

“十三五”国家重点出版物出版规划项目
中国陆地生态系统碳收支研究丛书



中国常见灌木生物量 模型手册

谢宗强 王 杨 唐志尧 徐文婷 著



非
外
借



科学出版社



龍門書局



“十三五”国家重点出版物出版规划项目

中国陆地生态系统碳收支研究丛书

中国常见灌木生物量模型手册

谢宗强 王 杨 唐志尧 徐文婷 著

科学出版社

龙门书局

北京

内 容 简 介

本手册汇集了 884 条中国常见灌木物种的生物量估算模型,其中 480 条为著者通过“中国灌丛生态系统固碳现状、变化和机制”课题所构建,另外 404 条为著者收集、评估、筛选到的源于我国 1989 年以来文献中的灌木生物量模型。基于本书收集的 884 条中国主要灌木物种生物量模型,读者可以直接根据灌木的生长参数,如基径、株高、冠幅、冠幅投影面积、冠幅投影体积等,方便、快速地估算灌木生物量。本书是开展陆地生态系统碳储量、固碳速率和增汇潜力研究及生态系统能量流动和物质循环研究的重要参考手册。

本书适合生物、农林、生态学和自然保护等相关专业的高等院校、科研院所的科研和教学人员阅读,也可供环境保护和林业管理部门参考。

图书在版编目(CIP)数据

中国常见灌木生物量模型手册/谢宗强等著. —北京: 龙门书局, 2018.10
(中国陆地生态系统碳收支研究丛书)

国家出版基金项目 “十三五” 国家重点出版物出版规划项目
ISBN 978-7-5088-5438-0

I. ①中… II. ①谢… III. ①灌木—生物量—模型—中国—手册
IV. ①S718.54-62

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2018)第 202209 号

责任编辑: 李 迪 / 责任校对: 郑金红

责任印制: 肖 兴 / 封面设计: 北京铭轩堂广告设计有限公司

科学出版社出版

龙门书局

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码: 100717

<http://www.sciencep.com>

北京汇瑞嘉合文化发展有限公司印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2018 年 10 月第 一 版 开本: 787×1092 1/16

2018 年 10 月第一次印刷 印张: 6 1/4

字数: 140 000

定价: 98.00 元

(如有印装质量问题, 我社负责调换)

中国陆地生态系统碳收支研究丛书
编委会

总主编 方精云 于贵瑞

丛书编委会 (以姓氏笔画为序)

于贵瑞 方精云 白永飞

吴炳方 周国逸 唐志尧

谢宗强

前 言

灌木是灌丛生态系统及森林生态系统灌木层的优势植物。灌丛生态系统是我国陆地生态系统的重要组成部分，在生物多样性保护、固碳释氧和国土安全等方面起着不可替代的作用。我国灌丛植被种类繁多、分布广泛，在全球气候变化的背景下灌丛生态系统的碳汇功能日益显著。准确计量灌丛植被生物量、碳储量是研究灌丛碳动态、评价灌丛碳汇潜力及评估在全球气候变化背景下灌丛结构与功能等方面工作的基础和必要前提。在森林生态系统中，虽然估算乔木层生物量的方法已经日趋成熟，但对灌木层生物量的估算依然是个难题，从而使得对森林生态系统碳汇功能的评估具有很大的不确定性。基于植物个体的异速生长规律，建立植物各器官生物量与基径、株高、冠幅等测树指标间的相关生长关系（即异速生长方程），是准确估算灌木生物量的重要手段。

灌木生物量模型的研究主要借鉴林学上乔木生物量模型的研究方法，在生长季收获样本木，通过变量筛选、模型选择和精度评估来建立最优生物量模型。我国灌木生物量研究始于 20 世纪 80 年代，在减少植被破坏、简化方法和节约成本的前提下，通过建立灌木生物量模型进行生物量估算。30 多年来，陆续建立了不同立地条件下多种灌木的生物量模型，为准确估算灌丛生物量和研究灌丛生态系统结构与功能提供了重要的科学依据。纵观已有的研究，我们发现我国灌木生物量模型方面的调查研究较为薄弱，相对于我国丰富的灌丛类型和灌木物种，现有的灌木生物量模型远远不足，主要表现在以下几个方面：①包含的灌木物种相对较少，对许多常见灌丛类型和灌木物种尚未建立对应的生物量模型；②普适性较差，大多局限于特定的研究区域；③部分模型的样本量不足，建模样本较少或样本包含的个体大小范围较小；④部分模型的函数形式缺乏生物学意义和机理性，不能反映灌木的生长特性；⑤部分模型缺乏精度评价，难以保证模型的适用性和可靠性；⑥个别模型记录有误，或因排版、印刷问题导致模型系数记录错误，或因其他问题造成模型相关的文、图不对应。在本手册中，我们尽可能全面地收集了我国有关灌木生物量模型的调查研究资料，通过整理分析和修正部分错误模型记录，筛选出了真实可靠的模型数据，并按照灌丛类型和物种信息等进行归并梳理。

