



湖北杉木人工林生物量及其可变密度预估模型研究

杜超群 袁慧 林虎 刘华 许业洲

Biomass and Variable Density Prediction Model of *Cunninghamia lanceolata* Plantation in Hubei Province

Du Chaoqun, Yuan Hui, Lin Hu, Liu Hua, Xu Yezhou

引用本文:

杜超群, 袁慧, 林虎, 刘华, 许业洲. 湖北杉木人工林生物量及其可变密度预估模型研究[J]. 西南林业大学学报, 2024, 44(3):138–147. doi: 10.11929/j.swfu.202308032

Du Chaoqun, Yuan Hui, Lin Hu, Liu Hua, Xu Yezhou. Biomass and Variable Density Prediction Model of *Cunninghamia lanceolata* Plantation in Hubei Province[J]. *Journal of Southwest Forestry University(Natural Science)*, 2024, 44(3):138–147. doi: 10.11929/j.swfu.202308032

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11929/j.swfu.202308032>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

桉树人工林单木地上生物量空间效应分析

Spatial Effect Analysis on Individual Aboveground Biomass of *Eucalyptus* Plantation

西南林业大学学报. 2022, 42(2): 120–129 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.202102012>

中国沙棘人工林适宜平茬高度的探讨

Discussion on Suitable Stumping Height of *Hippophae Rhamnoides* ssp. *sinensis* Plantation

西南林业大学学报. 2019, 39(5): 15–20 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201904040>

森林生物量模型研究综述

A Review on Forest Biomass Models

西南林业大学学报. 2020, 40(1): 1–10 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201907029>

广西巨尾桉人工林蓄积量估测及样地尺度效应研究

Stand Volume Estimation of *Eucalyptus grandis* × *E. urophylla* Plantation and Scale Effect in Guangxi Province

西南林业大学学报. 2023, 43(3): 120–126 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.202108033>

林分密度对马尾松人工林群落冠层结构及林下草本的影响

Effects of Stand Density on Canopy Structure and Understory Herbs of *Pinus massoniana* Plantation Community

西南林业大学学报. 2024, 44(2): 60–68 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.202303070>

龙竹人工林的含水率分析及地上生物量回归模型构建

Analysis of Moisture Content and Construction of Aboveground Biomass Regression Model for *Dendrocalamus giganteus* Plantation

西南林业大学学报. 2021, 41(6): 168–174 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.202011051>

DOI: 10.11929/j.swfu.202308032

引文格式: 杜超群, 袁慧, 林虎, 等. 湖北杉木人工林生物量及其可变密度预估模型研究 [J]. 西南林业大学学报 (自然科学), 2024, 44(3): 138–147.

湖北杉木人工林生物量及其可变密度预估模型研究

杜超群¹ 袁 慧¹ 林 虎² 刘 华³ 许业洲¹

(1. 湖北省林业科学研究院, 湖北 武汉 430079; 2. 湖北省太子山林场管理局, 湖北 京山 431822;
3. 湖北省林业局林木种苗管理总站, 湖北 武汉 430079)

摘要: 利用 6~59 年生杉木人工林 190 个标准地资料和 517 株样木生物量测定数据, 以建立的单木生物量估算方程为基础推算出各林分单位面积生物量, 并基于林龄、立地指数以及 7 种不同林分密度指标构建并选择最优的全林分生物量预估方程, 研究湖北杉木人工林林分生物量及其变化规律。结果表明: 该区域杉木人工林平均单株生物量为 52.8893 kg, 以胸径和树高为变量的二元单木生物量方程的拟合优度为 0.91, 其拟合优度和精度更高; 林分平均单位面积生物量为 101.4923 t/hm², 总体上呈随林龄增加而增大的趋势; 基于多元回归技术的经验方程构建了含 7 个林分密度指标和不含密度指标共计 16 种林分生物量预估模型, 包含林分立木株数和林木大小信息的林分密度指标的模型均达到了较理想的拟合效果, 其中密度指数 SDI 的 Schumacher 修正收获模型精度最高, 确定系数为 0.95, 检验精度为 97%, 对本区域杉木生物量估算具有较好的适用性, 能为其人工林经营和质量提升提供参考与支持。

关键词: 杉木; 人工林; 生物量; 林分密度; 林分模型

中图分类号: S722.83

文献标志码: A

文章编号: 2095-1914(2024)03-0138-10

Biomass and Variable Density Prediction Model of *Cunninghamia lanceolata* Plantation in Hubei Province

Du Chaoqun¹, Yuan Hui¹, Lin Hu², Liu Hua³, Xu Yezhou¹

(1. Hubei Academy of Forestry, Wuhan Hubei 430075, China; 2. Taizishan Forest Farm Administration Bureau, Jingshan Hubei 431822, China;
3. Forest seed and seedling management Station of Hubei Forestry Bureau, Wuhan Hubei 430075, China)

Abstract: In order to study the biomass and the change law of *Cunninghamia lanceolata* plantation in Hubei province, the data of 190 standard plots and the biomass of 517 samples of plantations aged from 6 to 59 years were used. The biomass per unit area of each stand was calculated based on the established biomass estimation equation of single tree and the optimal biomass estimation equation of whole stand was constructed and selected based on the age of stand, site index and 7 different stand density indexes. The results showed that the average biomass of *C. lanceolata* plantation was 52.8893 kg. The goodness of fit of two-unit biomass equations with DBH and tree height as variables were 0.91, respectively, and it had higher goodness of fit and accuracy. The average biomass per unit area of the stands was 101.4923 t/hm², which increased with the increase of the age of the stands. Based on the empirical equation of multiple regression technique, a total of 16 stand biomass prediction models with 7 stand density indexes and without density indexes were constructed. The model with the stand density in-

收稿日期: 2023-08-15; 修回日期: 2023-10-23

基金项目: 国家重点研发项目子课题 (2021YFD2201304) 资助; 湖北省林业科技支撑项目 ([2022]LYKJ03) 资助。

第 1 作者: 杜超群 (1981—), 女, 副研究员。研究方向: 林木遗传育种与森林培育。Email: smiledudu@126.com。

通信作者: 许业洲 (1966—), 男, 研究员。研究方向: 林木遗传育种与森林培育。Email: xyz0271@sina.com。

dex including the number of standing trees and the size of trees achieved a better fitting effect than others. The Schumacher modified harvest model of the density index SDI had the highest accuracy, with R^2 of 0.95, and the test accuracy of 97%. It had good applicability to estimating the biomass of Chinese fir in this region, and could provide reference and support for the management and quality improvement of its plantation.

