

doi : 10. 16473/j. cnki. xblykx1972. 2020. 02. 020

福建木荷多元生物量模型及2种权函数的比较*

黄光灿¹, 吴宏炜¹, 赖建明², 庄崇洋¹, 严铭海¹, 江希佃¹

(1. 福建农林大学林学院, 福建 福州 350002; 2. 福建省明溪国有林场, 福建 三明 365200)

摘要: 为准确计量与监测木荷生物量以及准确评估其碳汇能力、生态效益等生态功能, 基于160株木荷样木实测数据, 以胸径(D)、树高(H)、冠幅(Cw)和冠长(Cl)作为模型的自变量, 运用非线性最小二乘法, 采用15种模型结构建立木荷各组分生物量模型, 并以 $1/f(x)^2$ 与 $1/f(x)^{1.6}$ 分别作为权函数对模型进行异方差的消除, 对比分析各模型拟合结果并选取各组分最优生物量模型。结果表明, 木荷各部分的生物量模型采用同一模型结构所拟合的效果大致相同; 各自变量对生物量模型的拟合效果与贡献程度从大到小顺序为 $D>H>Cl>Cw$ (其中自变量 H 与 Cl 的作用效果相近); 随着函数模型的多元化, 从一元到二元模型的提升效果明显, 而后二元到多元模型提升效果不大, 建议实际应用中采用二元模型 $W=aD^{b1}H^{b2}$ 即可; 采用 $1/f(x)^{1.6}$ 作为权函数消除异方差后模型整体的拟合效果与估计精度, 优于未消除异方差与以 $1/f(x)^2$ 作为权函数消除异方差的模型, 证明以 $1/f(x)^n$ 作为通用权函数将更适用, 但其具体 n 值需进一步研究。

关键词: 木荷; 生物量模型; 非线性最小二乘法; 异方差; 权函数

中图分类号: S 718.5 **文献标识码:** A **文章编号:** 1672-8246 (2020) 02-0137-10

Multi-Biomass Model of *Schima superba* and Comparison of Two Weight Functions

HUANG Guang-can¹, WU Hong-wei¹, LAI Jian-ming², ZHUANG Chong-yang¹,
YAN Ming-hai¹, JIANG Xi-dian¹

(1. Forestry College, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou Fujian 350002, P. R. China;

2. Mingxi State-owned Forest Farm, Sanming Fujian 365200, P. R. China)

Abstract: In order to accurately measure and monitor the biomass of *Schima superba* and accurately assess its ecological functions such as carbon-sinking capacity and ecological benefits, by the measuring data of 160 sample trees, the biomass model *Schima superba* was established based on nonlinear least squares method with 15 kinds of model structure, and the DBH(D), tree height(H), crown width(Cw) and crown length(Cl) were used as the variables. The heteroscedasticity of model was eliminated by using $1/f(x)^2$ and $1/f(x)^{1.6}$ as weight functions respectively, and the optimal biomass model was selected after comparing and analyzing each fitting. The results showed that the biomass model fitting effect of each component is approximately the equivalence by using the same model structure. The order of the model fitting effect and contribution degree of each variable to each component biomass model is from large to small, $D>H>Cl>Cw$ (where the variable H and Cl have similar effects). With the more variables of the functional mode, the model fitting effect is gradually improve, the improvement effect from the unary function to the binary function model is the obvious, and the effect of the binary function to the function of several variables model is not significant. Therefore, the binary model $W=aD^{b1}H^{b2}$ in practical applications was recommended. The overall fit-

* 收稿日期: 2020-01-15

基金项目: 森林生长动态预测模型及数表编制(KLB18H18A), 森林资源资产精准计测及评估技术(KFA17283A)。

第一作者简介: 黄光灿(1995-), 男, 硕士研究生, 从事森林资源经营管理与林业数表研建。E-mail: 877833500@qq.com

通讯作者简介: 江希佃(1958-), 男, 教授, 从事森林资源经营管理与林业数表研建。E-mail: fjixd@126.com

ting effect and estimation accuracy of the model, which is used $1/f(x)^{1.6}$ as the weight function to eliminate the heteroscedasticity, are better than the model unresolved heteroscedasticity or using $1/f(x)^2$ as the weight function. This means that $1/f(x)^n$, as a general weight function, is more applicable, but further research need be done for the specific value of n .

Key words: *Schima superba*; biomass mode; non-linear least squares; heteroscedastic; weight function

森林生态系统是地球生态系统重要的组成部分,它对调节全球气候、维持碳平衡等各方面有着不可替代的作用^[1-3]。而森林生物量是森林生态系统中最基本的数量特征,也是衡量碳储量的重要指标,它对研究森林生态系统的生产力、碳循环与生态效益有着重要意义^[4-7]。因此森林生物量的监测与评估是十分重要的,如何准确测定与估算森林生物量是现今林学与生态研究的热点之一。

目前测算森林生物量的方法有很多,例如二氧化碳平衡法、微气象场法、收获法和生物量模型估算法等^[8-10],其中最常用的是生物量模型估算法^[11-13]。关于森林生物量模型的研究最早源自 Kitterge^[14]首次对白松等树种利用相对生长模型对其进行数学建模。随后许多研究者从不同的方法、区域、树种等方面,对林木的生物量模型做了大量的研究。Ruard^[15]基于相对生长模型提出 VAR 模型;张会儒等^[16]提出采用加权回归估计法建立冷杉 (*Abies fabri*) 生物量模型,并用原模型的倒数作为权函数,以解决模型中的异方差问题;唐守正等^[17]以及胥辉等^[18]提出采用二级联合估计的方法来解决各组分模型的可加性与相容性问题;Parresol^[19]提出采用非线性似然不相关法,来解决非线性生物量方程的不相容性;张绘芳等^[4]以胸径、树高为自变量,采用回归分析法,建立了新疆西伯利亚松 (*Pinus sylvestris*) 地上、地下以及各组分的生物量模型;董利虎等^[13]也以胸径、树高为自变量,模型参数估计采用非线性度量误差联立方程组估计法,并采用加权回归的方法对模型进行异方差消除,建立天然白桦 (*Betula platyphylla*) 相容性生物量模型;陈振雄等^[20]采用度量误差联立方程组方法同时进行整体建模和分段建模,构建了西藏冷杉 (*Abies spectabilis*) 一元、二元生物量与材积相容性模型,其预估精度分别在 93.5% 及 92.8% 以上。目前生物量模型大多以胸径、树高以及它们的组合变量作为自变量,对冠幅、冠长等其他自变量对生物量模型拟合效果的影响研究较少^[21]。