中国科学院战略性先导科技专项项目“生态系统固碳现状、速率、机制和潜力”的“中国灌丛生态系统固碳现状、变化和机制”课题（简称“灌丛课题”），将灌木生物量模型作为一项重要的研究内容。基于“灌丛课题”对全国主要灌丛类型生物量的调查数据，在严格的数据质量控制前提下，采用统一的方法构建了中国灌丛主要优势种的生物量模型及其验证、评价体系。整合收集、筛选和整理出近 30 年中国灌木生物量模型，共同构成中国主要灌木物种生物量模型数据库。该数据库不仅包含了中国主要灌木物种

的单物种生物量模型，还包括了基于多个物种的样本木构建的区域尺度通用模型，使得在较大空间尺度上准确估算灌木生物量，以及今后进行灌木生物量的连续调查和跟踪成为可能。

经过几年的努力，我们整理编著了本手册，希望能为读者提供真实可靠的灌木生物量模型。通过本手册中的“模型信息表”和“模型参数表”，读者可方便、快速地检索到所需模型并获取模型的完整信息。需要说明的是，本手册中包含的所有灌木物种的拉丁学名，均作为附录编排在“本手册收录生物量模型的灌木物种名录”中，在正文部分不再进行标注。

在本手册成书之际，特别感谢开展灌木生物量调查研究的前辈及参与“灌丛课题”的同仁，是他们的艰辛和汗水凝结出了一个个生物量模型，为森林和灌丛生态系统碳汇功能的研究奠定了坚实的基础。还要感谢中国科学院科技先导专项（XDA05050300）的资金支持，保证了本手册的编写和出版。囿于笔者的研究水平，书中存在不足之处在所难免，恳请读者批评指正。

著 者
2018 年 4 月

目 录

前言

第 1 章 中国灌木生物量模型研究	1
1.1 中国灌木生物量模型资料整理	2
1.1.1 模型筛选	2
1.1.2 模型适用范围的确定	3
1.2 中国灌木生物量模型研究现状	4
1.3 中国灌木生物量调查和模型构建	6
1.3.1 样地设置	7
1.3.2 灌木类型的划分	7
1.3.3 样本木生物量测定	7
1.3.4 灌木生物量模型的建立及有效性评估	8
1.3.5 建模结果	9
1.4 灌木生物量模型表的便捷使用	12
第 2 章 中国主要灌木物种生物量模型信息	13
第 3 章 中国主要灌木物种生物量模型参数	39
参考文献	81
附录	84

第 1 章 中国灌木生物量模型研究

灌木是灌丛生态系统和森林生态系统灌木层的优势植物。灌丛是我国陆地生态系统的重要组成部分，在全球碳平衡中发挥着重要的碳吸收功能（胡会峰等，2006；朴世龙等，2010）。准确计量灌丛植被生物量、碳储量是研究灌丛碳动态、评价灌丛碳汇潜力、评估在全球气候变化背景下灌丛结构与功能等方面工作的基础和必要前提（Ketterings et al., 2001；胡会峰等，2006）。

中国灌丛植被类型繁多、分布广泛，在全球气候变暖的影响下我国灌丛植被碳储量的增加，被认为是我国陆地生态系统碳储量增加的主要原因（朴世龙等，2010）。然而，当前国内外对生物量、碳储量的研究多集中于森林、草地、农田及部分林下灌木，对灌丛植被生物量的研究尚缺乏（Zhou et al., 2007；曾伟生，2015）。即使在森林中，对灌木层生物量的估算依然是个难题，从而使得对森林生态系统碳汇功能的评估具有很大的不确定性。

按照对植被的破坏性，灌木生物量测定可分为两种方法：破坏性的全收割法和非破坏性的生物量模型估算法（曾伟生，2015）。生物量模型估算法，即通过构建异速生长方程估算生物量，由于其对植被的破坏性极小，且估算精度高、使用方便，成为准确估算陆地生态系统生物量、碳储量的重要手段（Baskerville, 1972；陈遐林和张国华，2002）。同时，基于机载激光雷达和星载光谱仪等的遥感技术对生物量的估算，也需要结合通过生物量模型估算的地面数据进行校正和验证（Chave et al., 2004；Gonzalez et al., 2010）。

