

基于 C^2H 和 D^2H 的刨花楠幼苗生物量
回归模型比较

徐朝斌¹, 钟全林^{1,2}, 程栋梁^{1,2}, 胡松竹³, 常云妮¹, 张治¹, 胡波¹
(1 福建师范大学地理科学学院, 福建福州 350007; 2 湿润亚热带山地生态国家重点实验室培育基地, 福建福州 350007; 3 江西农业大学林学院, 江西南昌 330045)

摘要:为简单、方便、准确地估算我国亚热带森林生态系统中具有重要生态价值和多种经济用途的优良乡土阔叶树种刨花楠 *Machilus pauhoi* 的生物量,以冠幅(C)、地径(D)和株高(H) 3个形态因子作为变量,运用回归分析和模型选优的方法建立了单株刨花楠幼苗叶、茎、根和总生物量的最佳估测数学模型.结果表明: CH 、 C^2H 复合变量与生物量相关性较好,以 CH 、 C^2H 为自变量的乘幂曲线回归模型 $W=b_0x^{b_1}$ 为刨花楠幼苗的最佳生物量估测模型,与常用的 D^2H 作为变量的生物量模型相比,精度基本一致,但工作简便性更好.但在植株密度差异较大或估算大个体刨花楠生物量时应做进一步的验证.

关键词:冠幅;株高;地径;生物量分配;生物量回归模型;刨花楠
中图分类号:S758 **文献标志码:**A **文章编号:**1001-411X(2013)04-0543-05

Comparison of the Regression Models of *Machilus pauhoi* Biomass
Based on C^2H and D^2H

XU Chaobin¹, ZHONG Quanlin^{1,2}, CHENG Dongliang^{1,2}, HU Songzhu³,
CHANG Yunni¹, ZHANG Zhi¹, HU Bo¹
(1 College of Geographical Sciences, Fujian Normal University, Fuzhou 350007, China;
2 State Key Laboratory Breeding Base of Humid Subtropical Mountain Ecology, Fuzhou 350007, China;
3 College of Forestry, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China)

Abstract: *Machilus pauhoi* is an excellent local hardwood species with ecological value and a variety of economic functions in subtropical forest ecosystem. In order to estimate the biomass simply, conveniently, and accurately, the best leaf, stem, root and total biomass estimation models based on canopy diameter (C), diameter at ground level (D) and plant height (H) were chosen by using regression analysis and model selection method. The results showed that the correlation coefficient between biomass and CH (canopy diameter multiply plant height), C^2H variable was the biggest and $W=b_0x^{b_1}$ was the best model for estimating biomass. Compared with the models with D^2H (basal diameter square multiply plant height), the power curve models with C^2H as variable had the same estimation precision. With the convenience in real forest investigation, the models with C^2H as variable were better than those with D^2H as variable. The results should be further validated to find out whether they fit trees from different plant densities or the estimation of the large individual biomass or not.

Key words: canopy diameter; plant height; diameter at ground level; biomass allocation; regression model of biomass; *Machilus pauhoi*

刨花楠 *Machilus pauhoi* 是生长于亚热带的常绿阔叶乔木树种,它树冠翠绿,既是珍贵用材树,又是优美的庭园观赏树. 鉴于对此种资源的需求越来越大,对刨花楠的研究也越来越多,对刨花楠的研究主要集中于刨花楠的生长特性^[1-2]、木材特性^[3]、空间分布^[4]、生物量^[5-6]、人工扦插繁殖及培育技术^[7-8]、光响应特性^[9]与外界因素对刨花楠生长的影响^[10-11]等方面,鲜见较好的模型表征刨花楠幼苗生长指标与构件生物量之间的关系. 而冠幅(C)和株高(H)受幼苗人工管理措施(如松土、浇灌等)影响相对较小,且能够很好地体现刨花楠幼苗的形态特征,可建立更精准的生物量估测模型. 相关研究成果也表明,冠幅和生物量的关系更为密切^[12-13]. 为此,本文采用数理统计中的回归建模方法建立刨花楠幼苗生物量和易测因子(C 和 H)之间的对应关系,并与常用的地径平方与株高乘积(D^2H)作为变量的生物量模型比较,为刨花楠苗木的定期观测建立更为精准与量测便利的生物量估测模型,对快速、准确地评价苗木及估测构件生物量,分析苗木构件生物量的分配对其生长的影响、不同密度幼苗的竞争生长及优良苗木的快速判别等具有重要理论意义和实际应用价值. 研究中所选择的经验拟合模型对开展林分或群落内林下幼苗的更新与生产潜力及幼苗构件生物量的估测等也具有重要的参考价值.