在生物量模型研究中,建立的模型往往会存在

异方差,因此需要对其进行异方差的消除。目前已有的研究中大多采用以 $1/f(x)^2$ 作为权函数进行加权回归估计来消除异方差^[16]。但曾伟生^[22]发现采用 $1/f(x)^2$ 作为权函数对不同建模数据其消除异方差的效果并不完全相同,因此选取一个效果优良的权函数对优化生物量模型是十分必要的。

木荷 (*Schima superba*) 是山茶科 (Theaceae) 木荷属 (*Schima*) 常绿阔叶大乔木,广泛分布于我国南部,是我国东部湿润亚热带常绿阔叶林的主要建群树种。木荷既是一种良好的用材、景观树种,也是优良的防火树种^[23-25],因此建立优良的木荷生物量模型具有十分重要的意义。本研究以木荷生物量的实测数据为基础,采用非线性最小二乘法,并用不同的权函数对模型的异方差进行消除,建立木荷一元、二元以及多元生物量模型,为计量与监测福建木荷生物量以及准确评估木荷碳汇能力、生态效益等提供科学依据。

1 数据来源与处理

本研究共测量获取了 160 株木荷样木生物量实测数据,样木数据采集于福建省福州、南平、三明等地区。样木的选取充分地考虑到地区分布、立地条件、林分密度、龄组结构、海拔等综合因素,以保证样本的代表性,并按一定的径阶距均匀地分为 10 个径阶组,每个径阶组样木 16 株左右。

选定样木后,先量取样木的地径、胸径以及冠幅,然后再将样木伐倒测量树高与活冠长。将树干以相对树高 0.5H、0.1H、0.2H...0.9H 测量带皮与去皮直径,并区分成 11 段。然后实测各部分(干材、树皮、树枝、树叶)的总鲜重,并选取各部分具有代表性样品带回实验室。将样品先置于 105℃ 恒温烘箱 2h,再放入 85℃ 恒温条件下烘干,直至恒重,称取样品干重。然后计算样品含水率,进而推算木荷样木各部分的生物量并汇总^[26-27]。数据的概况见表 1,其中木荷地上生物量为干材、树皮、树枝和树叶生物量之和。

表1 木荷各部分生物量的数据概况

Tab. 1 Overview of biomass data in various parts of *Schima superba*

项目	最小值	最大值	均值	标准差	变动系数/%
胸径/cm	5.50	52.30	22.01	8.75	39.73
树高/m	4.30	25.00	18.21	4.37	24.02
冠幅/m	1.10	18.00	8.94	5.07	56.75
冠长/m	1.10	18.50	9.73	4.90	50.35
干材生物量/kg	3.53	1 076.77	234.78	191.85	81.72
树皮生物量/kg	0.49	94.94	22.86	17.40	76.10
树枝生物量/kg	1.47	335.65	79.45	61.38	77.26
树叶生物量/kg	0.78	50.49	15.78	9.89	62.68
地上生物量/kg	6.27	1 557.85	352.87	280.36	79.45

表2 生物量的各模型结构

Tab. 2 The various structures of biomass model

类型	编号	模型结构
一元模型	1	$y = a_0 D^{b1}$
	2	$y = a_0 H^{b1}$
	3	$y = a_0 Cw^{b1}$
	4	$y = a_0 Cl^{b1}$
二元模型	5	$y = a_0 D^{b1} H^{b2}$
	6	$y = a_0 D^{b1} Cw^{b2}$
	7	$y = a_0 D^{b1} Cl^{b2}$
	8	$y = a_0 H^{b1} Cw^{b2}$
	9	$y = a_0 H^{b1} Cl^{b2}$
	10	$y = a_0 Cw^{b1} Cl^{b2}$
三元模型	11	$y = a_0 D^{b1} H^{b2} Cw^{b3}$
	12	$y = a_0 D^{b1} H^{b2} Cl^{b3}$
	13	$y = a_0 D^{b1} Cw^{b2} Cl^{b3}$
	14	$y = a_0 H^{b1} Cw^{b2} Cl^{b3}$
四元模型	15	$y = a_0 D^{b1} H^{b2} Cw^{b3} Cl^{b4}$

2 研究方法

2.1 模型构建

据文献统计^[21]，目前林木生物量模型自变量的选取多以胸径、树高以及两者的组合变量，少数引用冠幅、冠长、年龄等因子。对于自变量的选取不仅要考虑与因变量的相关性，还要考虑易测程度。因此结合前人经验与综合考虑，本研究选取胸径 (D)、树高 (H)、冠幅 (Cw) 和冠长 (Cl) 作为模型的自变量。

林木生物量模型大致可分为3类：线性模型、非线性模型（相加误差）、非线性模型（相乘误差），具体公式依次如下^[19]： $y = \alpha_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 \cdots + \beta_i X_i + \varepsilon$ ①； $y = \alpha_0 X_1^{\beta_1} X_2^{\beta_2} \cdots + X_i^{\beta_i} + \varepsilon$ ②； $y = \alpha_0 X_1^{\beta_1} X_2^{\beta_2} \cdots + X_i^{\beta_i} \varepsilon$ ③。式中： y 为林木总生物量或者各项生物量， X_i 为各自变量， α_0 与 β_i 为模型参数， ε 为误差项。