当前，对灌木生物量模型的研究仍然较少（Zhou et al., 2007），主要借鉴林学上乔木生物量模型的研究方法，在生长季收获样本木，通过变量筛选、模型选择和精度评估来建立最优生物量模型（Ludwig, 1975）。然而，由于灌丛类型和物种的多样性及其广泛的分布，生物量模型研究还存在一些问题：研究多局限于有限的研究区域和物种（Muukkonen, 2007；Hounzandji et al., 2015；曾伟生等，2015）；模型的函数形式多样，缺乏较为统一的标准（Foroughbakhch et al., 2005）；仅少数研究使用独立数据对模型精度进行了验证（Snee, 1977；Picard and Cook, 1984；Kozak and Kozak, 2003；董道瑞等，2012；Hounzandji et al., 2015）。因此，基于大量样本的、系统的、大尺度的灌木生物量模型研究十分必要。

中国灌木生物量模型的研究起步较晚，至 20 世纪 80 年代才有正式报道。这一时期代表性的研究中，主要包括虎榛子、土庄绣线菊、黄刺玫、翅果油树、沙棘、细枝岩黄耆、柠条锦鸡儿及蒿属的灌木物种等（姜凤岐和卢凤勇，1982；上官铁梁和张峰，1989；张士才，1989；王晓江，1990；张峰等，1993）。经过 30 多年的发展，中国灌木生物量

模型的研究逐渐增多，但相关的模型资料仍然不足，无法满足科学研究和林业生产实践的需求。中国灌木生物量模型的研究大多局限于特定区域的少数常见灌木物种，缺乏较为全面系统的大空间尺度上的研究。

林下灌木层也是生态系统植被碳库的重要组成部分，对森林生态系统的水土保持和退化植被的恢复重建具有重要作用（曾慧卿等，2007；林伟等，2010）。因此，本研究也收集了部分具有重要价值的林下灌木物种的生物量模型。

中国灌木生物量模型研究，是中国科学院战略性先导科技专项中“灌丛课题”的重要内容。通过对全国主要灌丛生态系统中代表性样地的调查，获取了翔实、可靠的灌木生物量数据，使得在较大空间尺度上构建主要灌木物种的生物量模型成为可能。

因此，本研究主要包含了两个方面的工作：一是收集、筛选并整理近 30 年中国灌木生物量模型；二是利用“灌丛课题”调查的生物量数据，构建中国灌丛主要优势种的生物量模型。从两个方面进行生物量模型的整理，建立中国常见灌木物种的生物量模型数据库。

1.1 中国灌木生物量模型资料整理

利用“灌木相对生长”“灌木异速生长”“灌木生物量方程”“灌木生物量模型”“shrub biomass model”“shrub biomass equation”“shrub allometry”“shrub allometric”等关键词，笔者全面检索了中国学术期刊网络出版总库（中国知网）、中国科技期刊数据库（维普资讯）、万方数据知识服务平台、Web of Science 数据库等国内外重要数据库，最大限度地获取 1982~2016 年正式发表和待发表的中国灌木生物量模型资料（包括学术期刊、专著及硕/博士学位论文）。在上述资料收集工作中，没有预设任何筛选条件（如物种、林龄、立地条件、模型形式等）。

1.1.1 模型筛选

为保证灌木生物量模型的可靠性，笔者从以下四个方面对收集到的模型进行筛选，以期达到去伪存真的目的。

1. 研究范围

研究范围主要限定于灌丛生态系统中灌木植物的器官生物量模型，包括天然的、人工的及因受到严重干扰（森林植被砍伐、乔木物种过度樵采、火灾等）而形成的灌丛。因此，本研究中的灌木物种既包括典型灌木物种，又包括部分因干扰而矮化了的乔木物种。此外，对部分具有重要参考价值的林下灌木物种的生物量模型也进行了收集和整理。

2. 灌丛调查测定方法

灌丛生物量调查测定采用规范的方法和步骤（谢宗强和唐志尧，2015），包括代表性样地设置、代表性样本木选择、样本木形态指标测定、器官生物量测定等内容。

一般流程为：选择具有代表性的灌丛样地，选取不同径级的样本木，测量样本木的形态特征指标（基径、株高、胸径、冠幅、分枝条数等），测定样本木分器官的鲜质量和烘干质量（即生物量）。由于研究目的的不同，划分灌木器官的详细程度存在较大差异。