1 研究地概况

试验样地位于江西省南昌市江西农业大学苗圃园(115°49'59"E,28°45'35"N),海拔约 44 m. 试验地属中亚热带湿润季风气候,湿润温和,日照充足,一年中夏冬季长,春秋季短. 夏天非常炎热,冬天又比较寒冷. 年平均气温 17.0 ~ 17.7 ℃,极端最高气温 40.9 ℃,极端最低气温 -15.2 ℃. 年降雨量 1 600 ~ 1 700 mm,年降水日为 147 ~ 157 d,年平均暴雨日 5.6 d,年平均相对湿度为 78.5%. 年日照时间 1 723 ~ 1 820 h,日照率为 40%. 年无霜期 251 ~ 272 d. 冬季多偏北风,夏季多偏南风. 土壤为红壤.

2 材料与方法

分析材料为 1 年生刨花楠小苗,其种子分别产自江西崇义、遂川、泰和和永新 4 县. 苗木株行距为 5 cm × 20 cm,能够满足苗木的正常生长. 于 2010 年 8

月对试验地幼苗生长情况进行调查. 随机选取生长状况中等的刨花楠幼苗 116 株,幼苗高度、冠幅分布基本呈正态分布,能够反映总体幼苗的实际生长情况. 测量其冠幅(C ,分南北和东西方向测量,并取平均值)、株高(H)、地径(D),根、茎、叶的器官生物量(W). 冠幅、株高用钢卷尺测量,地径用游标卡尺测量,挖出所取样本,按根、茎、叶在 70 ℃ 条件下烘干至恒质量后分别测定生物量.

采用 Excel 软件与 SPSS 17.0 统计软件对调查数据进行相关性分析、回归分析和模型选优.

3 结果与分析

3.1 刨花楠幼苗冠幅、株高与生物量的相关分析

经测定,样本的平均地径为 0.39 cm(最小值 ~ 最大值为 0.21 ~ 0.57 cm,下同),平均株高为 29.13 cm(13.80 ~ 40.40 cm),平均冠幅为 21.19 cm(8.90 ~ 33.50 cm).

在植物生物量建模过程中,自变量的选取一直是大家研究的热点^[14]. 对于生物量估测模型变量的选择是多种形式的^[15-16],最常用的形式是 D^2H 作为模型的变量. 本文基于工作简便性和直观性的考虑,以 C 和 H 这 2 个形态因子作为自变量因子,根据各变量数据进行相关分析可知(表 1),叶、茎、根生物量和总生物量与 C 、 C^2 、 C^3 、 H 、 CH 和 C^2H 的相关系数在 0.01 显著性水平上都较大,叶、根和总生物量与 C^2H 的相关系数比与 CH 的相关系数大,这与有研究揭示的体积和生物量的关系要比面积与生物量的关系更紧密^[17-18]相一致,其中 CH 、 C^2H 与生物量之间的相关性较好. 因此,选择 CH 、 C^2H 和 D^2H 变量为回归模型的自变量.

表 1 刨花楠自变量与生物量的相关系数¹⁾
Tab. 1 The correlation coefficient of independent variable and biomass of *Machilus pauhoi*

变量	C	H	叶生物量	茎生物量	根生物量	总生物量
C		0.325 **	0.684 **	0.608 **	0.595 **	0.700 **
C^2		0.306 **	0.679 **	0.601 **	0.592 **	0.695 **
C^3		0.287 **	0.666 **	0.586 **	0.581 **	0.681 **
H	0.325 **		0.430 **	0.604 **	0.192 **	0.458 **
CH			0.685 **	0.749 **	0.478 **	0.712 **
C^2H			0.711 **	0.723 **	0.537 **	0.733 **

1) “*”表示 $P < 0.05$, “**”表示 $P < 0.01$, $n = 116$.