有研究表明^[26] 林木生物量与相关因子之间往往是非线性关系，运用非线性模型拟合生物量的效果要优于线性模型，而存在相加误差的非线性模型计算更便捷。因此，本研究选用存在相加误差的非线性模型为模板，以胸径 (D)、树高 (H)、冠幅 (Cw) 和冠长 (Cl) 4 个因子作为自变量，运用 SPSS 软件采用 Marquardt 迭代算法（非线性最小二乘法的一种）进行拟合，构建木荷各组分一元、二元和多元的生物量模型，来探讨各自变量以及变量之间相互作用对各组分生物量模型构建的影响，具体模型结构见表2。

2.2 异方差性消除

林木生物量模型中普遍存在异方差的问题，已有的研究中主要采取加权回归估计的方法来消除异方差。加权回归估计法是先选定适当的权函数 $w = 1/g(x)^2$ ，然后将 $1/g(x)$ 乘以原函数模型等式两边，最后再应用最小二乘法进行回归分析。而目前主要采用2种权函数：一是特定权函数，它是根据普通最小二乘回归结果的残差平方与自变量的回归关系得到的。二是通用权函数，它是原函数的倒数（即 $1/f(x)$ ）作为权重变量^[16]。但由于特定权函数求解较复杂，通用权函数简单易得且对模型异

方差消除效果良好,因而目前大部分异方差消除均采用通用权函数。不过曾伟生^[22]发现采用通用权函数对不同建模数据其消除异方差的效果并不完全相同,建议将通用权函数 $1/f(x)^2$ 调整为 $1/f(x)^n$,其中乔木生物量模型以 $1/f(x)^{1.6}$ 作为权函数效果较好。因此为比较权函数 $1/f(x)^2$ 与 $1/f(x)^{1.6}$ 异方差消除效果,本研究将同时采用这两种权函数,并对两种处理结果与未消除异方差的模型进行分析与比较。

2.3 模型评价与优选

为了评价模型的精度与优度,以便筛选出最优模型,本研究采用确定系数 (R^2)、估计值的标准差 (SEE)、总相对误差 (TRE)、平均系统误差 (MSE)、平均预估误差 (MPE) 和平均百分标准误差 ($MPSE$),这6项指标作为模型的评价指标。其计算公式为, $R^2 = 1 - \sum (y_i - \bar{y})^2 / \sum (y_i - \hat{y}_i)^2$ ④; $SEE = \sqrt{\sum (y_i - \hat{y}_i)^2 / (n-p)}$ ⑤; $TRE = \sum (y_i - \hat{y}_i) / \sum \hat{y}_i \times 100\%$ ⑥; $MSE = \sum (y_i - \hat{y}_i) / y_i / n \times 100\%$ ⑦; $MPE = t_\alpha \times (SEE / \bar{y}) / \sqrt{n} \times 100\%$ ⑧; $MPSE = \sum |y_i - \hat{y}_i| / \hat{y}_i / n \times 100\%$ ⑨。式中: y_i 为实际观测值; \hat{y}_i 为模型预估值; \bar{y} 为样本平均值; n 为样本单元数; p 为参数个数; t_α 为置信水平 α 时的 t 值。

这6项指标中, R^2 和 SEE 不仅反映了模型的

拟合优度,也反映了自变量的贡献率与因变量的离差状况,其中 R^2 越大越好, SEE 越小越好; TRE 和 MSE 是反映拟合效果的重要指标,最好控制在一定范围内(如 $\pm 3\%$),当趋向于0时效果最好; MPE 是反映平均生物量估计值的精度指标, $MPSE$ 是反映单株生物量估计值的精度指标,两者越小效果越好。为了更直观查看模型的偏差与异方差处理的效果,将对部分模型作出相对残差图。

目前对于所建模型是否需要适应性检验,存在着争议。曾伟生^[26]对东北落叶松 (*Larix gmelinii*) 和南方马尾松 (*Pinus massoniana*) 的立木生物量模型进行优度评价和精度分析中,通过蒙特卡罗模拟进行随机再抽样检验,证明了“利用适用性检验作出否决模型的判定只是一个小概率事件”,建议用所有的样本进行建模。故本研究将所有样本数据都用于建模,不做模型的适用性检验。

3 结果与分析

3.1 不同生物量模型拟合效果分析

以福建地区160株木荷样木生物量的实测数据为基础,采用非线性最小二乘法,按模型1-15拟合各组分生物量模型,拟合效果具体见表3-表7。

表3 木荷地上生物量模型拟合结果

Tab. 3 The model fitting results of aboveground biomass of *Schima superba*

模型类型	模型参数					统计指标					
	a	b ₁	b ₂	b ₃	b ₄	R ²	SEE	TRE	MSE	MPE	MPSE
1	0.773	1.940				0.892	92.73	-0.947	-6.85	4.10	25.89
2	0.019	3.313				0.437	211.74	1.246	6.78	9.37	49.50
3	136.758	0.457				0.151	259.95	-0.657	-3.09	11.50	59.15
4	117.404	0.503				0.146	260.76	-0.427	-2.31	11.54	59.63
5	0.026	1.878	1.195			0.960	56.39	0.209	1.75	2.49	15.79
6	0.481	1.922	0.250			0.928	75.63	-1.169	-7.12	3.35	17.68
7	0.326	1.929	0.399			0.968	50.08	-0.690	-5.39	2.22	15.58
8	0.017	3.401	-0.054			0.439	211.39	1.264	7.33	9.35	50.10
9	0.012	3.570	-0.111			0.441	210.91	1.248	8.48	9.33	50.69
10	119.414	0.257	0.255			0.164	257.92	-0.899	-4.20	11.41	58.18
11	0.020	1.937	1.094	0.172		0.979	40.91	0.550	5.24	1.81	15.05
12	0.074	1.896	0.636	0.261		0.980	40.04	-0.224	-1.83	1.77	11.53
13	0.287	1.944	0.086	0.351		0.972	46.99	-0.609	-4.75	2.08	14.05
14	0.012	3.571	0.002	-0.113		0.441	210.91	1.249	8.50	9.33	50.69
15	0.046	1.931	0.734	0.112	0.182	0.986	33.03	0.144	1.13	1.46	10.88

