

## 吉林金沟岭林场不同密度天然云冷杉林林下 主要灌木生物量模型

季 蕾<sup>1</sup>, 亢新刚<sup>1</sup>, 张 青<sup>2</sup>, 郭韦韦<sup>1</sup>, 周梦丽<sup>1</sup>

(1. 北京林业大学 林学院, 北京 100083; 2. 北京林业大学 理学院, 北京 100083)

**摘要:** 为了研究吉林省汪清县金沟岭林场林下灌木的生物量, 以该林场 3 种不同郁闭度(0.6, 0.8, 1.0)的天然红皮云杉 *Picea koraiensis*, 鱼鳞云杉 *Picea jezoensis* 和冷杉 *Abies nephrolepis* 林为研究对象, 以灌木生物量实测数据为基础, 用 R 软件拟合了灌木层出现频率较高的 13 个物种单一物种生物量最优模型和各物种不同器官的最优模型, 挑选判定系数  $R^2$  和方差分析  $F$  值较大, 剩余标准差  $E_{\text{SEE}}$  和平均相对误差  $E$  值较小的作为生物量最优模型, 以及探索了不同主林层密度下各物种生物量的差异与分配。结果表明: 各物种不同器官最优模型除了青楷槭 *Acer tegmentosum* 叶和根, 花楷槭 *Acer ukurunduense* 干为幂函数外, 其他多为一元二次方程或二元一次方程; 单一物种混合模型多为一元二次方程或二元一次方程。枝、干最优模型的自变量多为  $D^2H$  ( $D$  为地径,  $H$  为株高) 和  $CH$  ( $C$  为冠幅,  $H$  为株高); 根系多采用因子  $D^2H$ 。林下灌木生物量 ( $W$ ) 随着林分密度的减小, 出现先减小后增大的趋势, 即  $W(0.6) > W(1.0) > W(0.8)$ 。图 2 表 4 参 27

**关键词:** 森林生态学; 灌木; 生物量模型; 云杉林; 冷杉林; 混交林

**中图分类号:** S718.5      **文献标志码:** A      **文章编号:** 2095-0756(2016)03-0394-09

## Shrub models in a spruce-fir forest of different densities in Jingouling Plantation, Jilin Province

JI Lei<sup>1</sup>, KANG Xingang<sup>1</sup>, ZHANG Qing<sup>2</sup>, GUO Weiwei<sup>1</sup>, ZHOU Mengli<sup>1</sup>

(1. College of Forestry, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China; 2. School of Science, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

**Abstract:** In order to study the shrub biomass in the forest in Jingouling Plantation and there wasn't a comprehensive shrub models study in this area. Three different forest densities (0.6, 0.8, 1.0) of a natural spruce-fir *Picea koraiensis*-*Picea jezoensis*-*Abies nephrolepis* forest in Jingouling Plantation, Jilin Province were used for this research. Based on measured data for shrub biomass under the forest canopy, 13 mixed biomass models for 13 different species and biomass models of the different shrubs' organs were respectively constructed by R software. Then the optimal model was selected using the largest  $R^2$  and  $F$  and the smallest  $E_{\text{SEE}}$  and  $E$ . Also differences in shrub biomass for forests of different densities and for different species distribution with the same forest density were studied. Shrub quadrat 5 m × 5 m were setted in the center and four corner at each sample plot (20 m × 20 m), then measured the diameter  $D$ , crown width  $C_1$ ,  $C_2$ , and height  $H$ . According to the results of the shrub species, 13 species, were selected from the sample plots. Results showed that the optimal biomass model ( $R^2=0.626\ 2-0.997\ 9$ ) for different organs in each species as well as for leaves and roots of *Acer tegmentosum*, and the trunk of *Acer ukurunduense* was a power function; whereas the optimal model of the oth-

收稿日期: 2015-06-01; 修回日期: 2015-11-02

基金项目: 国家林业局引进国际先进农业科学技术计划("948"计划)项目(2013-4-66); "十二五"国家科技支撑计划项目(2012BAD22B02-3)

作者简介: 季蕾, 从事森林可持续经营理论与技术研究。E-mail: 645908709@qq.com。通信作者: 亢新刚, 教授, 从事森林可持续经营理论与技术研究。E-mail: xingang@163.com

er species was a quadratic equation or binary linear equation. The independent variable of the model for stem and branch biomass was  $A_c$  ( $A_c = \pi C_1 C_2 / 4$ ) with the other species being  $D^2H$  and  $CH$  (crown width multiply height). The independent variables in the optimal model of leaf biomass for species *Spiraea pubescens*, *Acanthopanax senticosus* and *A. tegmentosum* used factors of  $A_c$  and  $CH$ , but other species used variables  $D$  and  $D^2H$ . The optimal model for root biomass was  $D^2H$ . The accuracy of the models are relatively high, and they meets the requirements of biomass model estimation, which provides the basis for the measurement of shrub biomass in this region. The research is only suitable for this area and the shrubs' ground diameter must in a certain range, for other areas to be further studied [Ch, 2 fig. 4 tab. 27 ref.]

**Key words:** forest ecology; shrub; biomass models; *Picea* forest; *Abies* forest; mixed forest

灌木层是森林生态系统的重要组成部分，它参与森林生态系统物质循环和能量转化<sup>[1]</sup>。林下微环境是不断变化的，它对森林生态系统的稳定发展、演替进程及物种多样性起着重要作用<sup>[2]</sup>。中国灌木林面积约为  $2.97 \times 10^7 \text{ hm}^{2[3]}$ ，与乔木层相比，林下植被生物量仅占总森林生物量的 10%~30%，处于次要地位<sup>[4]</sup>。虽然灌木生物量占整个森林生物量比例较小，但由于灌木层在维持森林群落稳定性、物种多样性及水土保持效益上的重要作用，其生物量的估算与研究对森林生态群落物质的循环与固定、积聚与消耗以及能量转换具有相当重要的意义<sup>[5-9]</sup>。探讨森林群落生物量的方法主要有样地全收获、直接收获和拟合植物生物量与其形态参数的生物量模型来推算<sup>[10]</sup>。直接收获法浪费人力物力，且对林下微环境也存在很大的不确定性，样株数又很难符合统计学大样本的要求<sup>[11]</sup>。通过拟合生物量最优模型的方法来估算林下灌木的生物量不仅能够降低对林下植被的破坏，而且还可长期追踪样地林下灌木生物量的变化<sup>[12-13]</sup>。特别是大范围森林生物量调查，利用生物量模型能大大减少调查工作量<sup>[14-15]</sup>。且拟合适用于大范围的通用性立木生物量模型，是开展全国森林碳储量监测必不可少的基础工作<sup>[16]</sup>。目前，生物量模型主要分为线性、非线性以及多项式<sup>[17]</sup>。国内外学者对吉林省金沟岭林区林下植被生物量研究集中在地上地下生物量的研究中<sup>[18-19]</sup>，很少考虑物种间和各物种不同器官生物量最优模型的差异及建立单一物种混合最优模型，样本量及物种个数范围较小<sup>[13, 20-21]</sup>。本研究利用野外调查的大量实测数据，涵盖了该区出现频率较高的所有灌木，且运用灵活性更高的 R 软件<sup>[22]</sup>拟合该区出现频率较高的 13 个物种生物量模型，并估算了不同密度冷杉 *Abies nephrolepis*，鱼鳞云杉 *Picea jezoensis* 和红皮云杉 *Picea koraiensis* 林(以下称云冷杉林)灌木层的生物量，为研究金沟岭不同林型不同密度林分与灌木层生物量的关系提供基础依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 研究区概况