3.2 基于 CH 、 C^2H 和 D^2H 的刨花楠幼苗生物量回归模型比较

以 CH 、 C^2H 和 D^2H 作为建立模型的自变量,分别以叶、茎、根生物量及总生物量为因变量,利用一次线性模型 (M_1) $W = b_0 + b_1x$ 、二次多项式模型 (M_2) $W = b_0 + b_1x + b_2x^2$ 、三次多项式模型 (M_3) $W = b_0 + b_1x + b_2x^2 + b_3x^3$ 、对数模型 (M_4) $W = b_0 + b_1 \ln x$ 、指数模型 (M_5) $W = b_0b_1^x$ 和乘幂曲线模型 (M_6) $W =$

$b_0x^{b_1}$ 构建其生物量模型. 利用 SPSS 的回归分析模块建模并选优,建立回归模型的 R^2 值、SEE 值 (Standard error of estimate, SEE)、 F 值见表 2. 从表 2 中可看出,模型 M_1 、 M_2 和 M_3 均有较高的 R^2 值、 F 值和较小的 SEE 值. 但对于同一因变量而言,3 个模型之间的 R^2 值、SEE 值差异不大, F 值则逐渐减小. 说明 R^2 值的大小并没有随 C^2H 幂次的增加而增加,回归模型形式复杂程度的增加,并不能有效地提高回归模型的 R^2 值.

表 2 基于 CH 、 C^2H 和 D^2H 的刨花楠幼苗生物量各种回归模型的 R^2 值、SEE 值和 F 值¹⁾

Tab. 2 R^2 value, SEE value and F value of regression models of biomass of *Machilus pauhoi* based on CH , C^2H and D^2H

模型	参数	叶生物量			茎生物量			根生物量			总生物量		
		CH	C^2H	D^2H	CH	C^2H	D^2H	CH	C^2H	D^2H	CH	C^2H	D^2H
M_1	R^2	0.465 **	0.501 **	0.505 **	0.557 **	0.519 **	0.738 **	0.221 **	0.282 **	0.412 **	0.502 **	0.533 **	0.645 **
	SEE	0.398	0.384	0.383	0.206	0.215	0.158	0.245	0.235	0.213	0.730	0.707	0.617
	F	100.910	116.250	118.240	145.440	124.910	325.250	33.690	46.150	81.420	116.970	132.460	209.690
M_2	R^2	0.460 **	0.504 **	0.520 **	0.553 **	0.519 **	0.744 **	0.217 **	0.286 **	0.414 **	0.498 **	0.538 **	0.657 **
	SEE	0.399	0.383	0.377	0.207	0.215	0.157	0.245	0.234	0.212	0.734	0.703	0.606
	F	50.016	59.516	63.237	72.150	63.000	168.400	16.920	23.999	41.560	58.000	68.020	111.050
M_3	R^2	0.461 **	0.500 **	0.516 **	0.556 **	0.519 **	0.742 **	0.222 **	0.281 **	0.410 **	0.502 **	0.535 **	0.654 **
	SEE	0.399	0.384	0.378	0.206	0.215	0.157	0.244	0.235	0.213	0.730	0.706	0.609
	F	33.754	39.331	41.847	48.984	42.340	111.369	11.960	15.993	27.670	39.650	45.085	73.481
M_4	R^2	0.451 **	0.495 **	0.516 **	0.531 **	0.506 **	0.703 **	0.226 **	0.292 **	0.406 **	0.489 **	0.530 **	0.639 **
	SEE	0.403	0.386	0.378	0.212	0.218	0.169	0.244	0.233	0.214	0.740	0.709	0.622
	F	95.501	113.670	123.490	131.370	118.790	273.320	34.598	48.525	79.652	111.120	130.820	204.960
M_5	R^2	0.483 **	0.486 **	0.486 **	0.578 **	0.517 **	0.712 **	0.258 **	0.311 **	0.427 **	0.514 **	0.517 **	0.608 **
	SEE	0.353	0.352	0.352	0.277	0.296	0.228	0.419	0.404	0.368	0.304	0.303	0.273
	F	108.250	109.730	109.630	158.368	123.880	285.830	40.944	52.887	86.750	122.550	124.120	179.470
M_6	R^2	0.537 **	0.591 **	0.586 **	0.614 **	0.587 **	0.778 **	0.288 **	0.366 **	0.479 **	0.562 **	0.609 **	0.699 **
	SEE	0.334	0.314	0.316	0.265	0.274	0.201	0.410	0.387	0.351	0.288	0.272	0.239
	F	134.220	166.830	163.660	184.016	164.350	402.950	47.416	67.378	106.760	148.450	180.160	267.940