Key words: *Cunninghamia lanceolata*; plantation; biomass; stand density index; stand model

森林生物量是森林植物群落在其生命过程中所生产干物质的积累量,是森林生态系统的最基本特征,既反映出森林资源质量、生产力水平及其开发利用价值,同时也反映出森林与其环境在物质循环和能量流动上的复杂关系,是研究森林生态系统结构和功能最根本的特征信息和关键因素。森林生物量的构成包括主要生物组分乔、灌、草、枯落物等,但以乔木层为主体,约占总生物量的90%以上^[1]。联合国粮农组织1994年将其规定为森林资源监测中的一项重要内容,因其受到林龄、密度、立地条件及经营措施等诸多因素的影响,森林生物量的计算方法和估算精度一直是林学和生态学研究的重点和热点,精准估测森林生物量是森林资源经营管理的决策依据和重要手段^[1-4]。

杉木(*Cunninghamia lanceolata*)是我国亚热带地区特有的速生针叶用材树种,是湖北省低山丘陵地区主要造林树种和重要针叶用材树种,目前全省栽培面积为25万 hm^2 ,占全省人工林总面积的40%左右^[5]。我国对杉木人工林生物量的研究较多,如曾伟生等^[6]、蔡兆炜等^[7]、曾伟等^[8]在单木水平上构建了杉木通用性生物量模型或相容性生物量模型,而Fang等^[9]、赵嘉诚等^[10]、曾伟生等^[11]构建了杉木林分水平生物量模型,包括生物量与蓄积量之间的换算模型、地下生物量和根茎比的林分模型、材积源生物量模型等,郭泽鑫等^[3]引入龄组哑变量构建了杉木人工林基于林分因子以及材积源2种杉木人工林生物量预测模型。这些研究主要集中在贵州、福建、江西、广东等杉木中心产区,而湖北属杉木北缘产区,对杉木人工林生物量的研究相对滞后,胡炎红等^[12]建立了鄂西杉木不同器官生物量预测模型,统计分析了林分中乔木层生物量及其组成关系,其中杉木乔木层占林分总生物量90.5%;艾训儒等^[13]以利川甘溪山林场杉木人工林为对象,建立了杉木生物量生长关系式,分析了各组分生物量的分配、动态变化以及不同立地类型上的差异,总体上乔木层生物量占比89%以上。这些研究偏重于

以林木生物量的拟合为基础探讨分析各组分的分配关系和动态变化规律,研究对象的分布区域较小,且未考虑林分密度这一关键和变化因子对林分生物量的影响,仅可用于已知林分生物量的估算而不适用于全省杉木人工林生物量的动态预估。

林分生长及生物量主要受到林龄、林分密度、立地条件以及经营措施的影响,其中林分密度是人工林经营最重要的可控因子之一。林分密度指标是评定单位面积林分内林木间拥挤程度的尺度,对于人工林而言,单位面积林木株数和平均林木大小是常用的林分密度指标。随着营林技术的发展,除包括株数密度、每公顷断面积等常用林分密度指标外,逐渐出现了考虑多个因子的林分密度指标,如Reineke林分密度指数(SDI)、Nilson密度指数(SD)、相对密度指数(RD)等^[14-15]。不同的林分密度指标都有一定的使用条件及其适用范围,并对所构建模型的精度与预估结果产生直接影响^[16-18]。为了预估不同林分密度条件下林分生长动态,有必要将林分密度指标引入林分模型,尤其是在建立可变密度全林分模型时,林分密度指标尤为重要。本研究通过该方程计算林分单位面积生物量,并构建以林龄、林分密度及立地指数3个主要影响因子为自变量的全林分生物量预估模型,探讨和比较7种不同林分密度指标和不含林分密度指标对预估模型拟合效果和精度的影响。并评价筛选出适合于该区域杉木人工林的最优全林分生物量预估模型,以对本区域不同立地条件、不同林龄和不同密度指标林分生物量的直接估算和动态预测,特别将林分密度作为可控因子引入模型,将为其主要经营措施调控及生产应用提供科学依据。

1 研究方法

1.1 数据来源

2016—2018年,在湖北省杉木主栽区分别选取不同林龄、不同立地、不同密度的杉木人工纯林设置标准地,标准地面积为 600m^2 ($20\text{m}\times 30\text{m}$)。标准地分布于岗地、丘陵、低山及亚高山,海拔

范围 12 ~ 1400 m，土壤类型主要为红壤、黄壤、黄棕壤等。标准地内每木测量胸径、树高、枝下高、冠幅等生长量指标，并记录地理位置、立地环境及造林年度、造林密度等信息。每块标准地选取 3 株平均木进行树干解析，实测树干各区分段鲜重，分别各区分段（包括梢底）截取圆盘称重后带回实验室，在 105 ℃ 恒温烘箱内烘干至恒质量后称其干物质质量，根据含水率计算各区分段干物质质量，累加即为该样木树干生物量。另外，于 2021 年 11 月在荆门市京山市虎爪山林场 9 ~ 36 a 不同生长期林分中设置标准地。每个林龄设置 3 块标准地，除开展每木调查和树干解析外，分别对样木进行树干、枝、叶、根的全组分生物量测定。样木生物量采用“分层切割法”，树干

按 2 m 区分法称取各区分段（包括梢头）鲜物质质量，将树冠分为上、中、下 3 层分别称取各层树枝和树叶的鲜物质质量，再分别各组分混合取样称取质量；将树根全部挖出后分为根桩（≥5 cm）、粗根（2 ~ 5 cm）、细根（≤2 cm）3 个等级并分别称取鲜物质质量，再对各等级取样称取质量，各取样鲜物质质量不低于 100 g，编号带回实验室在 105 ℃ 下烘干至恒定的质量，计算各样品干物质质量及各组分干生物量。共取得 190 块标准地调查资料和 517 株样木树干生物量数据（表 1、表 2）。根据标准地每木调查数据，计算树高排序靠前的前 10 个单株的平均树高作为该林分优势高，利用湖北省杉木人工林多形立地指数方程换算成其立地指数^[5]。

表 1 全省杉木人工林标准地及样木树干生物量统计

Table 1 Trunk biomass statistics of standard plots and sample trees of *C. lancedata* fir plantations

