

黄土高原北部典型灌丛枝条生物量估算模型

杨宪龙^{1,2} 魏孝荣^{1,2} 邵明安^{2,3*}

(¹西北农林科技大学资源环境学院, 陕西杨凌 712100; ²西北农林科技大学黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室, 陕西杨凌 712100; ³中国科学院地理科学与资源研究所, 北京 100101)

摘要 于2015年8月末在陕西神木县六道沟小流域采集200个柠条和210个沙柳枝条, 测定枝条的基径(D)、长度(H)、含水量(W_0)、鲜质量(W_F)和干质量(W)。选用指数函数和异速生长方程建立了4种由枝条形态指标估算枝条生物量的简易模型, 并对模型的拟合效果进行验证。结果表明: 对于柠条和沙柳灌丛, 基于 D 、 H 二者组合变量(D^2H)的异速生长方程是估算枝条生物量的最优模型, 该模型经线性转化后可以消除生物量数据的异方差性, 且拟合效果最优, 决定系数(R^2)最大, 平均误差(ME)、平均绝对误差(MAE)、总相对误差(TRE)、平均系统误差(MSE)和平均绝对百分误差(MPSE)整体上最小, 基本满足生态学研究的精度要求。

关键词 灌丛; 基径; 长度; 生物量; 估算模型

Stem biomass estimation models for dominant shrubs on the northern Loess Plateau of China. YANG Xian-long^{1,2}, WEI Xiao-rong^{1,2}, SHAO Ming-an^{2,3*} (¹College of Natural Resources and Environment, Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi, China; ²State Key Laboratory of Soil Erosion and Dryland Farming on the Loess Plateau, Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi, China; ³Institute of Geographical Sciences and Natural Resources Research, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China).

Abstract: A total of 200 stems of *Caragana korshinskii* and 210 stems of *Salix psammophila* were collected in the late August of 2015 in the Liudaogou catchment of Shenmu County, Shaanxi Province, China. Basal diameter (D), length (H), water content (W_0), fresh mass (W_F) and dry mass (W) were measured for each stem of the two species. Exponential and allometric equations were used to establish relationship models relating stem biomass to its morphological parameters. Altogether four models were established for each species, and their accuracy of estimation was also validated. The results showed that, the allometric model that used D^2H as input variable was optimal in estimating stem biomass for *C. korshinskii* and *S. psammophila*, after transformed into its linear form. Meanwhile, the heteroscedasticity of the biomass data was greatly eliminated. This model had a maximum value of coefficient of determination (R^2), and meanwhile minimum values of mean error (ME), mean absolute error (MAE), total relative error (TRE), mean systematic error (MSE), and mean absolute percentage error (MPSE), thus basically meeting the requirement of the accuracy in ecological study.

Key words: shrub; diameter; length; biomass; estimation model.

生物量是植物的基本生物学特征和功能性状之一, 也是生态系统物质和能量积累的基本体现^[1-2]。森林生物量是反映森林生态系统基本特征的重要指标, 是研究森林生态系统碳、氮循环和监测森林碳储

量的基础^[3-4]。森林生态系统作为陆地生态系统的主体, 其生物量约占陆地生物量的90%, 是陆地生态系统中最大的碳库, 其土壤碳蓄积量约占全球土壤碳蓄积量的75%^[5], 在维护全球气候系统稳定、调节全球碳平衡和减缓温室气体排放等方面发挥着重要作用^[6]。因此, 长期以来, 森林生物量的研究一直受到林学和生态学的广泛关注^[5, 7-9]。

森林生物量一般可通过直接测量法和间接估算

本文由国家自然科学基金项目(41530854, 41571296)资助 This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (41530854, 41571296).

2016-05-12 Received, 2016-07-05 Accepted.

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: mashao@ms.iswc.ac.cn

法两种途径获得。前者为收获法,包括皆伐法、平均标准木法和径级标准木法,虽然准确度高,但耗时费力,且对生态系统的破坏性大^[10];后者是利用生物量模型、生物量估算参数以及遥感反演等方法进行估算^[6,11]。其中,生物量模型是研究森林生物量的主要途径,它是利用林木易测量指标(如胸径、高度等)来估算难以测定的立木生物量(特别是地下根系生物量)模型具有较好的估测精度,且可以大幅减少生物量测定的成本,也因此成为森林生态学研究的重点内容之一^[5,8,12-13]。据估计,到目前为止,全世界已经建立了包括 100 多个树种的 2300 个生物量估算模型^[10],主要涉及经验模型和过程模型两种。经验模型包括线性模型、相对(异速)生长模型、对数模型和多项式模型等。其中,异速生长模型的应用最为广泛,它是指在生物界普遍存在的生物体的某些特征(如个体形态指标、器官生物量等)与个体大小(质量)之间的幂函数关系^[11]。过程模型则以管道模型、机理模型、自然植物分形结构等构建为主,主要是通过模拟生物、物理、力学等因素对单木不同器官生长及其功能的作用程度,以解释这些因素对树木结构比例关系的影响程度^[5]。

灌木林是陆地生态系统的重要组成部分,也是干旱、半干旱地区的主要森林植被类型^[14]。据测算,我国灌木林面积为 5590 万 hm^2 ,占林地面积的 18%^[9]。在维持荒漠生态系统生物多样性、生态服务功能及稳定方面具有重要作用^[15]。在我国黄土高原北部半干旱地区,柠条(*Caragana korshinskii*)和沙柳(*Salix psammophila*)是 2 种典型的人工退耕还林树种,也是该区灌木群落的优势种。其中,柠条为豆科锦鸡儿属落叶灌木,根系发达、生长旺盛、适应性广、抗逆性强;沙柳为杨柳科柳属落叶灌木,生长迅速、耐旱、抗风沙、耐盐碱、固沙能力强。柠条和沙柳皆是水土保持和防风固沙的优良树种,在该地区植被恢复和生态重建方面具有重要作用^[16-17]。然而研究表明,不合理的灌丛种植密度会过度消耗土壤水分、造成深层土壤干燥化等不良后果^[18-19]。因此,如何快速、高效、准确地估测灌丛生物量、确定土壤水分的最大植被承载力对于该地区生态建设的可持续性具有重要意义。长期以来,由于灌木林与乔木林相比处于次要地位,因此灌木林生物量的研究相对较少。近年来,从个体和群落尺度对灌丛生物量估测模型进行了大量研究,测定因子一般包括地径、高度、盖度、冠幅和分枝数等^[9,20-24]。例如,Liu 等^[25]在个体尺度上研究了黑河流域杯腺柳(*Salix cupu-*