研究区位于吉林省汪清县金沟岭林场(130°10'E, 43°22'N)，经营森林面积为 16 286  $\text{hm}^2$ 。该区属低山丘陵地貌，海拔为 300~1 200 m，坡度 5°~25°。全年平均气温约为 3.9 °C，7 月气温最高，在 22.0 °C 左右；年降水量为 600~700 mm，多集中于 7 月。研究区主要的乔木有冷杉，鱼鳞云杉，红皮云杉，红松 *Pinus koraiensis*，白桦 *Betula platyphylla*，枫桦 *Betula costata* 等。主要林下灌木有毛榛 *Corylus mandshurica*，暴马丁香 *Syringa amurensis*，忍冬 *Lonicera japonica*，溲疏 *Deutzia scabra* 等。主要地被植物为少数灌木和禾本科 Poaceae 草类，如珍珠梅 *Sorbaria sorbilla*，柳叶绣线菊 *Spiraea salicifolia* 等。

### 1.2 数据的收集

以云冷杉林为研究对象，设置 3 种郁闭度(0.6, 0.8, 1.0) 20 m × 20 m 的样地，灌木样方 5 m × 5 m 设置在每个样地的中心及 4 个拐角，测量每株灌木的地径( $D$ , mm)或胸径、冠幅( $C$ , m)和株高( $H$ , m)。根据灌木调查结果，在样地附近选择分布较广的 13 个物种，取 15 株·种<sup>-1</sup>左右。样株要能代表研究灌木的地径范围，取样之前测地径  $D$ ，株高  $H$ ，冠幅  $C_1$  和  $C_2$ ，再将整株全挖出，地上分为树干、树枝、树叶分别称出鲜质量，将根系土全部清除后再称量，将称量的各器官装入信封带回实验室，在 85 °C 烘箱内烘干得到各器官干质量和含水率。取样灌木的基本参数见表 1。

### 1.3 数据分析

本次生物量模型的建立，选用了单因子地径  $D$  和复合因子冠幅乘株高  $CH$ ，植冠面积  $A_c$  ( $A_c = \pi C_1 C_2 /$

表1 样株灌木的基本参数

Table 1 General parameters of sampling shrubs

物种	样本数/个	地径/mm		株高/m		冠幅/m		灌木类型
		平均值	标准差	平均值	标准差	平均值	标准差	
土庄绣线菊 <i>Spiraea pubescens</i>	14	4.786	2.292	1.003	0.542	0.384	0.206	典型灌木
刺五加 <i>Acanthopanax senticosus</i>	12	12.131	2.113	1.482	0.387	0.597	0.204	典型灌木
溲疏 <i>Deutzia scabra</i>	18	6.941	2.894	0.932	0.312	0.432	0.256	典型灌木
野蔷薇 <i>Rosa multiflora</i>	8	5.601	1.557	0.721	0.231	0.379	0.157	典型灌木
山梅花 <i>Philadelphus incanus</i>	11	11.305	2.757	1.830	0.511	0.865	0.318	乔木型灌木
茶藨子 <i>Ribes mandshuricum</i>	10	5.518	1.612	1.154	0.518	0.551	0.333	典型灌木
珍珠梅 <i>Sorbaria sorbifolia</i>	14	12.731	6.017	1.393	0.524	0.388	0.207	典型灌木
青楷槭 <i>Acer tegmentosum</i>	17	10.473	7.372	1.398	1.234	0.555	0.486	乔木型灌木
花楷槭 <i>Acer ukurunduense</i>	11	8.583	7.325	1.204	0.875	0.492	0.713	乔木型灌木
暴马丁香 <i>Syninga reticulata</i> var. <i>mandshuca</i>	14	11.456	6.478	1.387	0.753	0.909	0.851	乔木型灌木
忍冬 <i>Lonicera japonica</i>	14	11.721	4.713	1.679	0.644	0.945	0.363	乔木型灌木
毛榛子 <i>Corylus mandshurica</i>	17	11.798	8.212	1.613	1.188	0.799	0.675	乔木型灌木
椴木 <i>Aralia chinensis</i>	14	15.454	6.763	1.259	0.533	0.943	0.349	乔木型灌木

4)及  $D^2H$  为自变量, 通过阅读相关文献<sup>[13,15,24-28]</sup>, 建立灌木生物量模型。不同物种生长规律不同, 植物形态也会有所不同。因灌木各测树因子间存在着很强的关联性, 所以希望得到灌木的生长变化和某种函数趋势接近, 且选取方程和自变量时要考虑植物的形态。所以选用了指数、幂函数、二元一次和一元二次函数。选用二元一次函数的生物学意义是影响灌木生长的因素可能不止一个。在 R 软件中采用非线性最小二乘法拟合了灌木不同器官(干、枝、叶、根)的生物量模型和单一物种生物量混合模型。模型均进行  $t$  检验( $P < 0.05$ ), 分别使用判定系数  $R^2$ , 剩余标准差  $E_{SEE}$ , 平均相对误差  $E$  以及  $F$  检验值作为评价模型优劣的指标。选出  $R^2$  和  $F$  最大,  $E_{SEE}$  和  $E$  值最小的方程作为最优方程。将选出的模型应用于不同密度的云冷杉林, 计算出灌木层的生物量, 而其他没有建立生物量模型的灌木采用何列艳等<sup>[16]</sup>建立的乔木型和典型灌木混合模型计算出生物量。4 种函数形式如下<sup>[14-27]</sup>:  $W = ax^b$ ,  $W = ae^{bx}$ ,  $W = a + bx + cx^2$ ,  $W = a + bx_1 + cx_2$ 。  $a$ ,  $b$ ,  $c$  为各模型参数,  $x$  为建模因子。利用 Excel 2013 和 R 软件<sup>[22]</sup>对数据进行统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 灌木生物量最优模型