表 4 木荷干材生物量模型拟合结果

Tab. 4 The model fitting results of trunk biomass of *Schima superba*

模型 类型	模型参数					统计指标					
	a	b ₁	b ₂	b ₃	b ₄	R ²	SEE	TRE	MSE	MPE	MPSE
1	0.068	1.848				0.888	5.86	-0.913	-6.380	4.002	68.7
2	0.009	3.437				0.428	146.02	1.412	7.618	9.711	127.4
3	91.086	0.456				0.143	178.73	-0.670	-3.150	11.886	119.0
4	77.748	0.505				0.139	179.11	-0.448	-2.410	11.911	109.5
5	0.013	1.947	1.219			0.962	37.41	0.197	1.558	2.488	13.0
6	0.266	1.982	0.245			0.927	52.02	-1.261	-7.777	3.459	70.0
7	0.174	1.991	0.406			0.969	33.85	-0.733	-5.865	2.251	40.3
8	0.008	3.538	-0.054			0.429	145.84	-0.894	5.965	9.699	130.1
9	0.005	3.715	-0.121			0.433	145.38	1.398	9.462	9.668	134.4
10	79.255	0.251	0.262			0.156	177.36	-0.919	-4.297	11.795	129.6
11	0.010	2.006	1.133	0.169		0.980	27.17	0.547	5.260	1.807	32.7
12	0.037	1.961	0.663	0.261		0.981	26.51	-0.244	-2.105	1.763	8.5
13	0.154	2.006	0.080	0.361		0.972	32.04	-0.661	-5.269	2.131	34.3
14	0.005	3.710	-0.009	-0.113		0.433	145.38	1.397	9.392	9.668	134.5
15	0.022	1.997	0.769	0.110	0.182	0.987	21.88	0.132	0.987	1.455	1.0

表 5 木荷树皮生物量模型拟合结果

Tab. 5 The model fitting results of bark biomass of *Schima superba*

模型 类型	模型参数					统计指标					
	a	b ₁	b ₂	b ₃	b ₄	R ²	SEE	TRE	MSE	MPE	MPSE
1	0.068	1.848				0.888	5.86	-0.913	-6.380	4.002	25.5
2	0.002	3.136				0.451	12.97	1.014	5.419	8.859	46.6
3	8.843	0.458				0.164	16.00	-0.638	-3.009	10.929	56.9
4	7.662	0.500				0.156	16.08	-0.396	-2.151	10.984	57.5
5	0.003	1.772	1.159			0.956	3.67	0.170	1.426	2.504	15.5
6	0.042	1.828	0.258			0.929	4.65	-1.077	-6.477	3.177	17.1
7	0.030	1.832	0.389			0.967	3.18	-0.675	-5.058	2.174	15.3
8	0.002	3.200	-0.037			0.452	12.96	1.033	5.817	8.851	47.0
9	0.009	2.555	-0.032			0.515	6.93	0.436	2.836	6.860	37.0
10	7.765	0.266	0.244			0.178	15.88	-0.868	-4.065	10.842	56.0
11	0.002	1.830	1.035	0.177		0.977	2.65	0.492	4.496	1.807	14.5
12	0.008	1.796	0.596	0.261		0.978	2.62	-0.247	-1.912	1.787	11.5
13	0.026	1.849	0.095	0.334		0.972	2.94	-0.581	-4.389	2.006	13.6
14	0.001	3.368	0.019	-0.113		0.455	12.93	1.035	6.934	8.829	47.5
15	0.005	1.828	0.682	0.116	0.180	0.985	2.15	0.108	0.789	1.467	10.7

表 6 木荷树枝生物量模型拟合结果

Tab. 6 The model fitting results of branch biomass of *Schima superba*

模型 类型	模型参数					统计指标					
	a	b ₁	b ₂	b ₃	b ₄	R ²	SEE	TRE	MSE	MPE	MPSE
1	0.215	1.876				0.889	20.57	-0.981	-6.880	4.042	25.8
2	0.006	3.201				0.448	45.91	1.072	5.490	9.023	47.4
3	30.669	0.458				0.160	56.60	-0.648	-3.056	11.123	57.8
4	26.500	0.502				0.153	56.85	-0.407	-2.212	11.173	58.4
5	0.008	1.804	1.174			0.958	12.73	0.118	0.862	2.501	15.1
6	0.132	1.857	0.256			0.929	16.45	-1.164	-7.081	3.233	17.4
7	0.093	1.862	0.393			0.967	11.16	-0.738	-5.598	2.194	15.6
8	0.005	3.272	-0.042			0.449	45.86	1.090	5.913	9.013	47.9
9	0.004	3.438	-0.102			0.451	45.75	1.084	6.949	8.990	48.4
10	26.894	0.264	0.247			0.174	56.15	-0.883	-4.133	11.035	56.9
11	0.006	1.863	1.056	0.176		0.978	9.17	0.447	3.992	1.802	14.0
12	0.023	1.826	0.613	0.261		0.978	9.08	-0.300	-2.437	1.784	11.5
13	0.081	1.878	0.093	0.339		0.972	10.35	-0.649	-4.956	2.033	14.0
14	0.004	3.444	0.015	-0.115		0.452	45.74	1.086	7.034	8.990	48.4
15	0.014	1.860	0.704	0.116	0.179	0.985	7.44	0.061	0.296	1.463	10.4