laris)、山生柳(*S. oritrepha*)、金露梅(*Potentilla fruticosa*)和鬼箭锦鸡儿(*Caragana jubata*)4 种高山灌丛的生物量回归模型,结果表明利用灌丛高度、冠幅面积以及基径平方乘高可以实现生物量较好的模拟, R^2 为 0.95~0.97,但是模型的形式在 4 种灌木间存在明显差异。Zhang 等^[26]在研究青藏高原砂生槐(*Sophora moorcroftiana*)和雪层杜鹃(*Rhododendron nivale*)生物量时发现,仅利用植被盖度因子就可以对群落尺度上地上、地下部和总生物量做出较高精度的估计(R^2 为 0.97~0.99)。Estomell 等^[27]成功利用 LiDAR 数据估算地中海灌木胭脂虫栎(*Quercus coccifera*)的生物量。曹姗姗等^[28]应用遗传算法优化的 BP 神经网络对北京九龙山实验林场的荆条(*Vitex negundo*)生物量进行了估测,精度为 81.46%。然而,在以往灌丛个体尺度生物量模型研究中,大多是利用易测量形态特征指标(如灌丛高度、地径、植冠面积、植冠体积等)来直接估算灌丛整体的生物量水平^[9,15-17,20-21,28-30],并且由于破坏性采样带来的繁杂工作量,建模的样本数量往往没有达到大样本(≥ 50)的要求^[9],因此,取样的代表性和模型的估测精度可能还有进一步提升的空间。为此,本文通过大样本枝条生物量的调查,通过数学方法建立柠条和沙柳灌丛枝条生物量与其易测量指标的回归模型,从而为迅速、准确、无破坏性地预测荒漠灌丛生物量以及指导该地区植被建设奠定基础。

1 研究地区与研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于我国黄土高原北部陕西神木县六道沟小流域($38^{\circ}46' - 38^{\circ}51' \text{N}$, $110^{\circ}21' - 110^{\circ}23' \text{E}$),海拔 1094~1274 m,流域面积 6.89 km^2 。北依长城,地处毛乌素沙漠的边缘,属于黄土高原水蚀风蚀交错带的强烈侵蚀中心。该地区年平均气温 8.4 $^{\circ}\text{C}$,月平均最低气温(1月)为 -9.7 $^{\circ}\text{C}$,最高气温(7月)为 23.7 $^{\circ}\text{C}$,年均日较差为 13.8 $^{\circ}\text{C}$, $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 积温 3232 $^{\circ}\text{C}$,无霜期 169 d。年平均降水量为 437 mm,其中 6—9 月的降水占全年降水的 77.4%。平均蒸发量为 785 mm,平均干燥度为 1.8,属典型的半干旱区。土壤类型主要为沙黄土、红黄土和风沙土,作物种植一年一熟^[31]。该区域的天然植被目前大部分已遭破坏,现多为人工植被,草本植物主要有长芒草(*Stipa bungeana*)、紫花苜蓿(*Medicago sativa*)、达乌里胡枝子(*Lespedeza davurica*)等,灌木主要有柠条和沙柳等,乔木主要有杏树(*Prunus armeniaca*)和杨树

(*Populus simonii*) 等。

1.2 枝条样品的采集与测定

于 2015 年 8 月底,灌丛生物量最大时期采集 200 个柠条和 210 个沙柳枝条样品。为了提高采样的代表性,枝条样品来自于不同立地条件(土壤质地、坡向和坡位等)和不同年限的灌丛,收获时用枝剪将枝条齐地面伐倒。测定的项目包括基径(D , mm)、长度(H , cm)、含水量(W_0 , %)、鲜质量(W_F , g)和干质量(W_g)。枝条基径采用数显游标卡尺在距离枝条底段 1 cm 左右测量 2 次,求平均值,并根据基径大小对枝条编号;长度采用精度为 0.1 cm 的米尺测量最底端至最顶端的最长距离。将每个枝条剪成 10 cm 的断枝,用精度为 0.01 g 的天平称取枝条鲜质量。然后,于 85 °C 下烘干 24 h 至恒量,冷却 15 min 后称量枝条干质量,即枝条生物量。根据枝条的鲜质量和干质量计算枝条的平均含水量。

1.3 枝条生物量估算模型的构建和验证

首先,将获取的枝条形态指标与生物量的数据集一分为二。其中,80%的数据集(即 160 个柠条和 168 个沙柳枝条)用于枝条生物量估算模型的构建,剩余 20%的数据集(即 40 个柠条和 42 个沙柳枝条)用于生物量估算模型的验证。鉴于枝条含水量(W_0)的测定较为繁琐,且测定值与枝条生物量的相关性较长度、基径与生物量的相关性差,因此没有将枝条含水量作为模型的解释因子。然后,结合枝条形态指标(D 和 H)和生物量的散点图以及前人的相关研究成果^[9, 23],分别选用指数方程[式(1)]和立木生物量建模中最常用的异速生长方程[式(2)~式(4)]建立枝条生物量的回归模型。

$$W = \beta_1 e^{\beta_2 D} \quad (1)$$

$$W = \beta_1 H^{\beta_2} \quad (2)$$

$$W = \beta_1 D^{\beta_2} \quad (3)$$

$$W = \beta_1 (D^2 H)^{\beta_2} \quad (4)$$

式中: W 、 D 和 H 分别为枝条的生物量(g)、基径(mm)和长度(cm); β_1 和 β_2 为模型参数。

枝条生物量估算模型的验证选用决定系数(R^2)、平均误差(ME)、平均绝对误差(MAE)、总相对误差(TRE)、平均系统误差(MSE)和平均绝对百分误差(MPSE)6个指标来衡量,计算公式如下^[3, 24]:

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y}_i)^2} \quad (5)$$

$$ME = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i) \quad (6)$$

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i| \quad (7)$$

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

$$MSE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i) / \hat{y}_i \times 100\% \quad (9)$$

$$MPSE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |(y_i - \hat{y}_i) / \hat{y}_i| \times 100\% \quad (10)$$

式中: n 为调查的枝条数; y_i 为枝条生物量的实测值; \hat{y}_i 为枝条生物量的估计值; \bar{y}_i 为枝条生物量实测值的平均值。一般情况下, R^2 越大,ME、MAE、TRE、MSE和MPSE越小,表明该模型的模拟效果越好。

1.4 数据处理

采用 Excel 2007 和 SPSS 18.0 软件对数据进行统计分析。采用 Pearson 法对 2 种灌丛枝条形态指标、含水量与生物量进行相关分析($\alpha = 0.05$)。利用 Origin 9.0 软件进行回归分析和作图。图表中数据为平均值±标准差。

2 结果与分析

2.1 枝条形态指标、含水量与生物量的分布

由图 1 可知,柠条和沙柳枝条基径分别为 3.5~21.3 和 5.2~22.6 mm,平均值分别为(10.0±3.7) mm 和(13.3±4.1) mm,枝条长度分别为 51~300 和 126~364 cm,平均值分别为(112.9±47.8) cm 和(246.6±51.6) cm,枝条含水量分别为 24.2%~55.2%和 31.7%~63.7%,平均值分别为(41.3±5.2)%和(46.8±6.1)%,枝条鲜质量分别为 4.6~689.1 和 10.0~862.2 g,平均值分别为(112.2±119.8) g 和(246.3±172.7) g,枝条干质量分别为 2.6~451.5 和 3.6~504.0 g,平均值分别为(68.2±76.4) g 和(138.2±104.3) g。随着枝条基径的增大,柠条和沙柳枝条长度、鲜质量和干质量均表现为增加趋势,而枝条含水量表现为降低趋势。

2.2 枝条形态指标、含水量与生物量的相关关系

如表 1 所示,柠条和沙柳枝条基径、长度、鲜质量与干质量均呈显著正相关, r 分别为 0.714~0.997 和 0.816~0.995;柠条和沙柳枝条含水量与基径、长度、鲜质量和烘干质量均表现为显著负相关, r 为 0.208~0.433 和 0.693~0.774。对于两种灌丛,枝条基径与鲜质量或干质量的相关系数均明显高于枝条长度与鲜质量或干质量的相关系数,而枝条含水量与鲜质量或干质量的相关系数则相对较低。此外,在 2 种灌丛枝条样本量相近的前提下,沙柳枝条基径、长

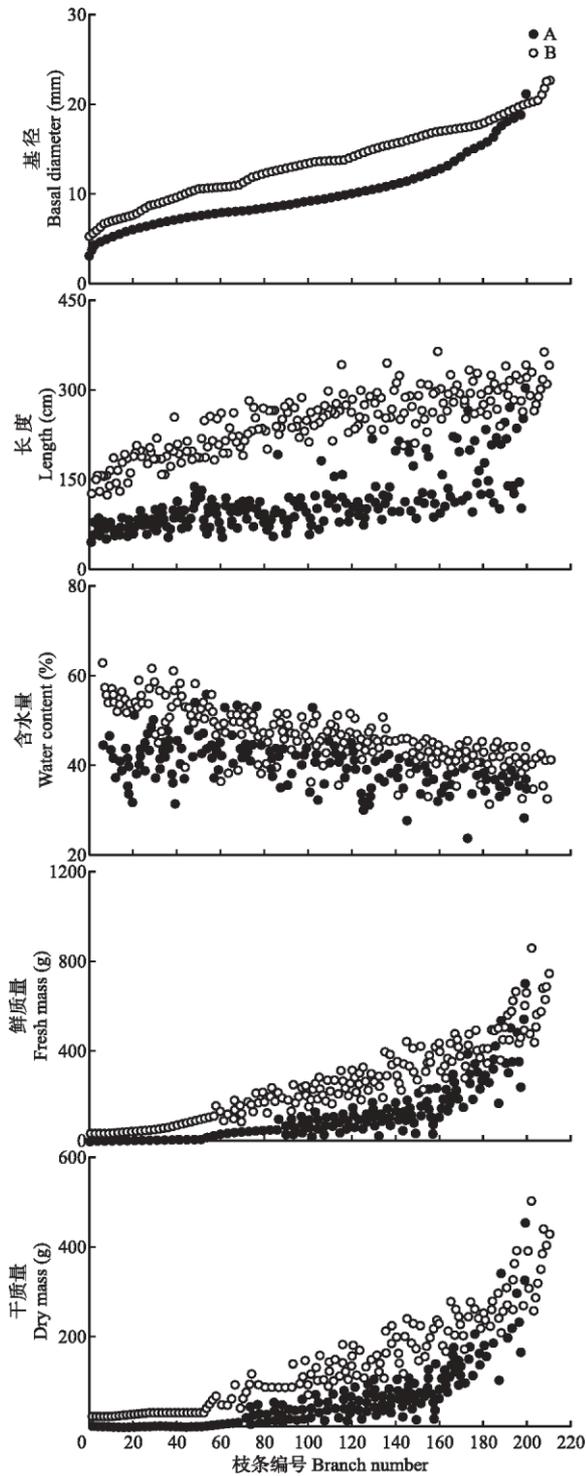


图1 柠条 (A) 和沙柳 (B) 灌丛枝条基径、长度、含水量、鲜质量和干质量
 Fig.1 Stem basal diameter, length, water content, fresh mass and dry mass for *Caragana korshinskii* (A) and *Salix psammophila* (B).