2.1.1 各物种不同器官生物量模型 根据实测因子和生物量分布情况, 利用 R 软件<sup>[23]</sup>的处理结果, 得到 13 个物种的生物量模型。由表 2 知: 除溲疏根以外, 其他物种不同器官模型和单一物种混合模型的回归关系显著( $P < 0.001$ ), 模型均具有较高的  $R^2$ ,  $F$  值和较小的  $E_{SEE}$ ,  $E$  值,  $R^2$  为 0.626 2(溲疏根)~0.997 9(花楷槭干), 溲疏除干和叶的  $R^2$  达 0.900 0 以上, 其他器官模型  $R^2$  相对较低。 $F$  值为 20.650 0(溲疏根)~4 040.340 0(花楷槭干),  $F$  值越大, 模型精度相对越高。 $E_{SEE}$  值为 0.000 7(绣线菊干)~0.027 5(椴木干), 各物种不同器官模型的  $E_{SEE}$  值除青楷槭根外, 其他物种不同器官模型的  $E_{SEE}$  值均小于各自单一物种混合模型的  $E_{SEE}$  值。 $E$  值为  $-7.48 \times 10^{-17}$ (刺五加干)~0.000 3(茶藨子枝),  $E$  值也较小, 说明预估精度相对越高。各物种不同器官的最优模型除青楷槭的叶和根, 花楷槭的干为幂函数, 其他物种不同器官最优模型多为一元二次或二元一次函数, 说明青楷槭叶和根、花楷槭干的生长分布近似于幂函数的分布趋势; 其他近似于一元二次函数分布, 模型为二元一次函数的说明影响该物种生物量模型的因子至少有 2 个且生长趋势与其相近。另外, 茶藨子的各个模型均为指数函数, 但不适用于地径较大的植株。干、枝最优模型的自变量除绣线菊为  $A_C$ , 花楷槭为  $CH$  外, 其他多为  $D^2H$  和  $CH$ , 即影响干枝生物量的因子多与灌木的地径和高有关; 叶最优模型的自变量, 绣线菊、刺五加和青楷槭采用因子  $A_C$  和  $CH$ , 其他物种多采用  $D$  和  $D^2H$ , 即不同植物叶片不同, 影响叶生物量的因子也会有所不同; 灌木根系多采用  $D^2H$ , 说明在此地区, 影响植物根系生物量因子多为此复合因子。综合各个模型可知, 影响灌木生物量模型的因子多为  $D$  和复合因子  $D^2H$ ,  $A_C$ 。

2.1.2 单一物种生物量混合模型 单一物种混合模型  $R^2$  为 0.837 1(溲疏)~0.997 0(花楷槭), 且除溲疏和土庄绣线菊以外, 其他混合模型  $R^2$  都达到了 0.920 0 以上,  $F$  值的变化规律与  $R^2$  相似,  $R^2$  越大  $F$  值

表 2 各物种不同器官生物量最优模型和单一物种混合模型

Table 2 Best-fit component biomass models for specific species and mixed models for single species