3. 模型构建

本次整理工作对模型自变量不做任何限制，但对模型的函数形式有所限定。模型的函数形式以幂函数和一般线性函数为主，也包含部分二次函数。在选择模型时，首先从模型生物学意义的角度考虑，在模型回归效果（ R^2 ）差别不大（即 $|\Delta R^2| \leq 0.1$ ）时，对模型形式选择的优先次序为幂函数>线性函数>二次函数；其次从模型回归效果的角度，优先选择样本量较大、 R^2 较高的模型；最后从模型通用性的角度考虑，优先选择自变量较少且容易准确测量的模型。

4. 模型质量

由于时间跨度大、调查测定方法不一、模型构建方法多样等，灌木生物量模型之间存在较大差异，甚至可能夹杂了人为失误（如印刷错误）。为保证模型的合理性，笔者使用以下方法对模型质量进行了检验，具体方法如下。

（1）将原文提供的灌木形态特征指标带入模型计算生物量，计算结果同原文提供的生物量值相比较。

（2）兼顾生物量在不同器官间分配比例的合理性。如果模型估算值与原文记录的实测值相差较大，或生物量在不同器官间的分配比例异常，则需根据林学和生态学的专业知识（如生境条件）判断模型的合理性，不合理的予以剔除。

基于以上4条筛选标准，笔者共筛选出42篇关于灌木生物量模型研究的文献，整理出404个生物量模型，包含了156个灌木物种。数据集主要包括研究区域、物种名称、模型适用范围（株高、基径、冠幅、冠幅面积、地上干重、总干重等）、模型形式、模型系数、模型统计信息、模型验证信息及数据来源等信息。

1.1.2 模型适用范围的确定

理论上，任何生物量模型都需要给出其可以使用的自变量取值范围，这是因为经验模型一旦偏离了其可适用的自变量范围将会大大降低模型预测的准确性。由于一些客观原因，并非所有文献都提供了模型的适用范围。因此，对缺失适用范围的模型，可采用以下办法进行处理。

- (1) 若原文提供了灌木样本木个体大小（如基径、株高、冠幅、地上干重、植株总干重等）的范围（最小值~最大值，min~max），则将其作为模型的适用范围。
- (2) 若原文仅提供了灌木样本木个体大小的平均值（mean）和标准偏差（SD），则将 $\text{mean}\pm\text{SD}$ 的值作为模型适用范围的参考。
- (3) 若原文以散点图形式（器官生物量-基径、株高或冠幅等）间接给出自变量的范围，则采用数字化软件（Getdata Graph Digitizer v.2.25）提取模型的适用范围。

1.2 中国灌木生物量模型研究现状

通过调研 1982~2016 年公开发表和待发表的中国灌木生物量模型，笔者共筛选、整理出 42 篇文献，用于构建中国灌木生物量模型数据库。1989~2016 年，灌木生物量模型研究总体上呈增长态势，其中 1993 年、2001 年、2006 年和 2015 年 4 个年度的模型记录数出现高峰，分别达到 16 条、26 条、28 条和 52 条（图 1.1）。特别是 2011~2016 年，模型记录数占到总条数的 49.3%。