度、含水量、鲜质量和干质量之间的相关系数明显高于柠条枝条。

2.3 枝条生物量估算模型的构建及残差分析

由图2和图3可知,将枝条D、H及其二者组合

表1 柠条和沙柳枝条基径、长度、含水量、鲜质量和干质量的相关系数

Table 1 Correlation coefficients among stem basal diameter, length, water content, fresh mass, and dry mass for *Caragana korshinskii* and *Salix psammophila*

		H	W ₀	W _F	W
柠条	D	0.714 **	-0.433 **	0.903 **	0.897 **
<i>Caragana korshinskii</i>	H		-0.208 **	0.810 **	0.804 **
	W ₀			-0.372 **	-0.415 **
	W _F				0.997 **
沙柳	D	0.855 **	-0.774 **	0.941 **	0.938 **
<i>Salix psammophila</i>	H		-0.736 **	0.822 **	0.816 **
	W ₀			-0.693 **	-0.731 **
	W _F				0.995 **

** P<0.01. D: 基径 Basal diameter; H: 长度 Length; W₀: 含水量 Water content; W_F: 鲜质量 Fresh mass; W: 烘干质量 Dry mass.

变量(D^2H)与枝条生物量的实测值直接进行非线性拟合,得到的生物量残差(实测值与模型估计值之差)随着解释变量的增加而呈现“喇叭口式”增加的趋势,这表明生物量数据存在一定程度的异方差性。若此时仍用普通最小二乘法估计模型参数,所得到的参数估计值虽然也是线性无偏的,但并非是具有最小方差的线性无偏估计值,同时模型参数的显著性检验也将失去有效性^[32]。一般情况下,回归模型中数据的异方差性问题可以采用加权最小二乘估计或者对数据进行对数转换来消除^[32-33]。本研究中,首先利用对数转换的方法将上述非线性模型转化为线性模型,然后利用普通最小二乘法估计转化后线性模型的参数,最终将线性模型的参数估计值还原为非线性模型的参数估计值。可以看出,将上述非线性模型线性化后,枝条生物量对数值的残差基本上随机地分布在零水平线上下两侧,数据的异方差问题明显改善。此外,通过比较式(1)和式(3)线性化模型的拟合效果以及对应的残差分布可知,相对于式(1)的指数方程而言,式(3)幂函数形式的异速生长方程能更好地模拟枝条生物量与枝条基径之间的关系。

2.4 枝条生物量估算模型的选优和验证

对于柠条和沙柳枝条D、H以及二者组合变量(D^2H)与其生物量之间的关系可用模型式(1)的指数方程或模型(2~4)的幂函数方程拟合。将上述非线性模型线性化后,随着解释变量的增加,枝条生物量(W)的对数值均以线性的方式增加。显著性检验表明,拟合方程以及回归系数(参数估计值)均达到了显著水平, R^2 为0.68~0.97。