表7 木荷树叶生物量模型拟合结果

Tab. 7 The model fitting results of leaves biomass of *Schima superba*

模型类型	模型参数					统计指标					
	a	b ₁	b ₂	b ₃	b ₄	R ²	SEE	TRE	MSE	MPE	MPSE
1	0.160	1.470				0.860	3.73	-0.703	-4.276	3.687	23.4
2	0.011	2.482				0.514	6.94	0.415	2.454	6.864	36.7
3	6.161	0.453				0.232	8.72	-0.534	-2.532	8.628	46.9
4	5.513	0.481				0.210	8.85	-0.271	-1.510	8.755	48.2
5	0.012	1.339	1.024			0.933	2.57	0.072	0.807	2.543	14.9
6	0.097	1.439	0.281			0.930	2.64	-0.696	-3.909	2.608	14.9
7	0.080	1.439	0.357			0.956	2.08	-0.529	-3.364	2.060	13.7
8	0.012	2.427	0.030			0.515	6.93	0.389	2.129	6.858	36.4
9	0.001	3.361	-0.097			0.455	12.93	1.033	6.835	8.830	47.6
10	5.494	0.288	0.212			0.248	8.63	-0.716	-3.360	8.541	46.3
11	0.013	1.395	0.795	0.196		0.966	1.83	0.283	2.289	1.806	12.8
12	0.030	1.389	0.450	0.263		0.965	1.87	-0.257	-1.581	1.849	11.3
13	0.070	1.452	0.130	0.273		0.968	1.79	-0.413	-2.718	1.773	11.7
14	0.009	2.557	0.078	-0.094		0.518	6.91	0.436	2.874	6.837	36.7
15	0.023	1.412	0.480	0.132	0.174	0.977	1.52	0.004	0.023	1.501	10.2

在表3-表7中模型1-4分别是自变量为胸径(D)、树高(H)、冠幅(Cw)和冠长(Cl)的一元函数模型,依据各统计指标结果可以看出拟合效果最优的是自变量为 D 的模型,其6项统计指标均明显优于其他自变量的一元函数模型(R^2 值0.892),紧接着依次是以 H 、 Cl 与 Cw 为自变量的模型;模型5-10为4个自变量两两组合的二元模型,根据统计指标可以看出含自变量 D 的模型明显优于不含 D 的函数模型,其中含自变量 D 、 H 模型与含自变量 D 、 Cl 模型效果都较好, R^2 值均超过0.96,这说明两种模型可以解释木荷地上部分生物量96%以上;模型11-14为4个自变量中选3个进行组合的三元模型,可以看出含自变量 D 的三元模型明显优于不含 D 的函数模型。根据各统计指标来看,模型12拟合效果最好,紧接着是模型11、13与14,其中模型11与13的 R^2 值都超过0.97,模型12的 R^2 值超过0.98;对于四元函数模型15,可以看出其6项统计指标值是所有函数模型最优的,其中 R^2 值为0.986。

由表3-表7可以看出不同的模型结构对各部分的生物量模型的拟合结果大致与对地上部分生物量模型拟合结果相同,并不存在某个变量或某些变量组合对不同部分生物量有较好的拟合效果。由以上的数据结果可以发现,各自变量对木荷各组分生物量模型的拟合效果与贡献程度从大到小依次为: $D>H>Cl>Cw$ (其中自变量 H 与 Cl 的作用效果颇为

接近);在一元、二元以至多元模型中含自变量 D 组合的模型拟合效果明显优于不含 D 组合的模型;随着自变量的增加,模型函数从一元到多元,模型的拟合精度与估计效果也逐渐提升,其中从一元到二元的提升效果最明显,之后二元到多元提升效果不大。

3.2 两种权函数对异方差消除效果的分析

对建立的所有生物量模型引入权函数 $1/f(x)^2$ 与 $1/f(x)^{1.6}$,对原有模型进行异方差的消除,具体模型的拟合效果见表8与表9(以1、5、7等5种模型结构地上生物量模型异方差消除效果与模型结构1各组分生物量模型异方差消除效果为例)。

由图1-图3可以看出,模型经过异方差处理的残差与未处理的相比,残差分布显得更加均匀与对称,说明经过权函数处理后异方差性明显下降,其中以 $1/f(x)^2$ 作权函数的效果最明显,但以 $1/f(x)^{1.6}$ 作权函数与其效果相差不大。由表5-表6可以看出,不同模型对木荷不同组分拟合的生物量模型经过权函数处理后,无论是参数还是评价指标都产生了变化: R^2 值相较于处理前的数值小幅度变小,其中以 $1/f(x)^2$ 作权函数的值最小, $1/f(x)^{1.6}$ 次之; SEE 值相较于处理前的数值变大,其中以 $1/f(x)^2$ 作权函数的值最大, $1/f(x)^{1.6}$ 次之; TRE 值相较于处理前的数值变化不一,但都在 $\pm 2\%$ 范围以内;而 MSE 值相较于处理前的数值显著变小,其中以 $1/f(x)^2$ 作权函数的值最小,

$1/f(x)^{1.6}$ 次之，两个处理后的结果都在 $\pm 1.5\%$ 范围以内； MPE 值与 $MPSE$ 值相较于处理前的数值也无明显的变化。基于上述的结果与数据可以发现，采用权函数对模型进行异方差消除后，模型整体拟合效果大部分得到了提升。比如模型 7 中以 $1/f(x)^{1.6}$ 作权函数，拟合结果的整体优于原函数，

甚至要优于模型 5 处理前后所有模型的拟合效果（在未消除异方差前模型 5 要优于模型 7）。但也发现经过权函数处理后，模型拟合效果整体上没有太大改变，甚至下降。比如公式 12 中以 $1/f(x)^2$ 作权函数的拟合结果。

表 8 不同权函数对地上部分生物量模型异方差消除结果

Tab. 8 The different weight functions to the results of eliminated heterovariance in above-ground biomass model