地区	样地数量	林龄/a	立地指数/m	平均胸径/cm	平均树高/m	株数/(株·hm ⁻²)	样木数量/株	单木树干生物量/kg
十堰	9	29.6	14	15.0	12.5	2 687	27	46.497
襄阳	15	25.0	16	15.2	13.7	2 143	45	43.794
宜昌	6	25.0	14	15.0	12.4	1 884	18	42.827
荆门	15	20.6	18	14.2	12.3	2 050	45	45.494
咸宁	83	17.4	16	13.0	10.6	3 198	228	30.636
黄石	21	11.6	20	11.0	10.3	3 592	60	19.271
恩施	41	31.7	12	17.4	13.0	1 350	94	46.795
总计	190	21.5	16	14.2	11.6	2 603	517	35.946
平均		11.3	16	4.4	2.7	1 662		27.442

表 2 虎爪山林场杉木人工林标准地及样木生物量统计

Table 2 Biomass statistics of *C. lancedata* plantation in Huzhuashan Forest Farm

年龄/a	样地数量	胸径/cm	树高/m	株数/(株·hm ⁻²)	样木数/株	枝生物量/kg	叶生物量/kg	根生物量/kg	树干生物量/kg	总生物量/kg
9	3	10.1	7.8	3 134	9	2.08	3.87	3.90	12.30	22.23
14	3	11.9	11.8	2 540	9	2.83	3.97	6.28	26.08	39.16
18	3	11.8	10.3	2 245	9	1.66	2.30	5.02	19.79	28.78
26	3	17.4	14.2	1 411	9	4.17	5.62	24.45	63.64	97.88
36	3	20.0	17.2	917	9	6.31	7.29	25.27	108.48	147.36

1.2 研究方法

1.2.1 单木生物量方程拟合

林木生物量包括树干、枝、叶、根等多个维量，它们之间存在相互制约、相互联系的协调生长关系，而树干生物量在各组分生物量中占比最大，其测定相对简单而精度较高，且与其他各分量的生物量存在显著相关性，因此一般利用树干

生物量来推算林木不同维量的生物量^[19]。按照林木生物测定中的平均标准法^[1]，选择典型的丘陵杉木人工栽培区荆门市京山虎爪山林场，分别在 9 ~ 36 a 共 5 个林龄级的每个林龄设置 3 块标准地，每个样地选择 3 株平均木，分别对 45 株样木进行树干、枝、叶、根的全组分生物量测定，以此为基础数据建立树干生物量与单木生物量的线

性关系如下：

$$W_t = a + bW_s \quad (1)$$

式中： W_t 、 W_s 分别为单木生物量和树干生物量， a 、 b 为参数。

林木生物量与胸径、树高等测树因子有着密切的内在关系，在林木生物量估算中，经常采用林木胸径、树高等测树因子建立林木生物量回归估计方程^[1,19]。利用式（1）将所有标准地的解析木树干生物量换算为单木生物量，并分别建立单木生物量的一元方程和二元方程，其形式分别为：

$$W_t = aD^b \quad (2)$$

$$W_t = aD^b H^c \quad (3)$$

式中： D 为胸径， H 为树高， a 、 b 、 c 为参数。

1.2.2 林分生物量计算

平均标准木法是林分生物量测定方法之一，即通过标准地调查以林分平均胸径为指标选择标准木，用标准木平均生物量求算单位面积上的林分生物量^[1]。以各标准地林分平均胸径、树高为基础数据，利用式（3）计算各标准地平均单木生物量，乘以其单位面积株数即为各林分单位面积生物量。

1.2.3 林分密度指标计算

选取适当的指标是林分密度研究的前提和建立可变密度生长与收获模型的关键，而林分密度指标一般考虑反映林木拥挤程度的林木株数、平均大小及其空间格局中的某个或几个因子，不同的密度指标各有其适用条件和范围^[1,17]。根据前人的研究，理想的密度指标既能反映林地利用程度和林木间的竞争水平并与林分生长量和收获量相关，还要具有容易测定、便于应用等特性，且与林分年龄、立地及其他特征无关^[17]。分别选用株数密度（ N ）、林分断面积（ G ）、SDI、RD、SD、相对植距（RS）、优势高-营养面积比（ Z ）7种林分密度指标构建林分生物量预估模型。

1）SDI：SDI是通过单位面积株数与林分平均胸径之间预先确定的最大密度线关系计算而得^[14]，是反映林分直径与单位面积株数的综合指标，不仅能表示单位面积株数的多少，也能反映林木的大小，且容易测算，是一种被认为适用性较广的密度指标^[1]。

$$\lg N = a + b \lg D_g \quad (4)$$

$$SDI = N(D_0/D)^b \quad (5)$$

式中： N 、 D_g 分别为完满立木度林分单位面积株数和平均胸径，SDI为林分密度指数， D_0 为标准

平均直径（取值20 cm）， D 为现实林分平均直径， a 、 b 为参数。

2）RD：Curtis^[20]提出利用林分断面积和平方平均胸径计算RD，该指标计算简单，方便实用^[16]。计算式如下：

$$RD = G/D_g^{(1/2)} \quad (6)$$

式中： G 为林分胸高断面积，其他同式（4）~（5）。

3）SD：根据林木之间平均距离和平均直径的定义推导林分密度SD指数，车少辉等^[21]研究认为SD能在一定程度上反映出林分初植密度的相关信息。计算式如下：

$$L = 100/N^{0.5} \quad (7)$$

$$D_g = e + fL \quad (8)$$

$$SD = N[(D_0 - e)/(D_g - e)]^2 \quad (9)$$

式中： L 为林木平均距离（m）；SD为密度指数； e 、 f 为参数；其他同式（4）~（5）。

4）RS：相对植距是指树木之间的平均距离与优势木平均高之比^[22]，与年龄或立地无关、无参数、简单且应用方便，是描述现实林分密度变化较好、应用较广泛的指标^[17]。

$$RS = 100/(N^{0.5}H_0) \quad (10)$$

式中：RS为相对植距； H_0 为优势木平均高（m）；其他与上式同。

5）Z：刘金福等^[23]提出用单位面积内株数和林分优势木平均高作为一个新的林分密度指标，张连金等^[17]研究认为Z是一个无参数指标，适用林龄比SDI大且更理想。公式如下：

$$Z = NH_0/10\,000 \quad (11)$$

式中： Z 为优势高-营养面积比；其余符号意义同式（10）。

1.2.4 全林分生物量模型

年龄、立地、林分密度是林分总体特征的基础性指标，是影响林分生长与收获量的3个主要因子，也是构建全林分生物量预估模型的关键因子。自20世纪30年代多名学者采用多元回归的方法建立第1个可变密度收获预估模型以来，类似的研究方法沿用至今，许多研究者采用多元回归技术预测林分生长与收获量^[1]。本研究以Schumacher蓄积收获曲线及其修正模型为基础模型，参照基于多元回归技术的经验方程，分别构建以林龄（ A ）、立地指数（SI）和各林分密度指标为自变量的全林分生物量模型^[1,24-25]。

$$\ln W = b_0 + b_1 A^{-1} + b_2 SI + b_3 \ln K \quad (12)$$

$$\ln W = b_0 + b_1 A^{-1} + b_2 SI + b_3 \ln(SI/A) + b_4 \ln(K/A) \quad (13)$$

式中: W 为林分生物量, A 为林龄, SI 为立地指数, K 为 7 种林分密度指标, 包括 N 、 G 、 SDI 、 RD 、 SD 、 RS 、 Z ; b_0 、 b_1 、 b_2 、 b_3 、 b_4 为参数。