物种及地径 范围	最佳模型	参数			$E$	$E_{SEE}$	$R^2$	$F$ 值	显著性
		$a$	$b$	$c$					
土庄绣线菊 0.21~0.98 cm	$W_{干}=ae^{b(A_C)}$	0.018 1	2.031 2		1.850 0E-05	0.003 7	0.851 7	58.263 1	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(A_C)+c(A_C)^2$	0.018 4	0.000 2	0.116 1	-5.840 0E-10	0.002 0	0.945 2	134.774 0	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(A_C)+c(CH)$	0.018 1	0.024 2	-0.003 1	-9.660 0E-10	0.000 7	0.898 9	87.819 1	0.000 0
	$W_{根}=a+b(D)+c(A_C)$	0.015 3	0.000 9	0.026 9	-1.090 0E-10	0.003 6	0.745 8	29.893 4	0.000 0
刺五加 0.28~1.58 cm	$W_{总}=ae^{b(A_C)}$	0.071 1	1.609 9		4.240 0E-05	0.008 7	0.888 2	80.560 4	0.000 0
	$W_{干}=a+b(A_C)+c(D^2H)$	0.015 7	0.026 5	0.000 1	-7.480 0E-17	0.004 6	0.962 6	403.133 7	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(A_C)+c(CH)$	0.011 7	-0.063 1	0.045 9	6.970 0E-10	0.005 8	0.830 2	84.057 4	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(A_C)+c(CH)$	0.013 9	-0.068 5	0.046 5	7.990 0E-10	0.006 5	0.776 5	67.985 2	0.000 0
溲疏 0.22~1.35 cm	$W_{根}=a+b(CH)+c(CH)^2$	0.045 4	-0.036 6	0.036 3	2.830 0E-09	0.007 5	0.886 0	116.264 4	0.000 0
	$W_{总}=a+b(A_C)+c(CH)$	0.059 4	-0.135 8	0.173 0	2.240 0E-09	0.018 8	0.924 2	221.681 6	0.000 0
	$W_{干}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-0.000 7	0.000 2	-1.760 0E-07	4.410 0E-11	0.002 2	0.972 7	482.007 7	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-0.002 2	0.000 3	-4.600 0E-07	-7.410 0E-11	0.007 0	0.725 7	35.492 0	0.000 0
青楷槭 2.98~23.31 mm	$W_{叶}=a+b(D)+c(D^2H)$	0.001 8	-0.000 4	7.730 0E-05	8.600 0E-12	0.001 4	0.902 5	109.219 0	0.000 0
	$W_{根}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-0.003 2	0.000 5	-1.260 0E-06	1.790 0E-11	0.011 2	0.626 2	20.650 5	0.001 0
	$W_{总}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-0.006 0	0.001 0	-1.850 0E-06	9.730 0E-12	0.018 6	0.837 4	70.028 2	0.000 0
	$W_{干}=a+b(A_C)+c(CH)$	-0.002 4	-0.051 9	0.052 3	-5.600 0E-09	0.008 2	0.982 7	728.609 3	0.000 0
花楷槭 2.88~28.90 mm	$W_{枝}=a+b(D)+c(D)^2$	0.005 4	-0.002 3	0.000 3	-2.560 0E-11	0.008 8	0.945 2	223.781 7	0.000 0
	$W_{叶}=aD^b$	2.740 0E-05	2.309 0		9.660 0E-05	0.002 7	0.979 6	707.487 3	0.000 0
	$W_{根}=aD^b$	2.510 0E-14	9.110 5		0.010 1	0.023 5	0.952 7	154.291 8	0.000 0
	$W_{总}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	0.002 1	0.000 3	-7.670 0E-08	-1.100 5E-09	0.014 0	0.989 2	1242.204 7	0.000 0
暴马丁香 4.20~23.13 mm	$W_{干}=a(CH)^b$	0.025 0	1.122 9		-0.000 7	0.003 4	0.997 9	4050.345 5	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(A_C)+c(CH)$	-0.001 0	0.019 4	0.004 6	-5.200 0E-09	0.003 2	0.993 2	1070.311 0	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	0.001 2	2.460 0E-05	2.590 0E-09	1.380 0E-11	0.003 2	0.987 2	545.494 6	0.000 0
	$W_{根}=a+b(A_C)+c(CH)$	-0.004 4	-0.037 8	0.040 8	1.200 0E-08	0.005 2	0.989 7	723.687 9	0.000 0
忍冬 3.84~20.75 mm	$W_{总}=a+b(D^2H)+c(CH)$	0.006 0	4.290 0E-05	0.063 4	-6.580 0E-11	0.010 8	0.997 0	2476.331 6	0.000 0
	$W_{干}=a+b(D^2H)+c(CH)$	0.011 5	0.000 1	0.016 2	-1.120 0E-10	0.010 6	0.983 5	545.497 4	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(CH)+c(D^2H)$	0.010 6	0.000 1	0.010 3	-1.820 0E-12	0.011 9	0.957 7	210.506 6	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(A_C)+c(CH)$	0.013 4	-0.008 7	0.019 7	-7.010 0E-10	0.003 8	0.977 2	282.124 2	0.000 0
毛榛子 2.19~26.58 mm	$W_{根}=a+b(D^2H)+c(CH)$	0.026 5	0.000 1	0.008 7	2.320 0E-11	0.019 2	0.865 4	63.099 9	0.000 0
	$W_{总}=a+b(D^2H)+c(CH)$	0.061 8	0.000 3	0.048 9	1.400 0E-07	0.039 7	0.965 6	257.515 5	0.000 0
	$W_{干}=a+b(D^2H)+c(CH)$	-0.021 9	-0.000 1	0.086 9	1.540 0E-10	0.027 1	0.888 1	67.813 0	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(CH)+c(CH)^2$	-0.013 1	0.063 0	-0.005 8	9.420 0E-09	0.028 3	0.743 1	25.998 4	0.000 0
毛榛子 2.19~26.58 mm	$W_{叶}=a+b(D)+c(A_C)$	0.015 2	0.000 7	0.012 5	7.340 0E-10	0.004 0	0.883 0	65.218 6	
	$W_{根}=a+b(A_C)+c(CH)$	-0.002 3	-0.041 6	0.060 8	1.270 0E-10	0.022 0	0.860 8	49.411 9	0.000 0
	$W_{总}=a+b(D^2H)+c(CH)$	0.000 2	-0.000 1	0.178 4	9.990 0E-08	0.054 9	0.920 5	101.692 9	0.000 0
	$W_{干}=a+b(A_C)+c(CH)$	-0.000 8	-0.013 6	0.043 9	4.130 0E-09	0.018 4	0.969 0	285.036 8	0.000 0
毛榛子 2.19~26.58 mm	$W_{枝}=a+b(CH)+c(CH)^2$	-0.002 5	0.015 7	-0.000 7	2.350 0E-10	0.009 4	0.898 3	97.458 6	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(A_C)+c(D^2H)$	0.001 2	0.012 6	-1.750 0E-07	4.810 0E-11	0.003 5	0.940 0	203.918 1	0.000 0
	$W_{根}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-9.640 0E-05	1.460 0E-04	-6.880 0E-08	-7.260 0E-11	0.009 6	0.904 1	101.298 7	0.000 0
	$W_{总}=a+b(D^2H)+c(CH)$	0.003 5	6.750 0E-05	0.047 0	3.000 0E-09	0.023 5	0.979 8	540.814 2	0.000 0



表2 (续)

Table 2 (Continued)