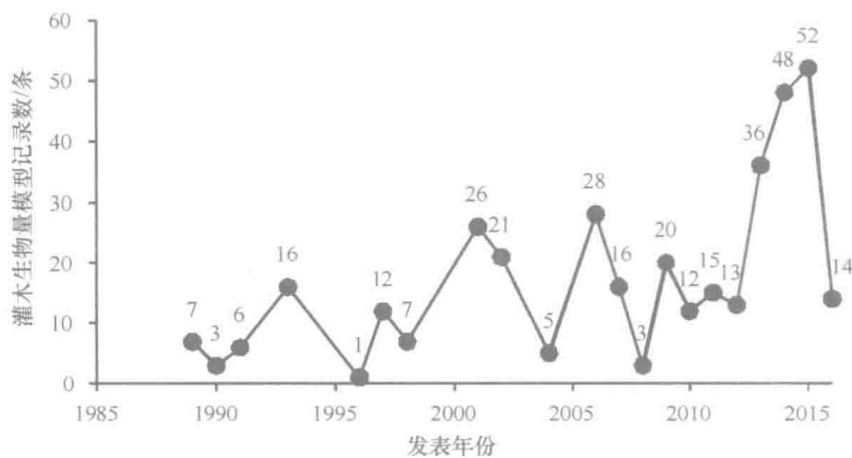


图 1.1 1989~2016 年中国灌木生物量模型记录数的变化

已发表的灌木生物量模型所包含的灌木物种仅分布于 13 个省（自治区、直辖市），共 39 个研究区。研究区主要集中在内蒙古（12 个）、山西（6 个）和新疆（6 个），占到研究区总数的 62.0%；模型记录主要集中于内蒙古（86 条）、山西（61 条）、江西（51 条）和新疆（43 条），占模型记录总数的 65.0%，其他省（自治区、直辖市）的模型记录则相对较少，均不超过 30 条（图 1.2）。

按优势灌木物种统计，生物量模型记录数达到 5 条及以上的灌木物种有 27 种，占单物种模型记录总数的 53.2%，其中梭梭（17 条）、黄刺玫（15 条）、柠条锦鸡儿（12 条）、怪柳（10 条）和红砂（10 条）模型记录数位列前五，占单物种模型记录总数的 17.7%（表 1.1）。

模型形式以幂函数和线性函数为主,二次函数和指数函数较少,其中幂函数占 69.5% (258 条),线性函数占 21.8% (81 条),二次函数占 7.0% (26 条),指数函数占 1.6% (6 条)。所有模型中,75.2%的模型 (279 条) 记录了模型的适用范围,93.5%的模型 (347 条) 是基于 5 株及以上的样本木构建的,6.5%的模型 (24 条) 未提供参与建模的样本木数。

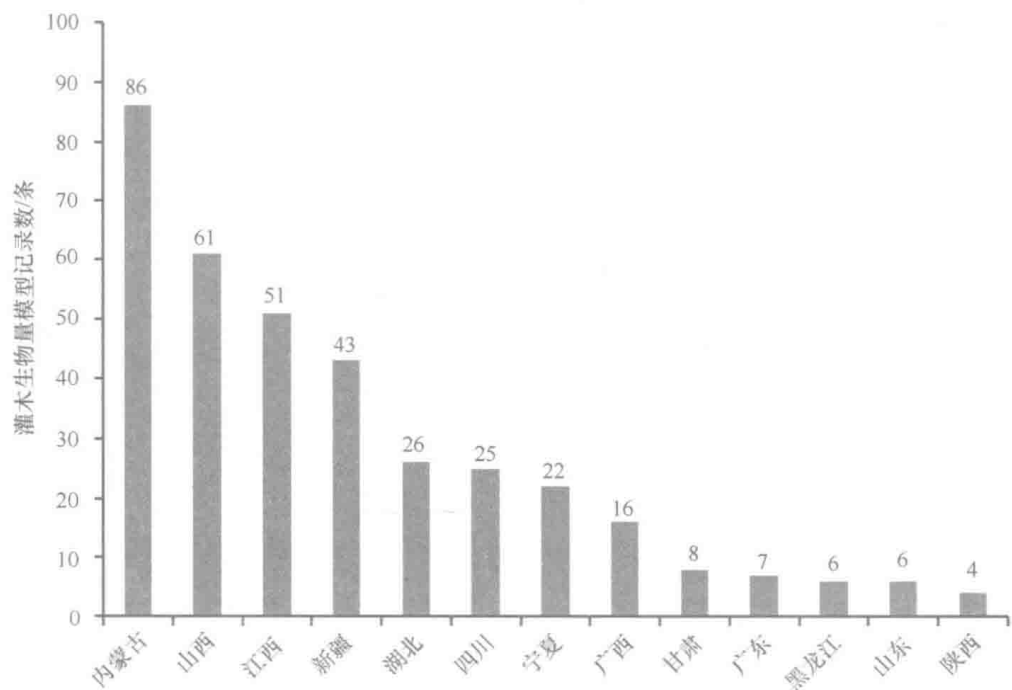


图 1.2 中国灌木生物量模型在各省（直辖市、自治区）的记录数

表 1.1 生物量模型记录数大于或等于 5 条的灌木物种

优势种名	记录数/条	优势种名	记录数/条	优势种名	记录数/条
梭梭	17	美丽胡枝子	7	灰毛浆果楝	5
黄刺玫	15	盐爪爪	7	檵木	5
柠条锦鸡儿	12	虎榛子	6	轮叶蒲桃	5
怪柳	10	黄荆	6	三裂绣线菊	5
红砂	10	中间锦鸡儿	6	土庄绣线菊	5
荆条	9	川滇高山栎	5	驼绒藜	5
北沙柳	8	峨眉蔷薇	5	野花椒	5
黑沙蒿	7	豪猪刺	5	珍珠猪毛菜	5
马桑	7	红背山麻杆	5	梔子	5