1.2.5 模型评价与检验

通过确定系数 (R^2)、均方根误差 (RMSE) 和估计偏差 (BIAS), 以及相对均方根误差 (rRMSE) 和相对偏差 (rBIAS), 比较各模型的拟合效果, 其中确定系数 (R^2) 趋于 1.0、而其他指标趋于 0 的模型为最优模型。为了评价林分生物量模型的预估效果和精度, 将除恩施外的其他试验区 149 个标准地数据用于模型拟合, 而恩施的 41 个标准地数据用作模型检验, 检验精度 (P) 趋于 100% 为优, 一般超过 85% 即可达到应用要求。具体公式参照李斌成等^[5]、范春楠等^[26]模型检验方法。

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2} \quad (14)$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{n}} \quad (15)$$

$$BIAS = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)}{n} \quad (16)$$

$$P = 1 - \frac{t_\alpha \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}}{\hat{\bar{y}}_i \sqrt{n(n-T)}} \times 100\% \quad (17)$$

式中: y_i 为实际观测值, $\bar{y}$ 为样本平均值, $\hat{y}_i$ 为模型预估值, $\hat{\bar{y}}_i$ 为模型预估平均值; n 为样本数, t_α 为置信水平 α 时的 t 分布值, T 为模型中参数个数。

2 结果与分析

2.1 单木生物量及其预估模型

荆门市京山虎爪山林场 9~36 年生杉木平均单木生物量 65.93 kg, 其中树干、枝、叶、根平均生物量分别为 45.49、3.37、4.57、12.57 kg, 分别占总生物量的 66.2%、6.2%、9.2%、18.4%, 地上部分生物量约为地下生物量的 4.5 倍 (表 2、图 1)。除 18 a 林分异常外, 其他各林分平均单木生物量及各组分生物量均呈随林龄增大而增大趋势, 各组分生物量占比中树干生物量总体趋势是随林龄而增大, 枝、叶占比则为下降趋势, 而根的占比变化不明显 (图 2)。

单木生物量与树干生物量呈极显著线性关系 (图 3), 方程 (1) 的拟合精度较高 (表 2), 估计偏差接近于 0, 利用该方程将所有标准地各样木树干生物量换算成单木生物量可达到较高精度

要求。经换算后总体平均单木生物量为 52.8893 kg, 由于分布区域环境、林龄及林分生长状况存在较大差异, 单木生物量分布范围较大 (11.5023~266.7767 kg), 标准差为 37.47 kg, 变异系数为 70.9%, 与实测树干生物量变异系数 (73.6%) 高度一致, 进一步表明经换算后的单木生物量能客观反映林木生长现实状态。

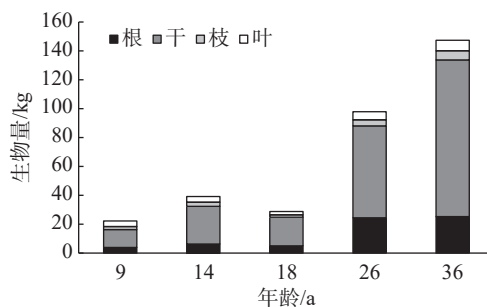


图 1 单木各组分生物量随林龄的变化趋势

Fig. 1 Variation trend of biomass of each component of single tree with age

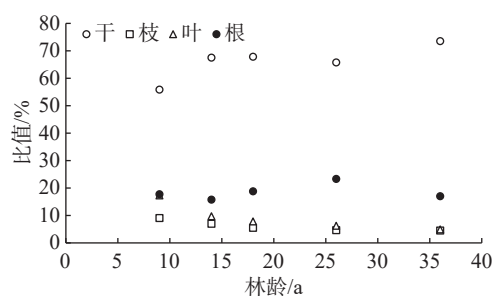


图 2 各组分生物量占单木生物量比重随林龄的变化趋势

Fig. 2 Variation trend of biomass of each component to biomass of single tree with age

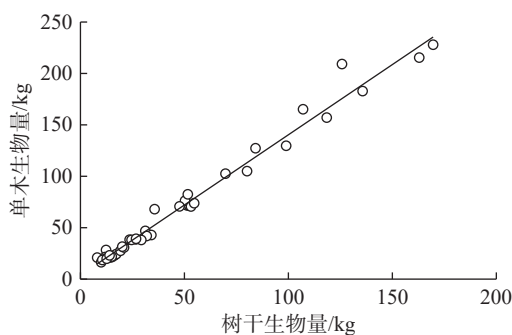


图 3 树干生物量与单木生物量的线性关系

Fig. 3 Linear relationship between trunk biomass and single tree biomass

以主要测树因子胸径和树高为变量, 分别按一元和二元方程拟合单木生物量, 结果见表 3。一元和二元方程的拟合优度分别为 0.87 和 0.91, 相比较而言二元方程拟合优度更高, 且各统计参数绝对值更小, 说明二元方程能更好地拟合单木生物量。

表 3 单木生物量方程拟合参数与统计指标

Table 3 Fitting parameters and statistical indexes of single tree trunk biomass equation

方程	方程式	样本数	参数			确定系数	估计偏差	均方根误差	相对偏差	相对均方根误差
			<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>					
1	$W_t=a+bW_s$	45	3.804	1.366		0.983	-0.000	7.544	-0.000	11.444
2	$W_t=aD^b$	517	0.106	2.334		0.871	-0.270	12.058	-0.518	23.089
3	$W_t=aD^bH^c$	517	0.044	1.651	1.076	0.913	0.026	9.809	0.051	18.784