物种及地径范围	最佳模型	参数			$E$	$E_{SEE}$	$R^2$	$F$ 值	显著性
		$a$	$b$	$c$					
茶藨子 2.82~7.60 mm	$W_{干}=ae^{b(D)}$	0.000 03	1.054 1		-0.000 2	0.008 8	0.899 6	48.369 4	0.000 0
	$W_{枝}=ae^{b(D)}$	3.000 0E-6	1.308 3		0.000 3	0.003 6	0.964 5	124.658 2	0.000 0
	$W_{叶}=ae^{b(D)}$	0.000 2	0.499 7		-0.000 1	0.000 8	0.914 5	81.377 3	0.000 0
	$W_{根}=ae^{b(D)}$	0.000 7	0.518 2		-0.000 5	0.003 6	0.920 6	93.081 7	0.000 0
	$W_{总}=ae^{b(D)}$	0.000 2	0.819 8		0.000 2	0.008 2	0.981 2	309.873 4	0.000 0
椴木 6.10~27.33 mm	$W_{干}=a(D^2H)^b$	0.000 2	1.025 1		-1.310 0E-03	0.027 5	0.950 6	202.991 9	0.000 0
	$W_{枝}=ae^{b(D)}$	0.001 4	0.156 7		-1.750 0E-05	0.012 3	0.876 0	70.600 8	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(D)+c(A_c)$	-0.003 7	0.000 8	0.020 5	6.100 0E-09	0.007 6	0.857 0	58.151 1	0.000 0
	$W_{根}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	0.001 3	0.000 2	-1.000 0E-7	-1.160 0E-10	0.018 1	0.843 0	57.445 7	0.000 0
	$W_{总}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-0.006 7	0.000 6	-1.000 0E-7	4.450 0E-09	0.056 9	0.935 8	146.741 1	0.000 0
山梅花 5.72~15.70 mm	$W_{干}=a+b(A_c)+c(D^2H)$	-0.011 1	0.010 2	0.000 2	-3.010 0E-11	0.007 0	0.977 1	302.694 4	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(A_c)+c(D^2H)$	-0.013 1	0.009 2	0.000 2	3.190 0E-11	0.018 6	0.816 9	31.646 4	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(CH)+c(CH)^2$	0.008 2	-0.010 0	0.004 4	6.240 0E-13	0.002 3	0.811 2	3.827 2	0.000 0
	$W_{根}=a+b(D^2H)+c(CH)$	0.008 0	0.000 2	-0.012 5	2.810 0E-12	0.006 6	0.955 3	135.136 7	0.000 0
	$W_{总}=a(D^2H)^b$	0.000 2	1.174 2		6.440 0E-04	0.028 0	0.941 9	128.770 6	0.000 0
野蔷薇 3.66~8.33 mm	$W_{干}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-0.001 1	0.000 3	-6.000 0E-7	3.980 0E-12	0.000 7	0.992 5	611.449 4	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(D)+c(D)^2$	-0.016 8	0.005 9	-0.000 4	-4.700 0E-14	0.001 6	0.792 1	17.278 0	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(A_c)+c(CH)$	-0.002 3	0.007 8	0.025 2	-2.690 0E-10	0.001 3	0.975 5	177.176 3	0.000 0
	$W_{根}=a+b(D)+c(A_c)$	-0.012 8	0.004 1	0.109 9	2.610 0E-09	0.005 8	0.934 9	67.875 2	0.000 0
	$W_{总}=a+b(D)+c(A_c)$	-0.038 6	0.010 8	0.153 3	2.300 0E-09	0.005 4	0.982 3	268.803 8	0.000 0
珍珠梅 4.21~24.53 mm	$W_{干}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-0.010 9	0.000 4	0.000 0	1.070 0E-09	0.019 9	0.943 0	164.900 1	0.000 0
	$W_{枝}=a+b(D)+c(A_c)$	-0.019 3	0.002 2	0.072 0	8.550 0E-09	0.009 3	0.896 2	88.969 4	0.000 0
	$W_{叶}=a+b(A_c)+c(D^2H)$	-0.000 8	0.044 2	0.000 03	2.440 0E-10	0.005 9	0.946 6	172.147 9	0.000 0
	$W_{根}=a+b(D)+c(CH)$	-0.028 8	0.005 7	-0.016 8	-1.060 0E-09	0.016 4	0.761 2	34.158 0	0.000 0
	$W_{总}=a+b(D^2H)+c(D^2H)^2$	-0.005 5	0.000 6	-2.000 0E-7	4.650 0E-11	0.026 2	0.973 5	389.032 5	0.000 0

相对越大,单一物种生物量模型拟合越好。单一物种混合模型的  $E_{SEE}$  为 0.008 2(茶藨子)~0.056 9(椴木),除忍冬和椴木的  $E_{SEE}$  值达到 0.050 0 以外,其他物种的  $E_{SEE}$  值均较小且  $E$  值也较小。单一物种混合模型除土庄绣线菊和茶藨子为指数函数,自变量为  $A_c$  和  $D$  外,其他多为一元二次或二元一次函数,说明土庄绣线菊和茶藨子在一定的时间范围内,生物量增加的方式类似指数分布。溲疏、青楷槭最优方程采用自变量  $D^2H$ ,花楷槭、暴马丁香、忍冬和毛榛采用自变量为  $D^2H$  和  $CH$ ,除忍冬、溲疏外,其他物种的植物形态较为相似,且大部分都采用了因子  $D^2H$ ,说明植株形态相似,影响其生物量的因子也较为相似,综合这 13 个物种的单一生物量最优模型知,影响灌木生物量的因子多为复合因子  $D^2H$ 。从表 2 中还可以看出:青楷槭、毛榛、忍冬的单一物种生物量混合模型的判定系数高于它们不同器官生物量模型的判定系数。其他物种混合模型的判定系数介于各器官模型的判定系数之间。

2.1.3 单一物种生物量混合模型的检验 用 2015 年 7-8 月的实测数据作为检验样本(5~10 株)对各模型进行检验,检验结果如图 1 和表 3,各物种生物量实测值与理论值除溲疏和毛榛中的一个拟合率为 60.00%,其余均达到 70.00%以上,且有 7 个物种的拟合率为 90.00%以上。13 个物种的单一物种混合模型平均拟合率均达到 82.00%以上,范围为 82.77%(溲疏)~98.19%(椴木),溲疏和忍冬的平均拟合率比其他物种要低,因为溲疏生物量模型的判定系数比其他物种也相对较低。椴木的平均相对误差只有 1.82%,且平均拟合率达到 98.19%,模型的拟合度很高;茶藨子、野蔷薇和山梅花的平均相对误差也仅约 5.00%,模型拟合度也较高;除忍冬和溲疏约 18.00%,这是由于样本数量较小导致精度并不理想,其他均为 11.00%左右,模型拟合精度满足估算要求,模型可用于本地区生物量估算。

表 3 各生物量模型的验证

Table 3 Verification of different species biomass models

灌木名称	平均相对误差/%	平均拟合率/%	灌木名称	平均相对误差/%	平均拟合率/%
暴马丁香(6)	10.29	90.56	毛榛(9)	11.43	90.75
刺五加(7)	11.61	90.43	青楷槭(10)	14.74	86.51
忍冬(8)	18.28	84.97	花楷槭(8)	12.22	89.56
绣线菊(8)	11.85	89.32	溲疏(6)	18.29	82.77
茶藨子(6)	5.32	95.66	椴木(7)	1.82	98.19
山梅花(6)	4.37	95.64	野蔷薇(6)	6.38	94.47
珍珠梅(7)	14.43	87.53			