灌木各器官的模型记录数差异很大，总生物量的模型记录数最多，地上、地下、茎、叶生物量的模型较多，当年枝、皮、果的生物量模型较少（表 1.2）。

表 1.2 灌木各器官生物量模型记录条数

器官	记录数/条
叶	45
当年枝（当年枝叶、细枝）	30
茎（茎枝、老枝、粗枝）	49
皮	5
果	1
地上	89
地下	54
整株	98
合计	371

已发表的模型中，共 361 条是关于单物种的生物量模型，占比 97.3%。仅有 10 条是尝试建立了适用于特定区域的混合物种通用模型，占模型记录总条数的 2.7%。

1.3 中国灌木生物量调查和模型构建

现有的灌木生物量模型不足以估算我国常见灌木的生物量。基于中国灌丛生态系统 738 个样点的观测和测试数据，“灌丛课题”构建了中国常见灌丛优势种的生物量模型。通过自举法（bootstrap）随机重抽样（random resampling）结合交叉验证（cross validation）的方法进行了模型变量的筛选和模型函数形式的确定，并评估了模型的拟合优度和预估精度。

根据个体的枝干形态，可将灌木划分为 3 种类型：类型 a 为分枝明确、枝干离散可数的灌木，由其所构成的灌丛生态系统在《灌丛生态系统固碳研究的野外调查与室内分析技术规范》（简称《规范》）中称为“类型 A”；类型 b 为分枝不明确、枝干混杂蔓生的灌木，由其所构成的灌丛生态系统在《规范》中称为“类型 B”；类型 c 为分枝不明确、枝干成簇成团的灌木，由其所构成的灌丛生态系统在《规范》中称为“类型 C”（谢宗强和唐志尧，2015）。对类型 a 和类型 c 的灌木，分别选取最佳的预测变量，构建生物量模型。对于类型 b 的灌木，由于难以准确测量其基径、株高、冠幅等测树指标，其生物量通过收获法获得，本手册未涉及。

根据每个物种的样本木数量，建立单物种模型（species-specific model）或分区域的混合物种通用模型（mixed-species model），区域划分参照 1：100 万中国植被图中的植

被区划。模型函数形式选择最简单且最具生物学意义的幂函数和一般线性函数。

1.3.1 样地设置

以 1:100 万中国植被图为基础,依据不同群系灌丛的面积分布比例,采用分层随机抽样方法,在全国共设置 738 个调查样地。设置样地时,要保证群落内部物种组成、群落结构和生境相对均匀。对类型 a 的灌木,在每个样地的代表性地段设置 3 个投影面积为 $5\text{ m}\times 5\text{ m}$ 的样方;对类型 c 的灌木,在每个样地的代表性地段设置 3 个投影面积为 $10\text{ m}\times 10\text{ m}$ 的样方。样方边缘间距最小为 5 m,最大不超过 50 m。

1.3.2 灌木类型的划分

分别以前述根据个体的枝干形态所划分的类型 a 和类型 c 两类灌木各物种的分布区域和样本木调查数量,作为建立单物种模型和区域混合物种通用模型的依据:对样本木不少于 16 株(丛)的物种建立单物种模型,对样本木不足 16 株(丛)的物种按照其所分布的植被分区建立区域通用的混合物种模型,并将混合物种模型作为区域内其他未采样的灌木物种生物量估算的参考。

1.3.3 样本木生物量测定

2011~2013 年,在植被生长最旺盛的 7~10 月调查记录灌木优势种种名、群系类型、经纬度、海拔、坡度、坡向等信息,并选取生长状况良好、无人为破坏、无动物采食的植株作为样本木,利用收获法进行采样。

对类型 a 的灌木,在样方周围对灌木优势种按不同的基径等级,每个等级选取 3~5 株,测量每株样本木的基径 D (距地面 5 cm 处的树干直径)、高度 H ;对类型 c 的灌木,在样方周围对灌木优势种按不同的冠幅等级,每个等级选取 3~5 丛,测量每丛样本木的高度 H 和冠幅长轴 L_1 及与之垂直的冠幅短轴 L_2 。然后将样本木整株(丛)挖出,深度为地下所达深度,齐地面处分割为地上部分和地下,地上部分按茎干、当年枝、叶片、花果分开,现场称量各组分鲜重(精确到 0.01 g)。