2.2 林分生物量及其基本特性

本研究区域 6~59 年生杉木人工林林分平均单位面积生物量为 101.5227 t/hm²，变异系数为 38.8%。按 50 t/hm² 分级，总体呈左偏正态分布（图 4），其中 (50 t/hm², 100 t/hm²] 和 (100 t/hm², 150 t/hm²] 的样地分别占样地总数的 48.9% 和 35.8%，200 t/hm² 以上的仅有 2.1%。不同林龄阶段林分平均单位面积生物量总体呈随林龄增大而增大的趋势（图 5），其中幼龄林生物量略高于中龄林（高 4.8%），这与鄂东南杉木产区大多以高密度（大多在 4500 株/hm² 以上）、短周期（9~10 a 主伐）的经营模式有直接关系，其单位面积株数的增大明显提高了林分单位面积生物量。

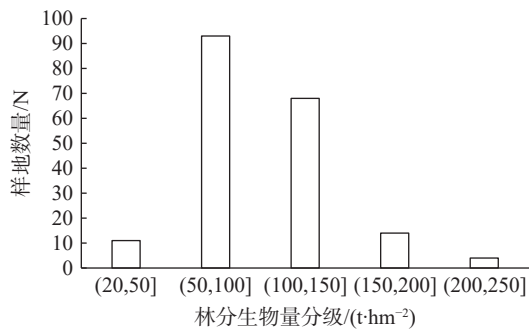


图 4 不同生物量分级的林分数量分布

Fig. 4 Quantitative distribution of stands with different biomass classes

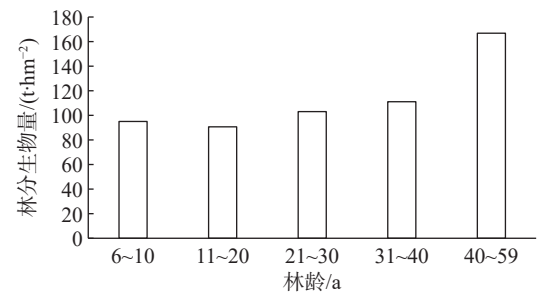


图 5 不同林龄阶段林分生物量比较

Fig. 5 Comparison of stand biomass at different age stages

2.3 林分密度参数估算

分别在 8~24 cm 径级中选取立木株数较大的标准地，密度范围 1017~7054 株/hm²，采取多次拟合剔除不足立木度的标准地的方法，得到最大密度线方程（方程 4），拟合的决定系数为 0.9893，*P*=0。由表 4 可知，*a*、*b* 均在 95% 置信区间内，经 *t* 检验均达到极显著水平，将 *b*=-1.8317 代入方程（5），即可计算出各标准地 SDI。以相同的标准地数据按方程（7）换算后对方程（8）进行拟合，决定系数 *R*²=0.9904，*P*=0，参数 *e*、*f* 均在 95% 置信区间内，经 *t* 检验达到显著（*P*<0.05）或极显著（*P*<0.01）水平，将 *e*=-1.6663 代入方程（9），即可计算出各标准地 SD。

表 4 林分密度函数参数值估算

Table 4 Estimation of parameter values of stand density function

方程	方程式	参数	估计值	标准误差	95%下限	95%上限	<i>P</i> 值	决定系数
4	$\log N=a+b\log D_g$	<i>a</i>	5.5585	0.1118	5.3186	5.7984	0	0.9893
		<i>b</i>	-1.8317	0.0950	-2.0355	-1.6278	0	
8	$D_g=e+fL$	<i>e</i>	-1.6663	0.5787	-2.9557	-0.3768	0.0164	0.9904
		<i>f</i>	8.1927	0.2555	7.6235	8.7619	0	

2.4 林分生物量预估模型的拟合

将除恩施外的 149 个标准地数据分别利用全林分生物量预估模型（12）、（13）进行拟合。从表 5 可以看出，模型的确定系数范围分别为 0.3586~0.9387 和 0.4425~0.9447，方程（13）比方程（12）平均提高 9.3%，对于确定系数较低的模型，两个

方程的差异达到 25% 左右；对于确定系数 0.9 以上的模型，两者的差异仅在 0.5% 左右。2 个方程相对均方根误差和相对偏差分别在 30% 和 5% 以内，方程（13）分别比方程（12）约降低 5% 和 35%。整体来看，2 个方程对于含相同林分密度指标（包括无林分密度变量）的拟合结果差异较

小，方程（13）略优于方程（12）。

比较 7 种含密度指标及 1 种不含密度指标的模型的拟合结果发现，利用确定系数排序，由高到低依次为含 SDI 的模型、含 *G* 的模型、含 SD 的模型、含 RD 的模型、含 RS 的模型、含 *Z* 的模型、含 *N* 的模型以及不含密度指标的模型。同时，含 SDI 的模型均方根误差和相对偏差在所有模型中均为最低，因此可以认为，该模型是预估全林分生物量的最佳模型。而不含密度指

标的模型均方根误差和相对偏差在所有模型中为最高，是表现最差的林分生物量模型。

综合来看，以包含林分立木株数和林木大小信息的林分密度指标（包括 *G*、SDI、SD、RD）为自变量的模型，确定系数均在 0.8 以上，相对均方根误差和相对偏差分别在 15% 和 1% 左右，均达到了较理想的拟合效果，因此，选择这 4 种密度指标构建可变密度预估模型，以实现对不同林分生物量的精确估算。

表 5 预估模型拟合参数估计与评价

Table 5 Estimation and evaluation of predictive model fitting parameters

模型 编号	密度指标	参数					确定系数	均方根误差	相对均方根误差	估计偏差	相对偏差
		b_0	b_1	b_2	b_3	b_4					
12	<i>N</i>	0.903	-14.835	0.083	0.422		0.538	25.364	25.380	2.914	2.916
	<i>G</i>	0.408	-5.928	0.035	1.134		0.921	10.714	10.720	0.565	0.566
	SDI	-3.389	-8.014	0.042	1.119		0.938	9.926	9.932	0.436	0.437
	RD	2.209	-10.356	0.048	1.026		0.849	15.244	15.253	1.004	1.005
	SD	-3.370	-8.079	0.041	1.107		0.904	11.999	12.006	0.669	0.669
	RS	2.429	-5.307	0.022	-1.100		0.653	21.652	21.665	2.196	2.198
	<i>Z</i>	3.773	-10.769	0.055	0.504		0.600	23.531	23.545	2.529	2.530
	不含密度指标	3.643	-9.353	0.093			0.359	29.526	29.543	3.976	3.979
13	<i>N</i>	-1.120	-3.155	0.205	-1.508	0.490	0.678	21.695	21.708	1.809	1.810
	<i>G</i>	2.160	-5.383	0.119	-1.171	1.080	0.918	11.239	11.246	0.499	0.499
	SDI	-1.817	-5.292	0.139	-1.310	1.053	0.945	9.871	9.877	0.265	0.265
	RD	2.899	-5.306	0.154	-1.396	0.966	0.877	13.629	13.638	0.680	0.680
	SD	-1.736	-5.854	0.134	-1.262	1.045	0.909	11.821	11.828	0.522	0.522
	RS	-0.994	4.457	0.027	0.236	-1.009	0.695	19.935	19.947	1.793	1.794
	<i>Z</i>	2.789	-1.253	0.157	-1.282	0.506	0.688	21.892	21.905	-5.265	-5.268
	不含密度指标	1.721	0.835	0.164	-0.813		0.443	27.930	27.947	3.296	3.298