对上述4个线性回归模型的拟合效果进行初步检验。如表2可知,利用式(4)的线性化模型进行拟

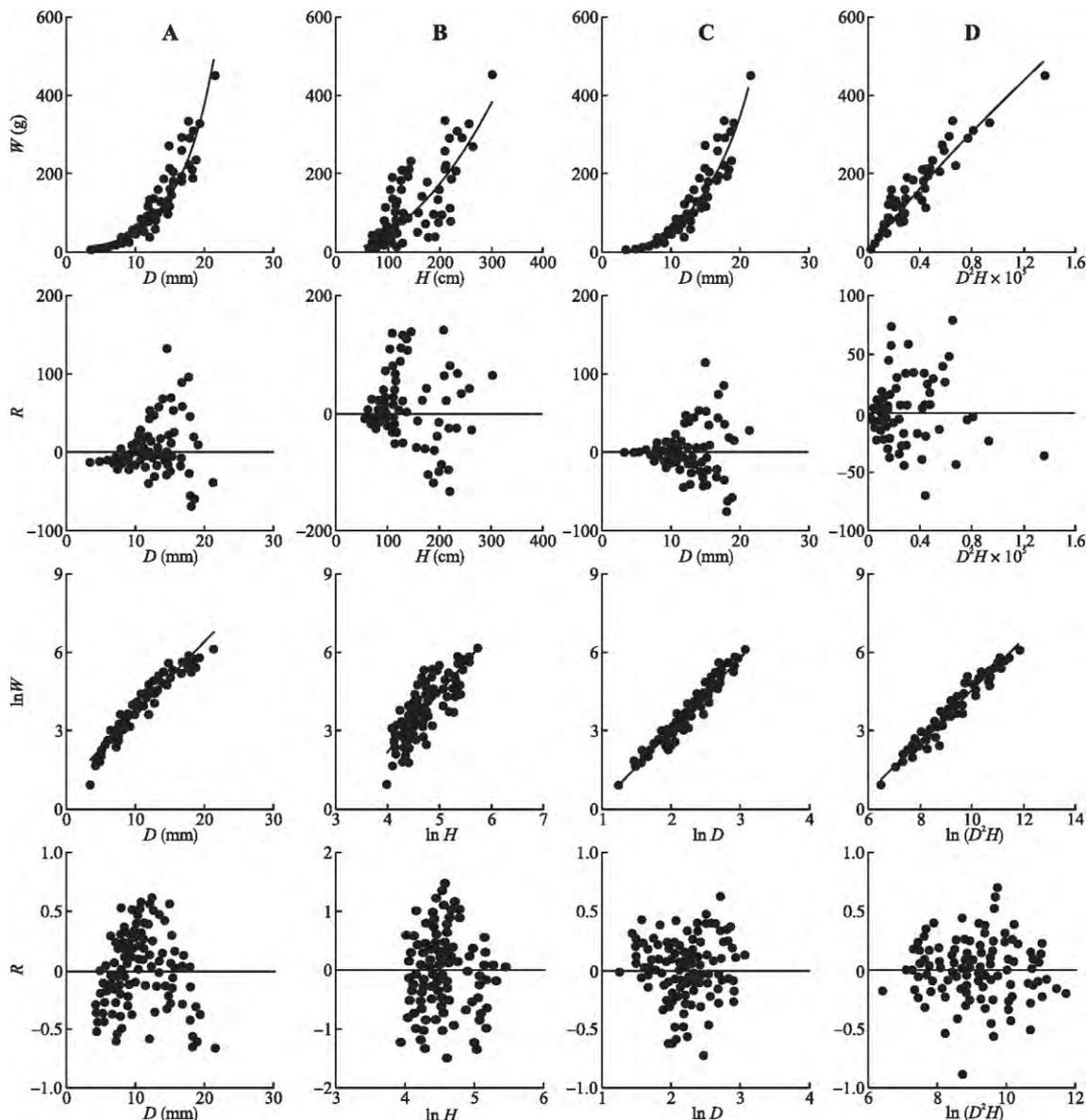


图 2 柠条灌丛枝条生物量与其形态指标的关系

Fig.2 Relationships between stem biomass and its morphological variables for *Caragana korshinskii*.

W 、 D 、 H 和 R 分别为枝条干质量、基径、长度和模型的残差 W 、 D 、 H 和 R indicated dry mass, basal diameter, length, and the residual of model, respectively. A、B、C 和 D 分别用式 (1)、(2)、(3) 和 (4) 拟合 A、B、C 和 D were fitted by model (1)、(2)、(3) 和 (4), respectively. 下同 The same below.

表 2 柠条和沙柳灌丛枝条生物量回归模型及其拟合优度评价

Table 2 Stem biomass regression models and evaluation of the goodness in fitting for *Caragana korshinskii* and *Salix psammophila*

物种 Species	公式 Formula	回归模型 Regression model	参数估计值 Estimate of parameter		拟合优度评价指标 Goodness indicator of fitting					
			β_1	β_2	R^2	ME (g)	MAE (g)	TRE (%)	MSE (%)	MPSE (%)
柠条 <i>Caragana korshinskii</i>	(1)	$W = \beta_1 e^{\beta_2 D}$	2.7068	0.2712	0.722	-11.42	19.94	-15.99	-3.51	20.07
	(2)	$W = \beta_1 H^{\beta_2}$	0.0011	2.2568	0.485	8.72	31.90	17.01	23.22	65.56
	(3)	$W = \beta_1 D^{\beta_2}$	0.0835	2.7689	0.812	-5.49	15.37	-8.38	-5.54	18.81
	(4)	$W = \beta_1 (D^2 H)^{\beta_2}$	0.0059	0.9686	0.904	0.03	13.39	0.05	-2.62	20.42
沙柳 <i>Salix psammophila</i>	(1)	$W = \beta_1 e^{\beta_2 D}$	4.0311	0.2364	0.853	-10.23	38.25	-7.08	4.56	27.37
	(2)	$W = \beta_1 H^{\beta_2}$	1.572×10^{-8}	4.1012	0.615	18.28	45.16	15.75	26.12	46.79
	(3)	$W = \beta_1 D^{\beta_2}$	0.0540	2.9405	0.910	-4.09	24.60	-2.96	1.49	20.06
	(4)	$W = \beta_1 (D^2 H)^{\beta_2}$	0.0006	1.1280	0.926	1.94	19.19	1.47	4.08	17.05