说明：括号里数据为检验样本个数。

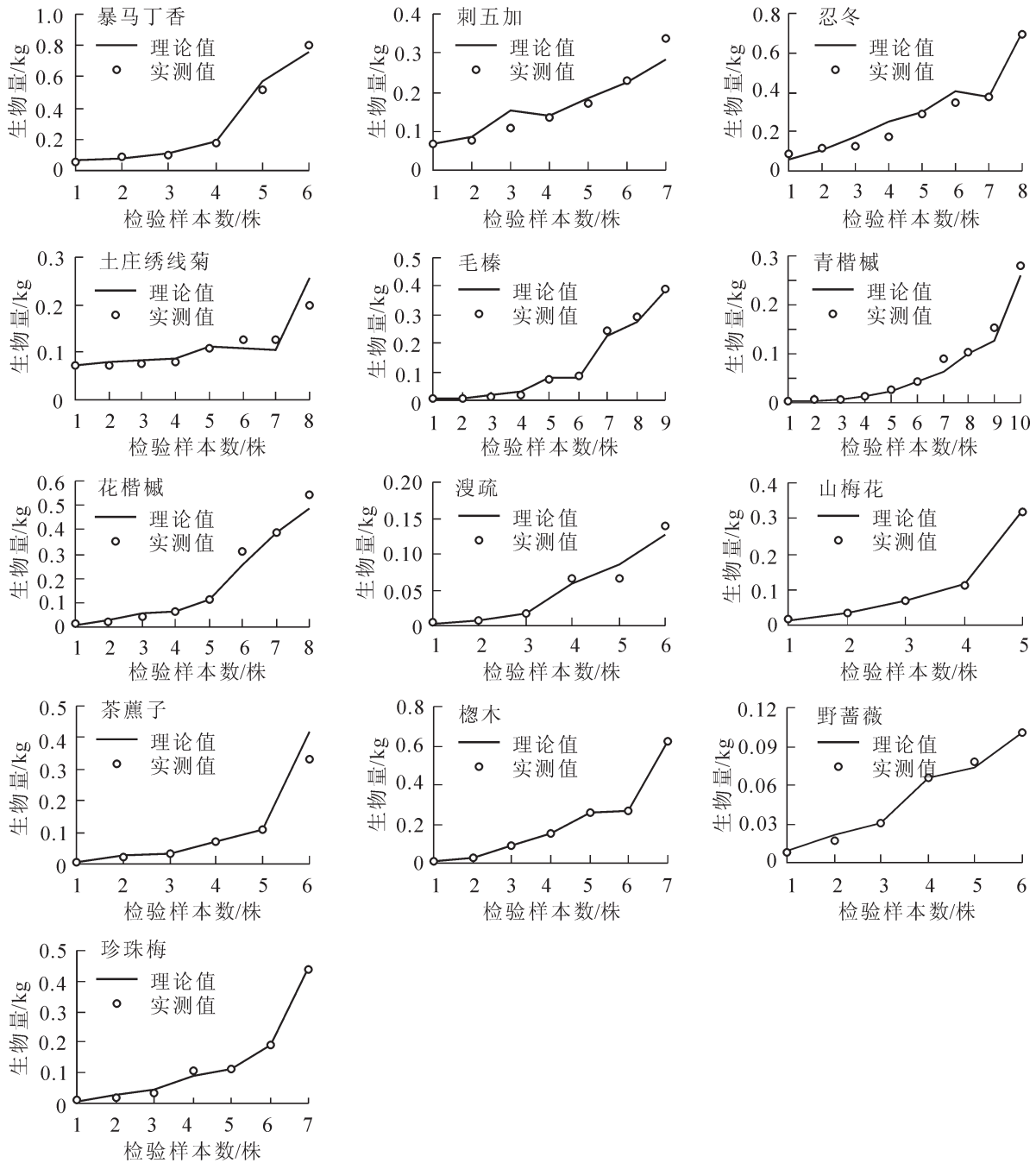


图 1 不同物种生物量模型的验证

Figure 1 Verification of different species biomass models

## 2.2 各物种生物量模型的应用

将单一物种混合模型应用于金沟岭林场不同密度的云冷杉林林下灌木层生物量的估算, 结果见表4。冷杉林下灌木生物量随着密度的不同差异显著, 随着林分密度减小, 云冷杉林下灌木生物量出现先减小后增大的趋势, 即  $W(0.6) > W(1.0) > W(0.8)$ 。当郁闭度为0.8时, 灌木生物量最小。调查可知, 这是因为此密度下有较多的冷杉更新苗。灌木株数相对较小, 导致此时灌木的生物量也较小。

表4 3种密度云冷杉林林下灌木层生物量估算结果

Table 4 Biomass results of shrubs under three density spruce-fir forest

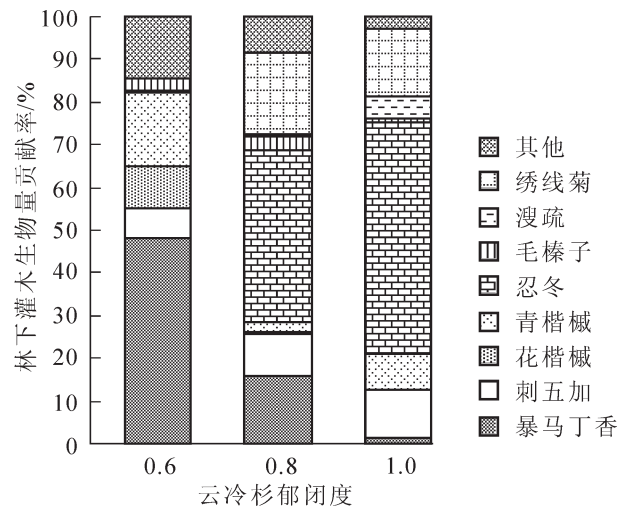
灌木名称	生物量/kg			灌木名称	生物量/kg		
	郁闭度 0.6	郁闭度 0.8	郁闭度 1.0		郁闭度 0.6	郁闭度 0.8	郁闭度 1.0
暴马丁香	16.036 6	4.412 9	0.485 3	毛榛子	0.969 4	0.809 1	0.256 1
刺五加	2.414 9	2.679 3	3.697 7	溲疏	0.000 0	0.152 1	1.852 3
花楷槭	3.322 3	0.186 2	0.000 0	绣线菊	0.000 0	5.308 8	5.265 6
青楷槭	5.741 6	0.577 5	2.955 1	其他	4.792 1	2.348 1	0.475 5
忍冬	0.172 4	11.227 2	18.153 7	合计	33.449 2	27.701 1	33.141 3

说明: 郁闭度0.6生物量为  $836.230 0 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ , 郁闭度0.8为  $692.527 5 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ , 郁闭度1.0为  $828.535 2 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。

不同密度云冷杉林下灌木生物量贡献率用 Origin 85 制图(图2)。对郁闭度为0.6的林分林下灌木生物量而言, 暴马丁香的贡献率最大, 达47.94%, 其次是青楷槭, 达17.16%, 且其他灌木的贡献率达到14.32%; 郁闭度为0.8时, 灌木生物量贡献率最大的为忍冬, 达40.53%, 其次为绣线菊、暴马丁香; 郁闭度为1.0时, 灌木生物量贡献率最大的也为忍冬, 达53.96%, 其次为绣线菊、刺五加, 分别达到了15.65%和10.99%。