模型	权函数	模型参数					统计指标					
		a	b ₁	b ₂	b ₃	b ₄	R ²	SEE	TRE	MSE	MPE	MPSE
1	1	0.773	1.940				0.892	92.730	-0.947	-6.85	4.10	25.89
	$1/f(x)^2$	0.026	2.453				0.869	102.278	-1.655	-0.31	4.53	26.98
	$1/f(x)^{1.6}$	0.387	2.148				0.881	97.231	-0.489	-1.26	4.30	26.66
5	1	0.026	1.878	1.195			0.960	56.387	0.209	1.75	2.49	15.79
	$1/f(x)^2$	0.029	1.704	1.346			0.952	61.861	1.757	0.02	2.74	14.31
	$1/f(x)^{1.6}$	0.023	1.738	1.394			0.955	59.644	0.448	0.45	2.64	14.45
7	1	0.326	1.929	0.399			0.968	50.085	-0.690	-5.39	2.22	15.58
	$1/f(x)^2$	0.161	2.117	0.439			0.957	58.360	-1.258	-0.10	2.58	15.58
	$1/f(x)^{1.6}$	0.188	2.077	0.425			0.963	54.408	-0.404	-0.73	2.41	15.44
12	1	0.074	1.896	0.636	0.261		0.980	40.037	-0.224	-1.83	1.77	11.53
	$1/f(x)^2$	0.044	1.816	0.908	0.249		0.976	43.387	-0.303	-0.88	1.92	11.50
	$1/f(x)^{1.6}$	0.043	1.851	0.876	0.249		0.978	42.243	0.110	0.13	1.87	11.65
15	1	0.046	1.931	0.734	0.112	0.182	0.986	33.030	0.144	1.13	1.46	10.88
	$1/f(x)^2$	0.054	1.790	0.801	0.202	0.139	0.976	44.143	1.359	0.00	1.95	10.68
	$1/f(x)^{1.6}$	0.049	1.846	0.782	0.179	0.150	0.982	38.063	0.329	0.09	1.68	10.51

注：权函数 1 表示普通回归，下表同。

表 9 不同权函数对 $y=aD^b$ 结构模型异方差消除结果

Tab. 9 The different weight function to the results of eliminated heterovariance in $y=aD^b$ structural model

组分器官	权函数	模型参数			统计指标					
		a	b ₁	R ²	SEE	TRE	MSE	MPE	MPSE	
地上部分	1	0.773	1.940	0.892	92.73	-0.95	-6.85	4.10	25.89	
	$1/f(x)^2$	0.026	2.453	0.869	102.28	-1.65	-0.31	4.53	26.98	
	$1/f(x)^{1.6}$	0.387	2.148	0.881	97.23	-0.49	-1.26	4.30	26.66	
干材	1	0.068	1.848	0.888	5.86	-0.91	-6.38	4.00	25.45	
	$1/f(x)^2$	0.028	2.114	0.866	6.41	-1.51	-0.28	4.38	26.45	
	$1/f(x)^{1.6}$	0.035	2.047	0.878	6.13	-0.45	-1.13	4.18	26.13	
树皮	1	0.068	1.848	0.888	5.86	-0.91	-6.38	4.00	25.45	
	$1/f(x)^2$	0.028	2.114	0.866	6.41	-1.51	-0.28	4.38	26.45	
	$1/f(x)^{1.6}$	0.035	2.047	0.878	6.13	-0.45	-1.13	4.18	26.13	
树枝	1	0.215	1.876	0.889	20.57	-0.98	-6.88	4.04	25.78	
	$1/f(x)^2$	0.085	2.161	0.864	22.75	-1.60	-0.33	4.47	26.82	
	$1/f(x)^{1.6}$	0.106	2.089	0.878	21.62	-0.47	-1.27	4.25	26.51	
树叶	1	0.160	1.470	0.860	3.73	-0.70	-4.28	3.69	23.42	
	$1/f(x)^2$	0.083	1.672	0.844	3.94	-0.94	-0.14	3.90	24.13	
	$1/f(x)^{1.6}$	0.096	1.625	0.851	3.84	-0.28	-0.63	3.80	23.88	

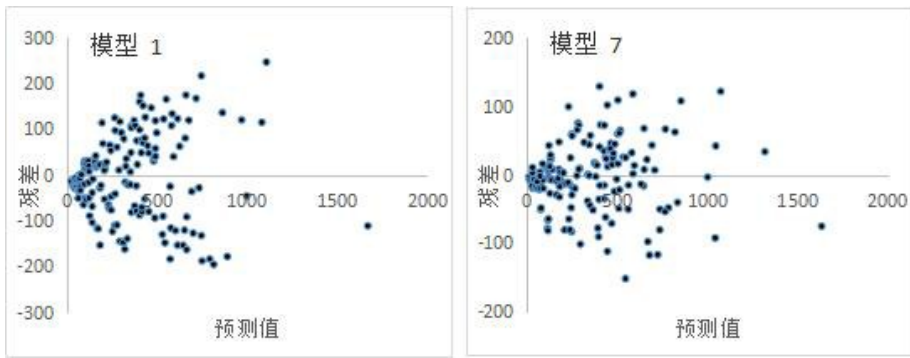


图1 两种未消除异方差地上生物量模型的残差分布

Fig. 1 The residual distribution of two above-ground biomass models without eliminated heteroclastic

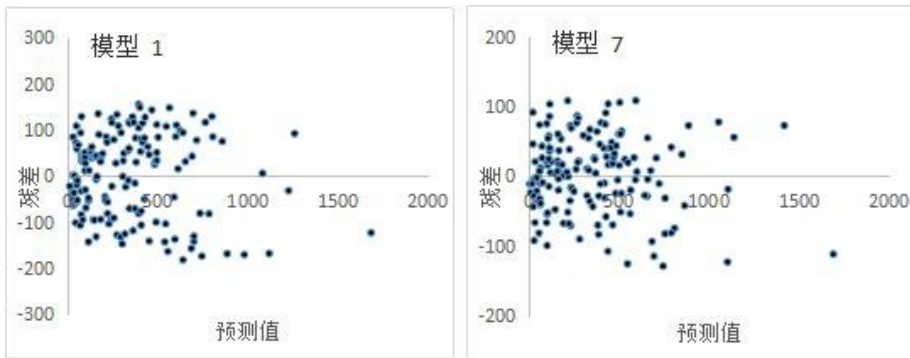


图2 两种以 $1/f(x)^{1.6}$ 为权函数消除异方差的地上生物量模型残差分布

Fig. 2 The residual distribution of two above-ground biomass models eliminated heteroclastic by using $1/f(x)^{1.6}$ as a weight function