2.5 模型检验与选择

利用恩施州 41 个标准地数据分别对拟合效果较好的含 4 种密度指标的共 8 个预估模型进行检验（结果见表 6）。各模型预估精度均在 94% 以上，按顺序排列为含 SDI 的模型>含 *G* 的模型>含 SD 的模型>含 RD 的模型，而对于同一个林分密度指标，方程（13）预估精度均高于方程（12）。

从残差分布看（图 6），各模型总体相对残差均分布在 0 上下，除相对密度 RD 模型外，其他模型的残差分布较均匀，分布规律比较相似。林分生物量低于 200 t/hm² 时的相对残差更均匀地分布在 0 附近，而林分生物量在 200 t/hm² 以上时趋向于高估，但这部分林分所占比例较小，对整体预估精度影响不大。

表 6 模型检验效果评价

Table 6 Evaluation of model test effect

模型 编号	密度指标	均方根误差	相对均方根误差	估计偏差	相对偏差	<i>P</i> /%
12	<i>G</i>	11.972	11.342	4.470	4.235	96.1
	SDI	10.192	9.656	4.096	3.881	96.7
	RD	20.697	19.609	10.520	9.967	92.8
	SD	13.237	12.541	6.721	6.368	95.6
13	<i>G</i>	11.308	10.713	1.943	1.840	96.3
	SDI	9.309	8.820	-0.142	-0.135	97.0
	RD	17.318	16.407	4.261	4.037	94.2
	SD	11.719	11.103	2.859	2.708	96.2

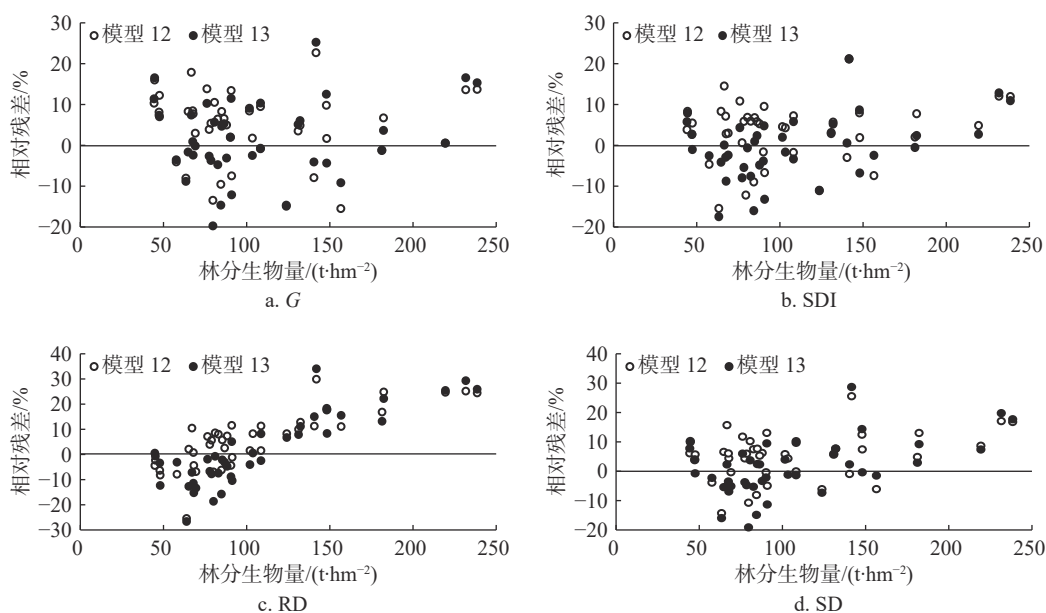


图6 模型相对残差分布

Fig. 6 Relative residual distribution of models

将各模型预估值与观测值进行线性拟合 (图7), 其散点均在预估线上下均匀分布, 相关系数均在 0.95 以上, 其中 SDI 和 G 模型的拟合的直线斜率均在 0.9 以上, 预估值与实测值的偏差较小, 估计精度较高。进一步比较含 SDI 和 G 的模型, 从模型检验的均方根误差、估计偏

差、相对均方根误差和相对偏差这 4 个指标来看, 前者均优于后者。综上所述, 以 SDI 为密度指标、以方程 (13) 为基础模型的拟合效果和检验结果优于其他模型, 适用于本区域林分生物量的预估并能达到较高精度。