## 3 结论与讨论

本研究拟合了金沟岭林场灌木层出现频率较高的13个植物的单一物种生物量混合模型和 Figure 2 Ratio of shrub biomass under different density spruce-fir forest 各物种不同器官生物量最优模型, 并估算了3种不同密度云冷杉林下灌木层的总生物量。结果表明: 每个模型均具有较高的判定系数  $R^2$  值、 $F$  值和比较小的剩余标准差( $E_{\text{SEE}}$ )值、平均相对误差  $E$  值,  $R^2$  为0.626 2(溲疏根)~0.997 9(花楷槭干), 除了青楷槭的根外, 其他物种不同器官模型的  $E_{\text{SEE}}$  值均小于各自单一物种混合模型的  $E_{\text{SEE}}$  值; 各物种混合模型除了溲疏和土庄绣线菊以外, 其他物种的生物量混合模型  $R^2$  都达到了0.920 0以上; 单一物种混合模型的  $E_{\text{SEE}}$  和平均相对误差  $E$  值均较小。通过对模型的检验, 模型的平均相对误差和平均拟合率也较好, 综合各项指标, 本次拟合的65个模型精度均较高, 满足估算要求, 为今后测量森林生物量提供了可靠的方法依据。不同器官生物量最优模型除青楷槭的叶根, 花楷槭干为幂函数, 其他不同器官最优模型多为一元二次或二元一次函数。干、枝最优模型的自变量多为  $D^2H$  和  $CH$ ; 叶最优模型的自变量, 绣线菊、刺五加和青楷槭多采用  $A_c$  和  $CH$ , 其他物种多采用  $D$  和  $D^2H$ ; 根系多采用的因子为  $D^2H$ 。单一物种混合模型除了土庄绣线菊为指数函数, 其他的多为一元二次或者二元一次函数。将拟合的模型应用于3种密度的云冷杉林, 分别得到郁闭度为0.6, 0.8, 1.0的林分林下灌木生物量为  $836.230 0$ ,  $692.527 5$ ,  $823.535 2 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。天然云冷杉林林下灌木生物量( $W$ )随着林分郁闭度减小出现先减小后增大的趋势, 即  $W(0.6) > W(1.0) > W(0.8)$ 。郁闭度为0.8时, 灌木生物量最小, 是因为此密度下有较多的冷杉更新苗, 导致此时灌木的生物量较小。郁闭度为0.6的林分, 暴马丁香的贡献率最大, 达47.94%; 郁闭度为0.8和1.0时, 贡献率最大的为忍冬, 分别达40.53%和53.96%。在主林层密度较大时, 忍冬对灌木层生物量的贡献要大于其他物种。



金沟岭林场林下灌木种类丰富, 很多物种属于大灌木或者小型乔木, 若采用直接收获的方法, 很难估算出像青楷槭等乔木型灌木的生物量, 构建这些灌木的生物量模型, 不仅节省了人力物力, 还有效地保护了林下微环境。本研究拟合的13个物种灌木生物量模型, 涵盖了金沟岭林场出现频率较高的绝大多数物种。本研究拟合的生物量模型仅适用于长白山区金沟岭林场林下灌木, 若在研究区以外运用该模型需要通过验证, 且模型中自变量超过该研究范围时也需经过验证, 特别是地径较大的茶藨子。同时, 各器官生物量分量总和与单一物种总生物量之间存在一定的偏差, 即各器官生物量模型与总生物量模型的相容性有待进一步研究。

#### 4 参考文献

- [1] 潘辉, 洪伟, 陈国荣, 等. 相思人工林生物量分配格局与林下植被多样性分析[J]. 福建林业科技, 2008, **35**(1): 6 - 10.  
PAN Hui, HONG Wei, CHEN Guorong, *et al.* Allocation pattern of biomass and diversity analysis of the understory in *Acacia* plantations [J]. *J Fujian For Sci Technol*, 2008, **35**(1): 6 - 10.
- [2] 何艺玲, 傅懋毅. 人工林林下植被的研究现状[J]. 林业科学研究, 2002, **15**(6): 727 - 733.  
HE Yiling, FU Maoyi. Review of studies on understory of plantations [J]. *For Res*, 2002, **15**(6): 727 - 733.
- [3] 王玲. 川西北地区主要灌丛类型生物量及其模型的研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2009.  
WANG Ling. *Study of Biomass and Its Models of Main Shrub Community Type in Northwest Sichuan* [D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2009.
- [4] 马伟, 孙玉军. 我国的森林生物量研究[J]. 世界林业研究, 2009, **22**(5): 71 - 76.  
MA Wei, SUN Yujun. Forest biomass in China [J]. *World For Res*, 2009, **22**(5): 71 - 76.
- [5] FANG Jingyun, WANG Zhangming. Forest biomass estimation at regional and global levels, with special reference to China's forest biomass [J]. *Ecol Res*, 2001, **16**(3): 587 - 592.
- [6] PATON D, NUÑEZ J, BAO D, *et al.* Forage biomass of 22 shrub species from Monfragüe Natural Park (SW Spain) assessed by log-log regression models [J]. *J Arid Environ*, 2002, **52**(2): 223 - 231.
- [7] BUECH R R, RUGG D J. Biomass relations of shrub components and their generality [J]. *For Ecol Manage*, 1989, **26**(4): 257 - 264.
- [8] ALABACK P B. Biomass regression equations for understory plants in coastal Alaska: effects of species and sampling design on estimates [J]. *Northwest Sci*, 1986, **60**(2): 90 - 103.
- [9] 曾慧卿, 刘琪璟, 冯宗炜, 等. 红壤丘陵区林下灌木生物量估算模型的建立及其应用[J]. 应用生态学报, 2007, **18**(10): 2185 - 2190.  
ZENG Huiqing, LIU Qijing, FENG Zongwei, *et al.* Estimation models of understory shrub biomass and their applications in red soil hilly region [J]. *Chin J Appl Ecol*, 2007, **18**(10): 2185 - 2190.
- [10] 杨昆, 管东生. 森林林下植被生物量收获的样方选择和模型[J]. 生态学报, 2007, **27**(2): 705 - 724.  
YANG Kun, GUAN Dongsheng. Selection of gaining quadrat for harvesting the undergrowth vegetation and its biomass estimation modeling in forest [J]. *Acta Ecol Sin*, 2007, **27**(2): 705 - 714.
- [11] 张海清, 刘琪璟, 陆佩玲, 等. 千烟洲试验站几种常见灌木生物量估测[J]. 林业调查规划, 2005, **30**(5): 43 - 49.  
ZHANG Haiqing, LIU Qijing, LU Peiling, *et al.* Biomass estimation of several common shrubs in qianyanzhou experimental station [J]. *For Invent Plan*, 2005, **30**(5): 43 - 49.
- [12] 张倩媚, 温达志. 南亚热带常绿阔叶林林下层植物的生物量及其测定方法的探讨[J]. 生态科学, 2000, **19**(4): 62 - 66.  
ZHANG Qianmei, WEN Dazhi. Biomass estimation of the undergrowth plants in the lower subtropical evergreen broad-leaved forest [J]. *Ecol Sci*, 2000, **19**(4): 62 - 66.
- [13] 何列艳, 亢新刚, 范小莉, 等. 长白山区林下主要灌木生物量估算与分析[J]. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2011, **35**(5): 45 - 50.  
HE Lieyan, KANG Xingang, FAN Xiaoli, *et al.* Estimation and analysis of understory shrub biomass in Changbai Mountains [J]. *J Nanjing For Univ Nat Sci Ed*, 2011, **35**(5): 45 - 50.