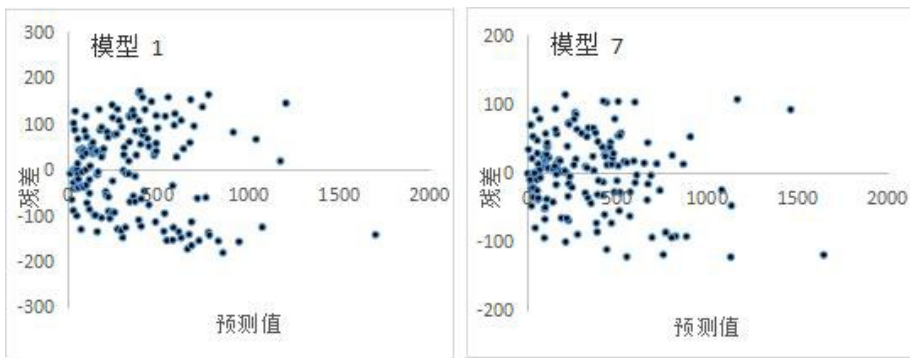


图3 两种以 $1/f(x)^2$ 为权函数消除异方差的地上生物量模型残差分布

Fig. 3 The residual distribution of two above-ground biomass models eliminated heteroclastic by using $1/f(x)^2$ as a weight function

由上述数据与结果可知,采用 $1/f(x)^2$ 作权函数对原模型进行异方差的消除,虽然效果显著,但是其他的统计指标也产生明显的变化,这影响到模型整体的拟合效果与预估精度。不过当采用 $1/f(x)^{1.6}$ 作为权函数对异方差进行消除时,其对原模型异方差的消除效果与 $1/f(x)^2$ 作为权函数的消除效果相差不多,不过其他统计指标变化相对较小。总体而言,采用 $1/f(x)^{1.6}$ 作为权函数进行异方差消除后的拟合结果,模型整体的拟合效果与预估精度优于采用 $1/f(x)^2$ 作为权函数的拟合结果。

3.3 各组分最优生物量模型的选取

对各组分已建立的生物量模型,采用 $1/f(x)^{1.6}$ 作权函数进行异方差的消除,得到处理后的模型。然后基于6项统计指标综合考虑,选取一元最优生物量模型、二元最优生物量模型以及多元最优生物量模型,具体见表10。由表10可以看出所有最优模型都含有自变量 D ;随着模型的多元化,最优模型的拟合效果与精度也随之提升(所有模型中的最优模型即四元函数模型),这也与上文得出的结果一致。

表10 木荷各组分最优生物量模型

Tab. 10 The optimal biomass model for each part of *Schima superba*

组分器官	范围	模型自变量	统计指标					
			R^2	SEE	TRE	MSE	MPE	$MPSE$
地上部分	一元模型	D	0.881	97.23	-0.49	-1.26	4.30	26.66
	二元模型	D, Cl	0.963	54.41	-0.40	-0.73	2.41	15.44
	多元模型	D, H, Cw, Cl	0.982	38.06	0.33	0.09	1.68	10.51
干材	一元模型	D	0.878	6.13	-0.45	-1.13	4.18	26.13
	二元模型	D, H	0.958	39.71	0.44	0.47	2.49	14.44
	多元模型	D, H, Cw, Cl	0.983	25.32	0.32	0.09	1.46	10.51
树皮	一元模型	D	0.878	6.13	-0.45	-1.13	4.18	26.13
	二元模型	D, Cl	0.961	3.44	-0.37	-0.66	2.17	15.11
	多元模型	D, H, Cw, Cl	0.981	2.43	0.28	0.06	1.47	10.49
树枝	一元模型	D	0.878	21.62	-0.47	-1.27	4.25	26.51
	二元模型	D, H	0.953	13.34	0.34	0.38	2.50	14.33
	多元模型	D, H, Cw, Cl	0.982	8.37	0.24	0.04	1.46	10.43
树叶	一元模型	D	0.851	3.84	-0.28	-0.63	3.80	23.88
	二元模型	D, Cl	0.952	2.18	-0.22	-0.33	2.06	13.75
	多元模型	D, H, Cw, Cl	0.973	1.63	0.16	0.00	1.50	10.40

4 结论与讨论

本研究以木荷为研究对象，基于160株样木生物量实测数据，采用非线性最小二乘法，以15种一元、二元以及多元的生物量模型结构建立各组分生物量模型。然后采用两种权函数对模型进行异方差消除，最后通过各评价指标选取最优生物量模型，并得出以下结论：

(1) 各自变量对木荷各组分生物量模型的拟合效果与贡献程度大小不一，依据拟合效果与贡献程度从大到小依次为 $D > H > Cl > Cw$ （其中自变量 H 与 Cl 的作用效果颇为接近），而含有自变量 D 的模型拟合效果与精度明显优于不含 D 的模型。这与许多研究^[28-31]表明 D 是预测生物量的重要变量的结果相一致。因此在模型自变量的选取上，可以以胸径 (D) 作为基础的自变量，之后根据以上顺序挑选不同自变量组合。

(2) 随着自变量的增加，模型函数的多元化，模型的拟合精度与估计效果也逐渐提升。从一元到二元模型的提升效果最明显，二元到多元模型的提升效果较小。其中含自变量 D 、 H 模型与含自变量 D 、 Cl 模型已经可以解释木荷地上部分生物量96%以上。综合考虑野外工作量与测量误差积累等因素，建议在森林资源清查中可以采用木荷的二元模型 $W = aD^b H^c$ ，这与曾伟生^[26]所得结论相一致。

(3) 不同的模型结构对各部分的生物量模型的拟合结果大致相同，并不存在某个变量或某些变

量组合对不同部分生物量有较好的拟合效果。这与董利虎等^[13]发现加入其它自变量降低了树枝与树叶生物量模型的预估精度不一致。这可能是由于木荷的干型较通直，树枝分叉较少，导致不同自变量对各组分拟合的结果差距不大^[32]。

