的异方差问题[J]. 林业资源管理, 1999(1): 47-50.
- [21] 曾小强. 基于神经网络模型的森林生物量估算方法研究[D]. 北京: 华北电力大学(北京), 2018.
- [22] 杨宪龙, 魏孝荣, 邵明安. 黄土高原北部典型灌丛枝条生物量估算模型[J]. 应用生态学报, 2016, 27(10): 3164-3172.
- YANG X L, WEI X R, SHAO M A. Stem biomass estimation models for dominant shrubs on the Northern Loess Plateau of China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, 27(10): 3164-3172. (in Chinese)
- [23] 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. (in Chinese)
- [24] 王飞, 郭玉东, 张秋良. 兴安落叶松林生物量模型的构建[J]. 内蒙古农业大学学报: 自然科学版, 2015, 36(4): 44-47.
- WANG F, GUO Y D, ZHANG Q L. Biomass model building for *Larix gmelinii* in Daxing'anling Mountain area[J]. Journal of Inner Mongolia Agricultural University: Natural Science Edition, 2015, 36(4): 44-47. (in Chinese)
- [25] BOND-LAMBERTY B, WANG C, GOWER S T. Aboveground and belowground biomass and sapwood area allometric equations for six boreal tree species of Northern Manitoba[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2002, 32(8): 1441-1450.
- [26] COLE T G, EWEL J J. Allometric equations for four valuable tropical tree species[J]. Forest Ecology and Management, 2006, 229(1): 531-360.
- [27] MENG S, JIA Q, LIU Q, *et al.* Aboveground biomass allocation and additive allometric models for natural *Larix gmelinii* in the western Daxing'anling Mountains, Northeastern China[J]. Forests, 2019, 10(2): 150-166.
- [28] ZHOU X, BRANDLE J R, SCHOENEBERGER M M, *et al.* Developing above-ground woody biomass equations for open-grown, multiple-stemmed tree species: shelterbelt-grown *Russian-olive* [J]. Ecological Modelling, 2006, 202(3): 311-323.
- [29] 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. (in Chinese)
- [30] 魏红, 满秀玲. 中国寒温带不同林龄白桦林碳储量及分配特征

- [J]. 植物生态学报, 2019, 43(10): 843-852.
- WEI H, MAN X L. Carbon storage and its allocation in *Betula platyphylla* forests of different ages in cold temperate zone of China[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2019, 43(10): 843-852. (in Chinese)
- [31] 陈志林, 李国兴, 侯晓巍, 等. 青海省祁连圆柏天然林单木生物量模型构建[J]. 西北林学院学报, 2021, 36(1): 204-207.
- CHEN Z L, LI G X, HOU X W, *et al.* Establishment of the single tree biomass model of *Sabina przewalskii* natural forest in Qinghai[J]. Journal of Northwest Forestry College, 2021, 36(1): 204-207. (in Chinese)
- [32] 刘薇祎, 邓华锋, 黄国胜, 等. 云南松不同区域相容性生物量模型的构建[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2018, 46(7): 7-14.
- LIU W Y, DENG H F, HUANG G S, *et al.* Establishment of compatible biomass models for *Pinus yunnanensis* in different regions[J]. Journal of Northwest A&F University: Nat. Sci. Ed., 2018, 46(7): 7-14. (in Chinese)
- [33] 马克西, 曾伟生, 李智华. 新疆云杉一体化立木生物量模型系统研建[J]. 林业科学研究, 2018, 31(6): 105-113.
- MA K X, ZENG W S, LI Z H. Integrated individual tree biomass equation systems for *Picea* spp. in Xinjiang[J]. Forest Research, 2018, 31(6): 105-113. (in Chinese)
- [34] 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. (in Chinese)
- [35] 郑雪婷, 仪律北, 李强峰, 等. 青藏高原典型人工林幼树生物量模型构建[J]. 应用生态学报, 2022, 33(11): 2923-2935.
- ZHENG X T, YI L B, LI Q F, *et al.* Developing biomass estimation models of young trees in typical plantation on the Qinghai-Tibet Plateau, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2022, 33(11): 2923-2935. (in Chinese)
- [36] 付甜, 朱建华, 肖文发, 等. 八种亚热带森林类型乔木层地上生物量分配模型[J]. 林业科学, 2014, 50(9): 1-9.
- FU T, ZHU J H, XIAO W F, *et al.* Above-ground biomass distribution models for arbor Layer of eight subtropical forest types[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2014, 50(9): 1-9. (in Chinese)
- [37] POUDEL K P, TEMESGEN H. Methods for estimating above ground biomass and its components for Douglas-fir and Lodgepole pine trees[J]. Can. J. For. Res., 2016, 46(1): 77-87.
- [38] 孙成明, 孙政国, 穆少杰, 等. 基于 MODIS 的植被指数模型及其在草地生态系统中的应用[J]. 中国农学通报, 2011, 27(22): 84-88.
- SUN C M, SUN Z G, MU S J, *et al.* Vegetation index models based on MODIS and their application in grassland ecosystem[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2011, 27(22): 84-88. (in Chinese)