1) “*”表示 $P < 0.05$, “**”表示 $P < 0.01$, $n = 116$.

与前 5 个模型相比,对于同一自变量 CH 、 C^2H 或 D^2H ,不同构件生物量和总生物量的模型 M_6 都有最大的 R^2 值和最大的 F 值. 可见,刨花楠幼苗根、茎、叶和总生物量与 CH 、 C^2H 及 D^2H 之间的关系以乘幂曲线模型 (M_6) 拟合效果为最好,并且从叶生物量、茎生物量与根生物量估测模型的 R^2 值可以得出,叶、茎生物量与 CH 、 C^2H 、 D^2H 值的关系比根生物量与 CH 、 C^2H 、 D^2H 值的关系呈现出更为明显的幂函数关系.

模型的选择通常要求 R^2 值大、SEE 值小且回归关系显著 (F 检验). 因此,选用乘幂曲线模型 $W = b_0x^{b_1}$ 作为生物量最佳估测模型. 图 1 为总生物量与自变量 CH 、 C^2H 、 D^2H 关系图,由图 1 可见,当某个点的值比其他点的值明显偏大或偏小时,它偏离回归曲线越远,这些点在一定程度上影响回归方程的精度,有可能是在采样或测量过程中出现的误差,对这些点可以适当取舍. 叶生物量、茎生物量、根生物量与自变量 CH 、 C^2H 、 D^2H 有形状相似的拟合曲线.

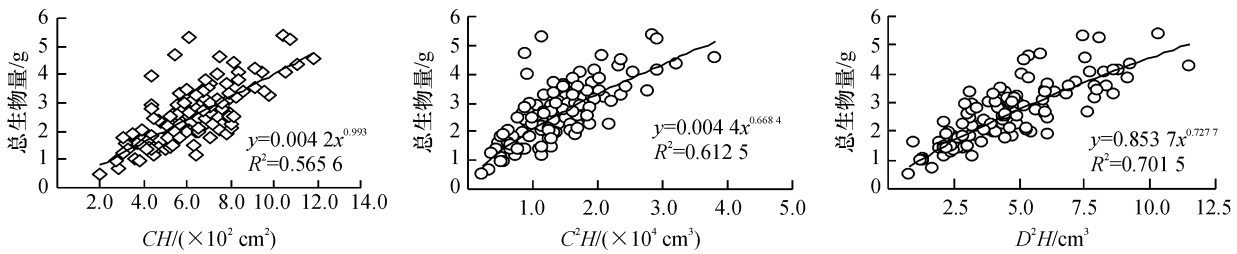


图 1 刨花楠幼苗总生物量与 CH、C²H、D²H 的拟合曲线 (n = 116)

Fig. 1 The relationship between total biomass and CH, C²H, D²H of *Machilus pauhoi* (n = 116)

为了进一步比较基于 CH、C²H 与 D²H 的刨花楠幼苗生物量模型的精准程度,分别采用以 CH、C²H 和 D²H 为自变量的乘幂曲线模型 (M₆), 计算其理论值与实测值的均方根误差、离差平方和及预测值与实测值之差,并将模型所计算的理论与实测值间的差值进行成对样本 t 检验 (表 3)。结果表明,以 CH、C²H 为自变量的生物量乘幂曲线模型拟合的相对误差略大^[19],这可能是测量冠幅时人为误差所致。由表 3 可知,以 CH、C²H