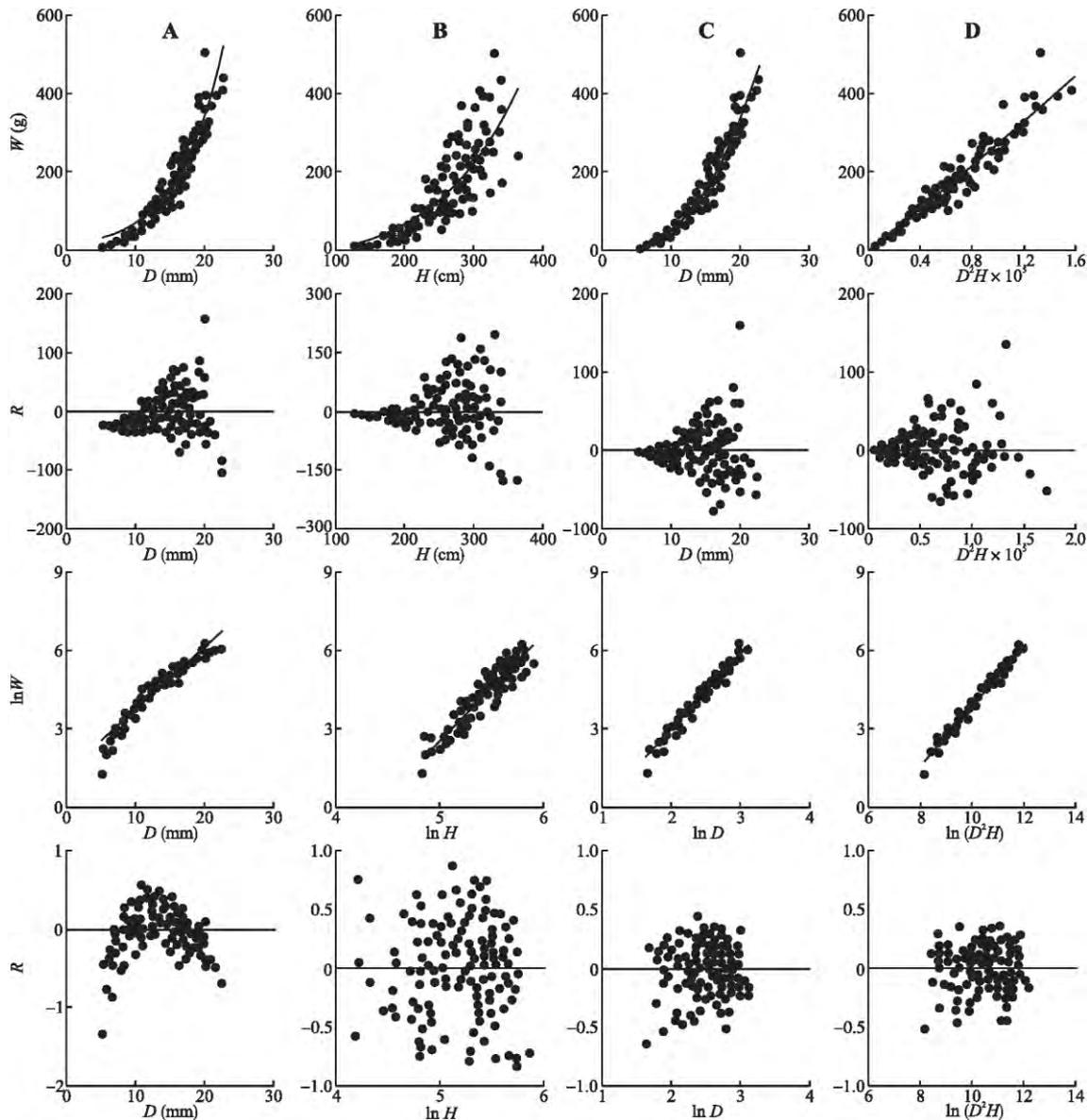


图 3 沙柳灌丛枝条生物量与其形态指标的关系

Fig.3 Relationships between stem biomass and its morphological variables for *Salix psammophila*.

合时, 回归模型的 R^2 最大, 柠条和沙柳枝条 R^2 分别为 0.90 和 0.93. 利用该模型拟合柠条枝条生物量时, 除 MPSE 指标外, 其余指标均最小; 拟合沙柳枝条生物量时, 除 MSE 指标外, 其余指标也均最小. 可见在 4 个线性化模型中, 式 (4) 的拟合效果最好, 枝条生物量的估计值与实测值十分接近 (图 4). 柠条枝条生物量拟合时, ME、MAE、TRE、MSE 和 MPSE 分别为 0.03 g、13.39 g、0.05%、-2.62% 和 20.42%, 沙柳枝条生物量拟合时, ME、MAE、TRE、MSE 和 MPSE 分别为 1.94 g、19.19 g、1.47%、4.08% 和 17.05%, 基本上满足生态学研究的精度要求.

3 讨 论

构建由易测量指标 (高度、胸径等) 估测立木生物量的经验模型是评价森林生物量以及碳储量最有效、最环保的途径^[5-6, 9, 12]. 在降水资源匮乏的干旱-半干旱地区, 灌木林是重要的森林类型, 对于维持荒漠生态系统物种多样性和生态服务功能具有不可替代的作用^[9]. 本研究中, 采用指数方程和异速生长方程分别探讨柠条、沙柳灌丛枝条形态指标与其生物量的回归关系. 结果表明, 基于枝条基径 (D)、长度 (H) 二者组合变量 (D^2H) 的二元幂函数异速生长方程是拟合枝条生物量的最优模型, 其次是基于枝

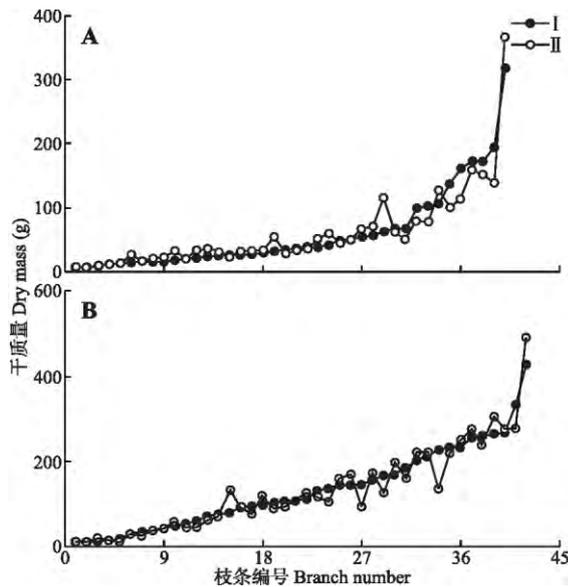


图4 柠条(A)和沙柳(B)灌丛枝条生物量的实测值和模型估计值

Fig.4 Measured and estimated values of stem biomass for *Caragana korshinskii* (A) and *Salix psammophila* (B).

I: 实测值 Observed value; II: 模型(4)估计值 Estimated value by model (4).

条 D 的一元异速生长模型(表2)。这与王新云等^[17]的研究结论一致,他们在拟合柠条灌丛生物量时发现,以 D^2H 为自变量的二元模型要优于以 D 为自变量的一元模型,并且以 D^2H 为自变量的二次多项式模型和幂函数模型都具有较高的模拟精度。另外,本研究表明,基于枝条 D 或 D^2H 的幂函数异速生长模型(式3和式4)的拟合效果均明显好于基于枝条 D 的指数模型(式1)和基于枝条 H 的一元异速生长模型(式2)。这是因为,从几何角度出发,假设枝条是一个圆锥体,其底面积 $S \propto D^2$ ($S = \pi D^2/4$, D 为基径),体积 $V \propto D^2H$ ($V = \pi D^2H/12$),因此其质量 $M \propto D^2H$ ($V = \rho \pi D^2H/12$, ρ 为木材的平均密度)。此外,如果假设 $H \propto D$,那么 $M \propto D^3$ 。然而在实际中,柠条和沙柳枝条大多是一个多级分支结构,且每个分支不符合理想的圆锥体假设。因此,当用一元相对生长模型拟合枝条生物量与 D 的关系时(式3), β_2 的值应该接近于3,若用二元相对生长模型拟合枝条生物量与 D^2H 的关系时(式4), β_2 的值应该接近于1。在本研究中,利用大量柠条($n = 200$)和沙柳($n = 210$)枝条生物量的实测数据进行了研究。当选用一元相对生长模型[式(3)]拟合柠条和沙柳枝条生物量时,参数 β_2 的估计值分别为2.7689和2.9405(表2),接近于3,当选用二元相对生长模型[式(4)]拟合柠条和沙柳枝条生物量时,参数 β_2 的估计