对类型 a 的灌木的样本木,每个分枝当作一株处理,其地下生物量按地上部分 D^2H 的相对比例进行拆分。在每个样地内,对所调查样本木的各组分按物种称取多个个体的混合样品各 200 g 存入自封袋,做好标记,带回实验室。 65°C 恒温烘箱中烘干至恒重,称量各样品干重(精确到 0.01 g),计算各组分的干物质比例,即各组分干重占鲜重的百分比,通过干物质比例换算出样本木各组分的干重,累加获取个体干重。各灌木物种的样本木生长状况良好,能够反映其在研究区的生长状况,具有代表性。样本木个体大小跨度大,涵盖了灌木幼苗和成熟个体。

1.3.4 灌木生物量模型的建立及有效性评估

1. 灌木生物量模型的建立

灌木生物量模型分 4 种类别进行拟合，分别对类型 a 和类型 c 的灌木拟合单物种模型，并参照 1：100 万中国植被图中的植被区划，在寒温带针叶林区域，温带针叶、落叶阔叶混交林区域，暖温带落叶阔叶林区域，亚热带常绿阔叶林区域，热带季风雨林、雨林区域，温带草原区域，温带荒漠区域和青藏高原高寒植被区域（中国科学院中国植被图编辑委员会，2001）共 8 个区域构建通用模型。

类型 a 的灌木模型自变量为基径（cm）平方与株高（m）的乘积（ D^2H ），类型 c 的灌木模型自变量为冠幅投影面积（ A_c ）或冠幅投影体积（ V_c ）：

$$A_c = \pi (L_1 \times L_2) / 4 \tag{1.1}$$

$$V_c = A_c \times H \tag{1.2}$$

模型类型优先采用相关生长法，即幂函数拟合生物量模型。根据灌木生长过程中相关变量之间的协调增长规律，其相关生长关系可表示为

$$Y = a \times X^b \tag{1.3}$$

经对数转换为更常用的线性函数形式：

$$\ln Y = \ln a + b \times \ln X \tag{1.4}$$

式中， Y 表示个体干重； X 表示用于估算个体干重的自变量； $\ln$ 为自然对数； a 为回归方程常数； b 为相对生长尺度系数。

在幂函数模型的拟合优度和预估精度无法满足要求时，拟合一般线性函数：

$$Y = a + b \times X \tag{1.5}$$

式中， Y 表示个体干重； X 表示用于估算个体干重的自变量； a 、 b 分别为回归方程的截距和斜率。

生物量模型的建立均使用 R 统计分析软件中的线性回归函数，用普通最小二乘（OLS）法进行拟合，并求解模型参数。对幂函数模型，还需使用标准误修正因子 cf 对由对数转换可能造成的结果低估进行修正。

2. 模型有效性评估

生物量模型的有效性评估包括对拟合优度和预估精度的分析。所有样本木数据按比例随机分配为建模样本（75%）和验证样本（25%），建模样本用来拟合模型并获取拟合优度的评价指标，验证样本用来分析模型的预估精度。

根据显著性检验 P 值、调整的决定系数 R^2 （ $adj-R^2$ ）、适合指数（FI）、均方根误差（RMSE）等指标评估模型的拟合优度；将模型估测值和验证样本的实测值拟合不含截距项的一般线性回归，根据回归斜率（ b ）、显著性检验 P 值、 R^2 （ $adj-R^2$ ）、RMSE、相对误差（RE）等来评估模型的预估精度。

$$R^2_{(P)} = 1 - \sum(\ln Y_i - \ln \hat{Y}_i)^2 / \sum(\ln Y_i - \ln \bar{Y})^2 \quad (1.6)$$

$$FI = 1 - \sum(Y_i - \hat{Y}_i)^2 / \sum(Y_i - \bar{Y})^2 \quad (1.7)$$

$$SEE = [\sum(\ln Y_i - \ln \hat{Y}_i)^2 / (n-2)]^{1/2} \quad (1.8)$$

$$cf = \exp(SEE^2 / 2) \quad (1.9)$$

$$R^2_{(L)} = 1 - \sum(Y_i - \hat{Y}_i)^2 / \sum(Y_i - \bar{Y})^2 \quad (1.10)$$

$$adj-R^2_{(P/L)} = R^2_{(P/L)} - (1 - R^2_{(P/L)}) \times (p/n - p - 1) \quad (1.11)$$

$$RMSE = (\sum(Y_i - \hat{Y}_i)^2 / n)^{1/2} \quad (1.12)$$

$$RE = \sum(\hat{Y}_i - Y_i) / \sum Y_i \quad (1.13)$$

式中, Y_i 为第 i 个植株的干重实测值; $\hat{Y}_i$ 为第 i 个植株的干重估测值; $\bar{Y}$ 为植株干重的平均值; n 为样本个数; p 为参数个数; (P/L) 表示幂函数模型或一般线性函数模型; SEE 为估算值的标准误差。