为自变量的个体总生物量的拟合效果好于以 D²H 为自变量,但各构件生物量的拟合效果则是以 D²H 为自变量好于以 CH、C²H 为自变量。但通过成对样本 t 检验 (t 值和所对应的临界置信水平见表 3) 发现结果非常接近。考虑到幼苗基径 D 的测量过程中容易出现误差 (如灌溉引起土壤表层位置变动带来的基径量测位置不准等),从简便性和直观性考虑,采用 CH、C²H 作为变量比采用 D²H 作为变量更好。

表 3 基于 CH、C²H 和 D²H 的生物量乘幂曲线模型的精度比较

Tab. 3 Comparison of the estimation precision of the power curve model with CH, C²H and D²H

项目	均方根误差			离差平方和			成对样本 t 检验 ¹⁾	
	CH	C²H	D²H	CH	C²H	D²H	CH&D²H	C²H&D²H
叶生物量	31.63	30.29	30.02	18.174 2	16.725 9	16.420 2	0.261 (0.794)	-0.013 (0.990)
茎生物量	27.12	28.05	20.54	4.841 6	5.173 5	2.793 8	0.646 (0.519)	0.675 (0.501)
根生物量	41.64	39.64	35.86	6.802 7	6.190 0	5.091 4	1.111 (0.269)	0.586 (0.559)
整株生物量	27.96	26.74	23.17	60.957 8	55.854 6	77.747 0	0.586 (0.559)	-0.339 (0.735)

1) 括号内数据为差异显著性检验 P 值, n = 116.

4 讨论与结论

植物生物量估测与其形态特征参数的选择密切相关. 刨花楠幼苗 C 和 H 这 2 个形态因子的各复合自变量和生物量相关性均达到极显著水平,说明 C 与 H 均为影响刨花楠幼苗生物量的重要形态因子,其中 CH、C²H 与生物量的相关性较优,生物量与变量 C 的相关系数均大于生物量与变量 H 的相关系数. 以 CH、C²H 作为模型变量建立的 6 种估测模型以乘幂曲线模型 $W = b_0x^{b_1}$ 为最佳,拟合效果最好,表明刨花楠幼苗根、茎、叶和总生物量与 CH、C²H 呈乘幂曲线增长关系. 冠幅、株高是容易测算的形态因子,只要测定刨花楠幼苗的冠幅、株高,用乘幂曲线模型计算,便可获得精度较高的不同构件生物量及单株总生物量的估计值. 该模型对于开展刨花楠幼

苗质量等级评估,预测幼苗构件及其总生物量等十分方便,也可对相关生产单位开展苗木经营与管理水平评比提供服务.

利用 D²H 作为自变量建立估测模型进行研究,最佳估测模型亦为乘幂曲线模型,与以 CH、C²H 作为模型变量估测生物量的 R² 值相比,相差不大,模型的精度大致相同,并且以 CH、C²H 和 D²H 为自变量的乘幂曲线模型估测生物量均没有显著性差异. 但变量 D 在定期观测间隔期较短、定期生长量较小时容易产生测量误差,且在不同时期进行 D 值重复观测时,受苗木灌溉与松土等因素影响,很难保证在同一位置测量. 因此,从简便性和直观性考虑,采用 CH、C²H 作为变量比采用 D²H 作为变量要好. 这与有研究认为较为矮小的多分枝树种、形态类似于藤本的物种及生长缓慢、定期生长量较小的树种,以冠

幅直径或冠幅面积为变量来估算生物量可行并具较高精度的结果一致^[20-21]。

利用 CH 、 C^2H 作为模型变量建立的生物量模型,精度高,简便易行,对估算刨花楠幼苗生物量和碳储量具有十分重要的意义,而刨花楠的生长状况会因生长环境、立地条件、植株密度的不同而存在一定差异,因此,该模型适宜于冠幅能得到充分伸展,生长正常的刨花楠幼苗及未成林造林地苗木的生物量估测,对于冠幅生长受竞争影响的苗木生物量估测需进一步验证^[22-23]。

参考文献:

[1] 钟全林,胡松竹,黄志强,等.刨花楠生长特性及其生态因子影响分析[J].林业科学,2002,38(2):165-168.