值分别为0.9686和1.1280(表2),接近于1,由此说明,异速生长方程式(3)和式(4)是拟合柠条和沙柳枝条生物量比较理想的模型。West等^[34-35]对生物量一元相对生长模型[式(3)]中 β_2 的理论值做了更深入的研究(即WBE模型),首先将林木视为多级分支网络,然后在假设各级分支的面积、体积守恒和最终分支单元大小不变的前提下,通过复杂的推导得到 β_2 的理论值应为 $8/3$ (≈ 2.67)。与本研究结果对比发现,柠条灌丛枝条生物量模型中 β_2 的估计值(2.7689)与West等^[34-35]推导的理论值较为接近。原因可能是,相对于沙柳枝条,柠条枝条的形态特征更接近于多级分支网络的假设,然而具体原因尚需进一步研究。此外,曾伟生等^[36]以分形几何学为基础,指出一元相对生长模型[式(3)]中 β_2 的理论值应为 $7/3$ (≈ 2.33),并利用11个树种1441个实测数据和大量文献对模型进行了验证,认为新提出的参数值能很好地描述地上生物量与胸径之间的平均相对生长关系。通过对比发现,该理论值与本试验结果相差较大,这可能是因为上述理论值是基于森林乔木提出的,其形态特征与灌木枝条差异较大。

本研究表明,当采用以 D 为解释变量的一元相对生长模型或以 D^2H 为解释变量的二元相对生长模型拟合柠条和沙柳枝条生物量时都能获得比较好的结果(表2)。对于柠条枝条,利用上述一元、二元模型拟合枝条生物量时, R^2 分别为0.81和0.90, MPSE 分别为18.81%和20.42%,其拟合优度好于基于植冠面积和丛生枝个数的单株地上生物量模型(其 R^2 接近0.7)^[14];对于沙柳枝条,利用一元、二元模型拟合时, R^2 分别为0.91和0.91, MPSE 分别为20.06%和17.05%,其拟合优度明显好于基于株高、冠幅直径或以二者乘积为组合变量的线性、幂函数和二次函数单株生物量模型(R^2 为0.60~0.84, MPSE 为0.35~0.84)^[16]。目前,本研究已经初步建立了柠条和沙柳灌丛枝条生物量与其易测量指标之间的最优回归模型,且模型具有较好的模拟效果和预测精度。然而,灌木常以多分支的丛状结构存在,在估算其生物量时,如果对每个枝条的形态指标(基径、高度等)进行测量则工作量太大,实际也无必要。在本研究的基础上,尚需针对不同立地条件(土壤质地、坡向和坡位等)和不同林龄的灌丛个体进行生物量大样本调查,然后结合灌丛标准枝形态指标和生物量尺度扩展因子(如灌丛枝条数等)的测量和统计,最终利用枝条生物量模型对个体或者区域尺度的灌丛生物量做出估计并进行精度评价。

相信基于枝条生物量模型的灌丛个体生物量估算精度有望高于以往基于小样本且以灌丛整体形态指标为解释变量的估算模型。最后,地上植物的生长常常受到气候、土壤和地形等多种因素的综合影响。特别是在干旱、半干旱地区,由于降水资源在年际间或年内的分布存在较大变异,灌丛的生长受到土壤水分状况的深刻影响^[18-19]。因此,相同物种在不同立地条件下也可能出现不同的估算模型。为此,本研究获得的枝条生物量估测模型如果应用于其他地区,或者超过解释变量的范围进行外推时,其估测精度还需进一步验证。

参考文献

- [1] Tao Y (陶冶), Zhang Y-M (张元明). Biomass allocation patterns and allometric relationships of six ephemeroïd species in Junggar Basin, China. *Acta Prataculturae Sinica* (草业学报), 2014, **23**(2): 38-48 (in Chinese)
- [2] Wan W-X (万五星), Wang X-K (王效科), Li D-Y (李东义), et al. Biomass allometric models for understory shrubs of warm temperate forest ecosystem. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2014, **34**(23): 6985-6992 (in Chinese)
- [3] Zeng W-S (曾伟生), Tang S-Z (唐守正). Goodness evaluation and precision analysis of tree biomass equations. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 2011, **47**(11): 106-113 (in Chinese)
- [4] Pilli R, Anfodillo T, Carrer M. Towards a functional and simplified allometry for estimating forest biomass. *Forest Ecology and Management*, 2006, **237**: 583-593
- [5] Wang T-B (王天博), Lu J (陆静). The advance on foreign biomass model. *Chinese Agricultural Science Bulletin* (中国农学通报), 2012, **28**(16): 6-11 (in Chinese)
- [6] Luo Y-J (罗云建), Zhang X-Q (张小全), Wang X-K (王效科), et al. Forest biomass estimation methods and their prospects. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 2009, **45**(8): 129-134 (in Chinese)
- [7] Wolf A, Ciais P, Bellassen V, et al. Forest biomass allometry in global land surface models. *Astrophysical Journal*, 2011, **730**: 220-228
- [8] Picard N, Rutishauser E, Ploton P, et al. Should tree biomass allometry be restricted to power models? *Forest Ecology and Management*, 2015, **353**: 156-163
- [9] Zeng W-S (曾伟生). A review of studies of shrub biomass modeling. *World Forestry Research* (世界林业研究), 2015, **28**(1): 31-36 (in Chinese)
- [10] Dong L-H (董利虎), Li F-R (李凤日), Song Y-W (宋玉文). Error structure and additivity of individual tree biomass model for four natural conifer species in Northeast China. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2015, **26**(3): 704-714 (in Chinese)
- [11] Zuo S-Z (左舒翟), Ren Y (任引), Weng X (翁闲), et al. Biomass allometric equations of nine common tree species in an evergreen broadleaved forest of subtropical China. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2015, **26**(2): 356-362 (in Chinese)
- [12] Komiyama A, Ong JE, Pongpan S. Allometry, biomass, and productivity of mangrove forests: A review. *Aquatic Botany*, 2008, **89**: 128-137
- [13] Mascaro J, Litton CM, Hughes RF, et al. Minimizing bias in biomass allometry: Model selection and log-transformation of data. *Biotropica*, 2011, **43**: 649-653
- [14] Zeng W-S (曾伟生), Bai J-X (白锦贤), Song L-C (宋连城), et al. Biomass modeling for *Caragana microphylla* in Inner Mongolia. *Forest Resources Management* (林业资源管理), 2014(6): 58-62 (in Chinese)
- [15] Dang X-H (党晓宏), Gao Y (高永), Yu Y (虞毅), et al. The biomass estimation models for eight desert shrub species in northern edge of the Hobq Desert. *Journal of Arid Land Resources and Environment* (干旱区资源与环境), 2016, **30**(5): 168-174 (in Chinese)
- [16] Huang Q (黄奇), Liu Z (刘陟), Zhou Y-L (周延林), et al. Study on the biomass estimating models of *Salix psammophila* in Maowusu Sandland. *Journal of Inner Mongolia University* (内蒙古大学学报), 2015, **46**(3): 256-261 (in Chinese)
- [17] Wang X-Y (王新云), Guo Y-G (郭艺歌), Chen L (陈林), et al. Study on biomass model of different age *Caragana microphylla* shrubbery in desert steppe region. *Journal of Biomathematics* (生物数学学报), 2013, **28**(2): 377-383 (in Chinese)
- [18] Guo Z-S (郭忠升). Soil water resource use limit in semi-arid loess hilly area. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2010, **21**(12): 3029-3035 (in Chinese)
- [19] Guo Z-S (郭忠升), Shao M-A (邵明安). Effect of artificial *Caragana korshinskii* forest on soil water in the semiarid area of loess hilly region. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 2010, **46**(12): 1-7 (in Chinese)
- [20] Li Gang (李刚), Zhao X (赵祥), Zhang B-B (张宾宾), et al. Biomass allocation pattern and estimation model building of *Caragana korshinskii* with different plant height. *Acta Agrestia Sinica* (草地学报), 2014, **22**(4): 769-775 (in Chinese)
- [21] Qiu Y (仇瑶), Chang S-L (常顺利), Zhang Y-T (张毓涛), et al. Biomass estimation modeling and adaptability analysis of organ allocation in six common shrub species in Tianshan Mountains forests, China. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2015, **35**(23): 7842-7851 (in Chinese)
- [22] Conti G, Enrico L, Casanoves F, et al. Shrub biomass estimation in the semiarid Chaco forest: A contribution to the quantification of an underrated carbon stock. *Annals of Forest Science*, 2013, **70**: 515-524
- [23] Zeng W-S (曾伟生). Comparison of three allometric equations for biomass modeling. *Central South Forest*