(4) 对普通回归模型进行异方差的消除后，大部分模型的整体拟合效果得到了提升，但仍有小部分拟合效果提升不大（甚至下降），较多出现在以 $1/f(x)^2$ 作权函数处理后的模型。通过两种权函数消除异方差后效果的比较，总体而言采用 $1/f(x)^{1.6}$ 作为权函数要优于采用 $1/f(x)^2$ 作为权函数的拟合结果，这与曾伟生^[22]所得到的结果相一致。这也证明了以 $1/f(x)^n$ 作为通用权函数相对于 $1/f(x)^2$ 将更适用，具体 n 值为多少需进一步的研究与探讨。

(5) 本研究最后对经过异方差处理的所有模型，基于各项评价指标综合考虑，选取了一元最优生物量模型、二元最优生物量模型以及多元最优生物量模型，其中多元最优生物量模型即为所有模型中最优生物量模型。选取最优一元、二元生物量模型目的是便于与我国森林资源清查数据相适用，直接估计实际生产经营与森林资源清查中木荷各分组的生物量，如若对预估精度有更高的要求可以采用最优多元生物量模型。本文所建立的都是各组分生物量的独立模型，而未考虑到各组分生物量模型之间的可加性与相容性问题，具有一定的局限性。可以通过非线性联立方程组法、非线性似然无关回归方法等^[17,33-34]方法进行解决，需要进一步的研究。

参考文献:

- [1] Woodwell G M, Whittaker R H, Refiners W A, *et al.* The biota and the world carbon budget[J]. *Science*, 1978, 199: 141-146.
- [2] 贾明明, 任春颖, 刘殿伟, 等. 基于环境星与 MODIS 时序数据的面向对象森林植被分类[J]. *生态学报*, 2014, 34(24): 7167-7174.
- [3] Luo Y H, Cadotte M W, Burgess K S, *et al.* Greater than the sum of the parts: how the species composition in different forest strata influence ecosystem function [J]. *Ecology Letters*, 2019, 22(9): 1449-1461.
- [4] 张绘芳, 高亚琪, 李霞, 等. 新疆西伯利亚云杉生物量模型研究[J]. *中南林业科技大学学报*, 2015, 35(11): 115-120.
- [5] Lieth H, Whittaker R H. Primary productivity of the biosphere[M]. New York: Springer-Verlag, 1975.
- [6] 王效科, 冯宗炜, 欧阳志云. 中国森林生态系统的植物碳储量和碳密度研究[J]. *应用生态学报*, 2001, 12(1): 13-16.
- [7] Qi W L, Svetlana Saarela, John Armston, *et al.* Forest biomass estimation over three distinct forest types using TanDEM-X InSAR data and simulated GEDI lidar data [J]. *Remote Sensing of Environment*, 2019, 232: 111-283.
- [8] Botkin, D B, Woodwell G M, Tempel N. Forest productivity estimated from carbon dioxide uptake [J]. *Ecology*, 1970, 51: 1057-1060.
- [9] 潘维待, 田大伦. 森林生态系统第一性生产量的测定技术与方法[J]. *湖南林业科学*, 1981(2): 1-12.
- [10] 薛立, 杨鹏. 森林生物量研究综述[J]. *福建林学院学报*, 2004(3): 283-288.
- [11] 罗云建, 张小全, 工效科, 等. 森林生物量的估算方法及其研究进展[J]. *林业科学*, 2009, 45(8): 129-134.
- [12] Parresol B R. Assessing tree and stand biomass: a review with examples and, critical comparisons [J]. *Forest Science*, 1999, 45(4): 573-593.
- [13] 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.
- [14] Kittfrge J. Estimatin of amount of foliage of trees and shrubs [J]. *Forest*, 1944(42): 905-912.
- [15] Ruark G A, Martin G L, Bockheim J G. Comparison of constant and variable allometric ratios for estimating *Populus tremuloides* biomass [J]. *Forest Science*, 1987, 33: 294-300.
- [16] 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.
- [17] 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.
- [18] 胥辉, 刘伟平. 相容性生物量模型研究[J]. *福建林学院学报*, 2001, 21(1): 18-23.
- [19] Parresol B R. Additivity of nonlinear biomass equations [J]. *Can J For Res*, 2001, 31(5): 865-878.
- [20] 陈振雄, 贺东北, 肖前辉, 等. 西藏冷杉立木生物量和材积模型研建[J]. *中南林业科技大学学报*, 2018, 38(1): 16-21.
- [21] 尹惠妍, 张志伟, 李海奎. 中国主要乔木树种生物量方程[J]. *中南林业科技大学学报*, 2019, 39(5): 63-69.
- [22] 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.
- [23] 倪健. 中国木荷及木荷林的地理分布与气候的关系[J]. *植物资源与环境*, 1996(3): 29-35.
- [24] 辛娜娜. 木荷家系遗传及其育种亲本特性的研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2014.
- [25] 杨汉波. 木荷繁殖生物学特性及种子园交配系统研究[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2017.
- [26] 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.
- [27] 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(3): 80-86.
- [28] Cole T G, Ewel J J. Allometric equations for four valuable tropical tree species [J]. *Ecol Manage*, 2006, 229(1/3): 351-360.
- [29] 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]. *Ecol Model*, 2007, 202(3): 311-323.
- [30] Wang C K. Biomass allometric equations for 10 co-occurring tree species in Chinese temperate forests [J]. *For Ecol Manage*, 2006, 222(1/3): 9-16.
- [31] Antonio N A N, Tome M T M, Tome J T J, *et al.* Effect of tree, stand, and site variables on the allometry of *Eucalyptus globules* tree biomass [J]. *Can J For Res*, 2007, 37(5): 895-906.
- [32] 薛春泉, 徐期瑚, 林丽平, 等. 广东主要乡土阔叶树种含年龄和胸径的单木生物量模型[J]. *林业科学*, 2019, 55(2): 97-108.
- [33] 符利勇, 雷渊才, 曾伟生. 几种相容性生物量模型及估计方法的比较[J]. *林业科学*, 2014, 50(6): 42-54.
- [34] 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.