[2] 廖龙泉.刨花楠生长规律的初步研究[J].江苏林业科技,1997,24(1):39-41.

[3] 郭晓敏,牛德奎,孙科辉.优良阔叶树种—刨花楠木材构造性质及用途的研究[J].江西农业大学学报,1999,21(3):392-394.

[4] 肖立生,游水生,孙邦均.炼山干扰对米槠林分布格局的影响[J].福建林学院学报,2000,20(1):79-81.

[5] 钟全林,张振瀛,张春华,等.刨花楠生物量及其结构动态分析[J].江西农业大学学报,2001,23(4):533-536.

[6] 邓仕坚,廖利平,汪思龙,等.湖南会同红栲—青冈—刨花楠群落生物生产力的研究[J].应用生态学报,2000,11(5):651-654.

[7] 胡松竹,钟全林,黄志强,等.刨花楠人工栽培技术初探[J].江西农业大学学报,2001,23(4):332-335.

[8] 徐奎源,徐永星,徐裕良.红楠等4种楠木树种的栽培试验[J].江苏林业科技,2005,32(2):26-27.

[9] 钟全林,程栋梁,胡松竹,等.刨花楠和华东润楠叶绿素含量分特征及与净光合速率的关系[J].应用生态学报,2009,20(4):271-276.

[10] 鲁美娟,江洪,李巍,等.模拟酸雨对刨花楠幼苗生长和光合生理的影响[J].生态学报,2009,29(11):5986-

5994.

[11] 汪炎明.杉木萌芽林中套中刨花楠经营技术及生长效应[J].林业科技开发,2009,23(5):119-121.

[12] 王庆锁.油蒿、中间锦鸡儿生物量估测模式[J].中国草地,1994(1):49-51.

[13] RITTENHOUSE L R, SNEVA F A. A technique for estimating big sagebrush production[J]. J Range Manage, 1977, 30(1): 68-70.

[14] 林伟,李俊生,郑博福,等.井冈山自然保护区12种常见灌木生物量的估测模型[J].武汉植物学研究,2010,28(6):725-729.

[15] 郭永清,郎南军,杨旭,等.膏桐人工林单木生物量回归模型研究[J].浙江林业科技,2009,11(6):35-37.

[16] 沈亚洲,孙晓梅,张江涛,等.甘肃小陇山林区日本落叶松人工林单株生物量的研究[J].林业科学研究,2011,24(4):517-522.

[17] LYON L J. Estimating twig production of serviceberry from crown volumes[J]. J Wildlife Manage,1968,32(1):115-119.

[18] 王蕾,张宏,哈斯,郑秋红,等.基于冠幅直径和植株高度的灌木地上生物量估测方法研究[J].北京师范大学学报:自然科学版,2004,10(5):700-704.

[19] 周鸿飞,陈志斌,关欣.评价回归模型拟合效果的数量化方法[J].沈阳农业大学学报,2001,32(6):455-458.

[20] GEHRING C, PARK S, DENICH M. Liana allometric biomass equations for Amazonian primary and secondary forest[J]. Forest Ecol Manage, 2004, 195(1/2): 69-83.

[21] HALPERN C B, MILLER E A, GEYER M A. Equations for predicting above-ground biomass of plant species in early successional forests of the western Cascade Range, Oregon[J]. Northwest Sci, 1996, 70(4): 306-320.

[22] 黄劲松,邸雪颖.帽儿山地区6种灌木地上生物量估算模型[J].东北林业大学学报,2011,5(5):54-57.

[23] 明安刚,唐继新,于浩龙,等.桂西南米老排人工林单株生物量回归模型[J].林业资源管理,2011(6):83-93.

【责任编辑 李晓卉】