- [14] 张骏, 高洪娣, 应宝根, 等. 浙江省仙居县公益林生物量动态分析[J]. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2011, **35**(5): 147 – 150.  
ZHANG Jun, GAO Hongdi, YING Baogen, *et al.* The biomass dynamic analysis of public welfare forest in Xianju County of Zhejiang Province [J]. *J Nanjing For Univ Nat Sci Ed*, 2011, **35**(5): 147 – 150.
- [15] 季碧勇, 陶吉兴, 张国江, 等. 高精度保证下的浙江省森林植被生物量评估[J]. 浙江农林大学学报, 2012, **29**(3): 328 – 334.  
JI Biyong, TAO Jixing, ZHANG Guojiang, *et al.* Zhejiang Province's forest vegetation biomass assessment for guaranteed accuracy [J]. *J Zhejiang A & F Univ*, 2012, **29**(3): 328 – 334.
- [16] 郑冬梅, 曾伟生. 用哑变量方法构建东北落叶松和栎类分段地上生物量模型[J]. 北京林业大学学报, 2013, **35**(6): 23 – 27.  
ZHENG Dongmei, ZENG Weisheng. Using dummy variable approach to construct segmented aboveground biomass for larch and oak in northeastern China [J]. *J Beijing For Univ*, 2013, **35**(6): 23 – 27.
- [17] 胥辉. 生物量模型方差非齐性研究[J]. 西南林学院学报, 1999, **19**(2): 73 – 77.  
XU Hui. A study on the heterosceasticity in tree biomass model [J]. *J Southwest For Univ*, 1999, **19**(2): 73 – 77.
- [18] 范小莉. 长白山地区云冷杉林和近原始林林下灌草生物量预测模型的研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2011.  
FAN Xiaoli. *Biomass Estimation Model of Understory Shrubs and Herbs in the Spruce-fir Mixed forest and Near-Pristine Forest of Changbai Mountain* [D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2011.
- [19] 张梦弢, 亢新刚, 蔡烁. 长白山云冷杉林下主要树种幼树生物量[J]. 浙江农林大学学报, 2012, **29**(5): 655 – 660.  
ZHANG Mengtao, KANG Xingang, CAI Shuo. Biomass for saplings of primary species in a spruce-fir understory of the Changbai Mountains [J]. *J Zhejiang A & F Univ*, 2012, **29**(5): 655 – 660.
- [20] 蔡兆炜, 孙玉军, 刘凤娇. 长白落叶松林下灌木生物量模型研究[J]. 河南农业科学, 2013, **42**(6): 126 – 129.  
CAI Zhaowei, SUN Yujun, LIU Fengjiao. Studies on biomass models of understory shrubs in *Larix olgensis* Herry. plantation [J]. *J Henan Agric Sci*, 2013, **42**(6): 126 – 129.
- [21] 邵殿坤, 李广玉, 陈国林, 等. 长白落叶松生物量模型的初步研究[J]. 吉林林业科技, 2010, **39**(5): 32 – 36.  
SHAO Diankun, Li Guangyu, CHEN Guolin, *et al.* Primary study on biomass model of *Larix olgensis* in Changbai Mountain area [J]. *J Jilin For Sci Technol*, 2010, **39**(5): 32 – 36.
- [22] 王斌会. 多元统计分析及 R 语言建模[M]. 广州: 暨南大学出版社, 2010.
- [23] 潘攀, 牟长城, 孙志虎. 长白落叶松人工林灌丛生物量的调查与分析[J]. 东北林业大学学报, 2007, **35**(4): 1 – 2, 6.  
PAN Pan, MOU Changchen, SUN Zhihu. Biomass of shrub and herb layers in *Larix olgensis* plantations [J]. *J Northeast For Univ*, 2007, **35**(4): 1 – 2, 6.
- [24] 王蕾, 张宏, 哈斯, 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, **40**(5): 700 – 704.  
WANG Lei, ZHANG Hong, HA Si, *et al.* A study on the estimating method of shrub upper biomass based on the crown diameter and plant height [J]. *J Beijing Norm Univ Nat Sci*, 2004, **40**(5): 700 – 704.
- [25] 蔡哲, 刘琪璟, 欧阳球林. 千烟洲试验区几种灌木生物量估算模型的研究[J]. 中南林学院学报, 2006, **26**(3): 15 – 18.  
CAI Zhe, LIU Qijing, OUYANG Qiulin. Estimation model for biomass of shrubs in Qianyanzhou experiment station [J]. *J Centr South For Coll*, 2006, **26**(3): 15 – 18.
- [26] 曾慧卿, 刘琪璟, 马泽清, 等. 千烟洲灌木生物量模型研究[J]. 浙江林业科技, 2006, **26**(1): 13 – 17.  
ZENG Huiqing, LIU Qijing, MA Zeqing, *et al.* Model research on shrub biomass in Qianyanzhou [J]. *J Zhejiang For Sci Technol*, 2006, **26**(1): 13 – 17.
- [27] 曾慧卿, 刘琪璟, 马泽清, 等. 基于冠幅及植株高度的櫟木生物量回归模型[J]. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2006, **30**(4): 101 – 104.  
ZENG Huiqing, LIU Qijing, MA Zeqing, *et al.* The regression model of *loropetalum chinense* biomass based on canopy diameter and plant height [J]. *J Nanjing For Univ Nat Sci Ed*, 2006, **30**(4): 101 – 104.