- Inventory and Planning* (中南林业调查规划), 2014, **33**(1): 1-3 (in Chinese)
- [24] Tao Y (陶冶), Zhang Y-M (张元明). Multi-scale biomass estimation of desert shrubs: A case study of *Haloxylon ammodendron* in the Gurbantungut Desert, China. *Acta Prataculturae Sinica* (草业学报), 2013, **22**(6): 1-10 (in Chinese)
- [25] Liu ZW, Chen RS, Song YX, et al. Estimation of aboveground biomass for alpine shrubs in the upper reaches of the Heihe River Basin, Northwestern China. *Environmental Earth Sciences*, 2015, **73**: 5513-5521
- [26] Zhang L, Cui GS, Shen W, et al. Cover as a simple predictor of biomass for two shrubs in Tibet. *Ecological Indicators*, 2016, **64**: 266-271
- [27] Estornell J, Ruiz LA, Velázquez-Martí B, et al. Estimation of shrub biomass by airborne LiDAR data in small forest stands. *Forest Ecology and Management*, 2011, **262**: 1697-1703
- [28] Cao S-S (曹姗姗), Sun W (孙伟), Liu P-J (刘鹏举), et al. GA-BP neural network based on estimation model of shrub biomass. *Journal of Northwest A&F University* (Natural Science) (西北农林科技大学学报: 自然科学版), 2015, **43**(12): 58-64 (in Chinese)
- [29] Zeng H-Q (曾慧卿), Liu Q-J (刘琪璟), Feng Z-W (冯宗炜), et al. Estimation models of understory shrub biomass and their applications in red soil hilly region. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2007, **18**(10): 2185-2190 (in Chinese)
- [30] Yao Z-Y (姚正阳), Liu J-J (刘建军). Models for biomass estimation of four shrub species planted in urban area of Xi'an City, Northwest China. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2014, **25**(1): 111-116 (in Chinese)
- [31] Zhang Q-Y (张庆印), Fan J (樊军), Zhang X-P (张晓萍). Effect of Grain for Green on the landscape pattern of small watershed in the farming crisscross region: A case study in Liudaogou Watershed. *Science of Soil and Water Conservation* (中国水土保持科学), 2013, **11**(2): 97-103 (in Chinese)
- [32] Zhang H-R (张会儒), Tang S-Z (唐守正), Xu H (胥辉). The heteroscedasticity problem in biomass models. *Forest Resources Management* (林业资源管理), 1999(1): 47-50 (in Chinese)
- [33] Zeng W-S (曾伟生), Tang S-Z (唐守正). Bias correction in logarithmic regression and comparison with weighted regression for non-linear models. *Forest Research* (林业科学研究), 2011, **24**(2): 137-143 (in Chinese)
- [34] West GB, Brown JH, Enquist BJ. A general model for the origin of allometric scaling laws in biology. *Science*, 1997, **276**: 122-126
- [35] West GB, Brown JH, Enquist BJ. A general model for the structure and allometry of plant vascular systems. *Nature*, 1999, **400**: 664-667
- [36] Zeng W-S (曾伟生), Tang S-Z (唐守正). A new general biomass allometric model. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 2012, **48**(1): 48-52 (in Chinese)

作者简介 杨宪龙 男, 1988年生, 博士研究生. 主要从事土壤物理和生态水文学研究. E-mail: yangxianlong1988@126.com

责任编辑 孙菊

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. 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. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2016, **27**(10): 3164-3172 (in Chinese)