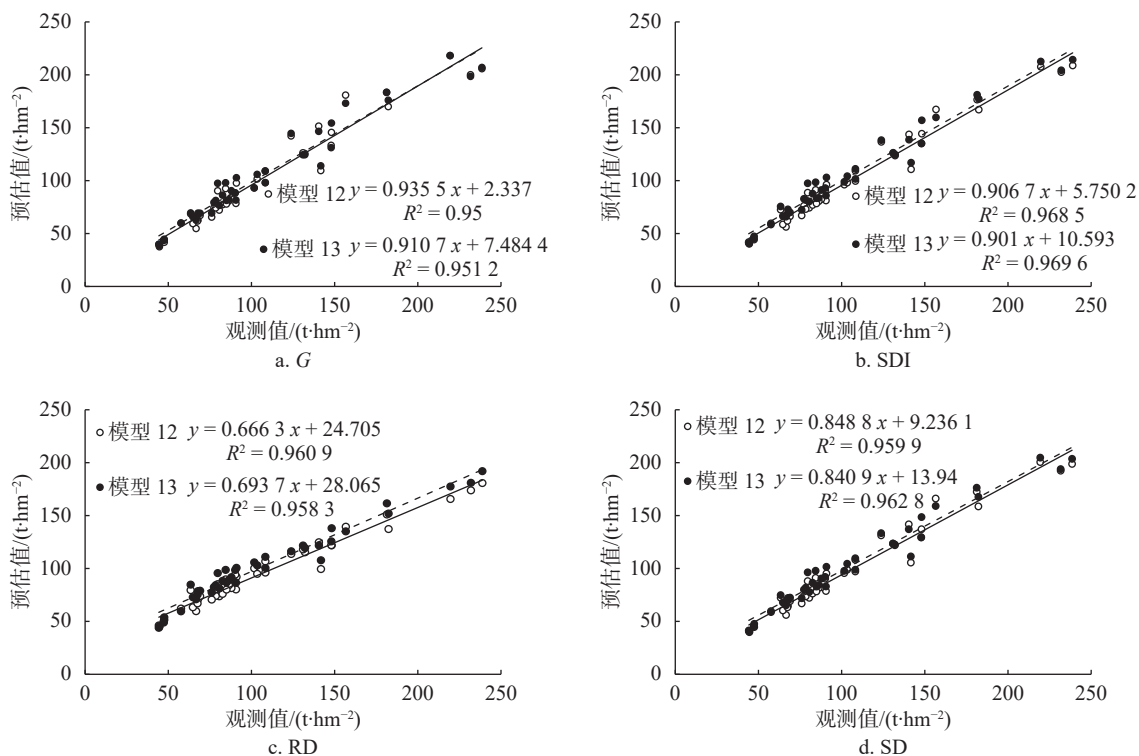


图7 模型预估值与观测值的线性拟合

Fig. 7 Linear fitting of model prediction and observation

3 结论与讨论

林木生物量测定较为复杂困难,特别是测定包括干、枝、叶、根等全组分生物量的工作量大且费时费力。在全组分生物量中,树干生物量占单木生物量分配比最大,且其测定相对简单并具有较高精度,可利用树干生物量及其分配比在单木生物量和各组分生物量之间进行转换^[17]。单木生物量与胸径、树高等测树因子存在密切相关关系,这为利用测树因子直接估算单木生物量提供了依据。本研究结果表明9~36年生杉木树干生物量占单木生物量平均分配比为66.2%,呈随林龄增大而增大的趋势,与翁建宇^[27]、宋良友等^[28]研究结论一致。将全省不同区域517株样木的树干生物量换算为单木生物量,并建立以胸径或树高为变量的一元和二元单木生物量方程,其拟合优度分别为0.87和0.91,后者的拟合优度和精度更高,对研究区域杉木单木生物量的估测具有较好的适用性。本研究区域6~59年生杉木人工林平均单木生物量为52.8893 kg,林分平均单位面积生物量为101.4923 t/hm²,这些研究数据明显低于湖南省绥宁县堡子岭林场幼龄林到成熟林4个林龄段的杉木单木及林分生物量^[28],略低于福建省三明市5~49年生杉木人工林平均生物量^[27],客观反映出不同分布区杉木人工林生物量的差异,也符合北缘分布区杉木人工林生产力偏低的实际,但不同区域杉木生物量随林龄增大而增大的变化趋势是一致的。

全林分模型通常将林分生长量或收获量作为林龄、立地指数、林分密度等的函数来预估整个林分的生长和收获量。以林分密度为主要自变量反映平均单株木或林分总体生长量和收获量动态的模型称为可变密度的全林分模型^[1,29]。本研究利用湖北杉木主要分布区190个临时标准地调查资料,基于多元回归技术的经验模型,利用以Schumacher模型为基础的收获方程及对其进行修正后的收获方程,构建了本区域以林龄、立地指数和林分密度指标为自变量的杉木人工林生物量可变密度全林分模型。16个模型综合比较结果表明,修正模型(13)的拟合效果优于基础模型(12),两者确定系数范围分别为0.4425~0.9447和0.3586~0.9387,前者比后者提高9.3%,拟合精度越低的模型间的差异越大(20%以上),而拟合精度较高仅相差0.5%左右。该结果类似于湿地松(*Pinus elliottii*)、白松(*Pinus armandii*)人工

林营建的收获方程^[1],修正模型(13)包含有立地指数与林龄比值和密度指标与林龄比值2个变量,能反映出林分生物量达到最大时的林龄与立地、密度的相关,更符合林分生物量的变化规律,对于不同的林分密度指标具有更好的适应性,可选用为本区域杉木人工林生物量的预估模型。

不同的密度指标是在一定条件下提出来的,考虑到的林分因子有所不同,各有其适用条件和适用范围^[1,17]。本研究中无论是基础模型(12)还是修正模型(13),含林分密度指标模型的拟合优度均明显高于无密度指标模型(提高约50%~160%),其中拟合效果较好的4个模型依次为SDI模型最优,其次为G和SD模型,再次为RD,前三者的检验精度均超过95%。这几个林分密度指标均是既考虑林木株数又考虑了林木平均大小的综合性密度指标,其中SDI被认为是适用性较广且宜作为人工林的密度指标^[1]。N只考虑林分中个体的多少而未考虑其大小与空间结构,其模型拟合效果较差,RS和Z的拟合效果一般,没有达到相关研究的优度^[16,22],可能与数据来源于临时标准地而非固定标准地有关。姜丽等^[16]研究杉木单木直径年生长模型认为,决定系数最高的是以SDI为密度指标的模型,其次为以G和SD为密度指标的模型,本研究结果与其高度一致。另外,吴宏伟等^[30]选取SDI构建了较好精确度的湿地松生长模型,Zhang等^[31]引入SDI有效提高了林分生长模型的精度,姜丽等^[32]在构建杉木蓄积量模型中的研究结果也表明含SDI的模型是最佳模型。

由于采用可变密度收获预测模型来预测林分生长与收获的方法获得数据容易,预测林分收获量简单、方便、快捷,目前仍被许多国家及学者所采用^[29]。可变林分密度的收获预估模型主要用于现实收获量的直接预测,所建模型使用的数据一般取自临时相样地资料^[1]。本研究利用全省190个临时样地调查数据构建了湖北杉木可变密度全林分生物量预估模型,以林龄、立地指数、SDI为变量的全林分模型均达到了较好的拟合效果和较高的检验精度,可以推导出多种常用的林业数表和经营模型,本研究侧重于对于现实林分生物量的预测,将不同立地条件、不同林龄林分的立木株数N换算成SDI,即可估算该林分的现实生物量,还可预估后期不同林龄以及通过间伐调控密度后的生物量变化及其收获量,由此制作林分生物量收获表和经营数表等,为其人工林经营和质量提升提供参考与支持。

湖北属杉木北缘产区, 不同区域生长适应程度并不一致, 其林分生物量也存在较大差异, 相同模型在不同区域尺度的预测精度会产生较大的差异, 若忽略区域差异必然会导致模型估计结果的不准确^[2]。所以本研究模型对本区域杉木生物量估算具有较高的精度和较好的适用性, 对其他区域的适用性还有待探讨和验证。另外, 本研究的临时标准地均设置在林相结构完整、林木分布较均匀的同龄人工林中, 且绝大多数为中幼龄林, 成、过熟林占比较小, 更缺乏经改造后的异龄林、混交林等样地调查数据, 可能导致所建成模型的代表性不足及其在适用对象上的一定限制。

【参 考 文 献】

- [1] 孟宪宇. 测树学 [M]. 北京: 中国林业出版社, 2006.
- [2] 刘彦枫, 李紫荆, 吴勇, 等. 西双版纳栎林和思茅松林地上生物量遥感估测 [J]. 西部林业科学, 2023, 52(1): 147–155.
- [3] 郭泽鑫, 曹聪, 刘萍. 基于连清数据的广东杉木人工林生物量模型构建 [J]. 中南林业科技大学学报, 2022, 42(8): 78–89.
- [4] 李会朋, 胥辉, 张超, 等. 大理州云南松天然林生物量时空动态变化研究 [J]. 西南林业大学学报 (自然科学), 2023, 43(5): 118–126.
- [5] 李斌成, 杜超群, 袁慧, 等. 基于理论模型及其差分方程的湖北省杉木立地指数表研制 [J]. 中南林业科技大学学报, 2019, 39(7): 56–64.
- [6] 曾伟生, 夏忠胜, 朱松, 等. 贵州人工杉木相容性立木材积和地上生物量方程的建立 [J]. 北京林业大学学报, 2011, 33(4): 1–6.
- [7] 蔡兆炜, 孙玉军, 施鹏程. 基于非线性度量误差的杉木相容性生物量模型 [J]. 东北林业大学学报, 2014, 42(9): 28–32.
- [8] 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.
- [9] Fang J Y, Chen A P, Peng C H, et al. Changes in forest biomass carbon storage in China between 1949 and 1998 [J]. *Science*, 2001, 292(5525): 2320–2322.
- [10] 赵嘉诚, 李海奎. 杉木单木和林分水平地下生物量模型的构建 [J]. 林业科学, 2018, 54(2): 81–89.
- [11] 曾伟生. 我国3种针叶林的材积源生物量模型研建 [J]. 林业科学研究, 2021, 34(4): 49–57.
- [12] 胡炎红, 庞启亮. 鄂西地区杉木林生物量模拟及其分配格局 [J]. 湖北林业科技, 2012, 41(3): 6–9.
- [13] 艾训儒, 周光龙. 中亚热北缘杉木人工林生态系统生物量的研究 [J]. 湖北林业科技, 1996, 25(2): 17–20.
- [14] Reineke L H. Perfecting a stand-density index for even-aged forests [J]. *Journal of Agricultural Research*, 1933, 46(7): 627–638.
- [15] Maurizio M. Nonlinear versus linearised model on stand density model fitting and stand density index calculation: analysis of coefficients estimation via simulation [J]. *Journal of Forestry Research*, 2019, 30(5): 1595–1602.
- [16] 姜丽, 张雄清, 段爱国, 等. 不同林分密度指标在杉木单木直径年生长模型的应用 [J]. 林业科学研究, 2022, 35(4): 123–129.
- [17] 张连金, 惠刚盈, 孙长忠. 不同林分密度指标的比较研究 [J]. 福建林学院学报, 2011, 31(3): 257–261.
- [18] 黄贤松, 吴承祯, 洪伟, 等. 2种杉木人工林密度与立木生物量的研究 [J]. 福建林学院学报, 2011, 31(2): 102–105.
- [19] 欧强新, 李海奎, 杨英. 福建地区马尾松生物量转换和扩展因子的影响因素 [J]. 生态学报, 2017, 37(17): 5756–5764.
- [20] Curtis Robert O. A simple index of stand density for douglas-fir [J]. *Forest Science*, 1982, 28(1): 92–94.
- [21] 车少辉, 张建国, 段爱国, 等. 杉木人工林胸径生长神经网络建模研究 [J]. 西北农林科技大学学报 (自然科学版), 2012, 40(3): 84–92.
- [22] 孟宪宇, 张弘. 闽北杉木人工林单木模型 [J]. 北京林业大学学报, 1996, 18(2): 1–8.
- [23] 刘金福, 王笃治. 福建杉木人工林可变密度收获表编制方法的研究 [J]. 林业勘察设计, 1995(2): 1–5.
- [24] 马友平, 马家龙, 黄咏梅. 日本落叶松人工林生长预测的全林分模型研究 [J]. 河北林果研究, 2002, 17(4): 303–306.
- [25] 江希钿, 温素平, 余希. 杉木人工林可变密度的全林分模型及其应用研究 [J]. 福建林业科技, 2000, 27(2): 22–25.
- [26] 范春楠, 庞圣江, 郑金萍, 等. 长白山林区14种幼树生物量估测模型 [J]. 北京林业大学学报, 2013, 35(2): 1–9.
- [27] 翁建宇. 林龄和立地条件对杉木林乔木层生物量分配的影响 [J]. 福建林业科技, 2022, 49(1): 30–39.
- [28] 宋良友, 何功秀. 不同林龄阶段杉木人工林生物量和碳储量的分布特征 [J]. 湖南林业科技, 2021, 48(1): 71–75, 94.
- [29] 马丰丰, 贾黎明. 林分生长和收获模型研究进展 [J]. 世界林业研究, 2008, 21(3): 21–27.
- [30] 吴宏伟, 田意, 黄光灿, 等. 基于非线性度量误差的湿地松生长模型 [J]. 林业资源管理, 2019(6): 69–74.
- [31] Zhang X Q, Cao Q V, Lu L L, et al. Use of modified reineke's stand density index in predicting growth and survival of Chinese fir plantations [J]. *Forest Science*, 2019, 65(6): 776–783.
- [32] 姜丽, 张雄清, 段爱国, 等. 不同林分密度指标在杉木林分蓄积量模型的应用研究 [J]. 林业科学研究, 2022, 35(5): 97–102.

(责任编辑 冯 雪)