从建立各类型模型的样本木中随机选取 10% 作为模型的独立检验数据集。利用自举法重抽样结合交叉验证, 将剩余的 90% 的样本木采用随机抽样的方法, 按比例分割为训练数据集 (75%) 和检验数据集 (25%), 抽样试验重复 1000 次, 每次都用训练数据集获取模型参数和拟合优度的评价指标, 用检验数据集获取模型预估精度的评价指标。

生物量模型参数、拟合优度和预估精度的评价指标为 1000 次随机试验结果对应的平均值。通过对模型拟合优度和预估精度的综合分析, 筛选出最优的生物量模型。最后, 使用 10% 的独立检验数据集检验模型在单次应用中的预估精度。

1.3.5 建模结果

1. 类型 a 的灌木生物量模型

通过对 22 个省 (自治区、直辖市) 的 593 个调查样地中 279 种灌木的 4875 株样本木生物量数据进行拟合, 共建立生物量模型 67 组 (317 条), 其中单物种模型 62 组 (304 条), 区域通用的混合物种模型 5 组 (13 条)。

可用于建立单物种模型的灌木有 63 种, 包含样本木 3705 株, 来源于 21 个省 (自治区、直辖市) 的 474 个样地, 单物种生物量模型中幂函数模型 193 条, 线性函数模型 111 条; 用于建立区域通用混合物种模型的灌木有 216 种, 包含样本木 1170 株, 来源于 7 个植被分区的 19 个省 (自治区、直辖市) 的 244 个样地, 区域通用混合物种模型中幂函数模型 6 条, 线性函数模型 7 条。

地下生物量模型以地上部分生物量为自变量, 其他各器官生物量模型均以 D^2H 为自变量。所有单物种模型的变量间回归关系都达到显著 ($P < 0.05$) 或极显著 ($P < 0.01$) 水平, 幂函数模型的拟合指数 FI 均值为 0.64, FI 达到 0.8 及以上的模型有 56 条, 占单物种模型总数的 18.4%; 线性函数模型的 R^2 均值为 0.75, R^2 达到 0.8 及以上的模型有 60

条，占单物种模型总数的 19.7%。所有单物种模型在精度验证中估测值和实测值的拟合斜率 (b) 的均值为 0.96, R^2 均值为 0.85, RE 均值为-4.99%，建模和验证中的 RMSE 接近，模型无过度拟合。

所有区域通用的混合物种模型的变量间回归关系都达到显著 ($P<0.05$) 或极显著 ($P<0.01$) 水平，幂函数模型的拟合指数 FI 均值为 0.68, 线性函数模型的 R^2 均值为 0.63。所有混合物种模型在精度验证中估测值和实测值的拟合斜率 (b) 的均值为 0.87, R^2 均值为 0.75, RE 均值为-5.6%，建模和验证中的 RMSE 接近，模型无过度拟合。

桃金娘、麻栎和麻叶绣线菊 3 个物种，或因样本木数据过度离散，或因样本量过少而无法建立较完整的各组分生物量模型。对于桃金娘和麻栎，仅能通过地上、地下生物量间的回归关系建立估算地下生物量的模型，而其他各组分的生物量模型均无法建立；对于麻叶绣线菊，所有组分的生物量模型均无法建立。

在区域通用混合物种模型中也存在类似的问题：对于暖温带落叶阔叶林区域、温带草原区域、温带荒漠区域，仅能通过地上、地下生物量间的回归关系建立估算地下生物量的模型，而其他各组分的生物量模型均无法建立。

2. 类型 c 的灌木生物量模型

通过对 5 个省（自治区、直辖市）的 143 个调查样地中 69 种灌木的 1110 丛样本木生物量数据进行拟合，共建立模型 32 组（163 条），其中单物种模型 28 组（145 条），区域通用混合物种模型 4 组（18 条）。

可用于建立单物种模型的灌木有 28 种，包含样本木 923 株（丛），来源于 4 个省（自治区、直辖市）的 93 个样地，单物种生物量模型中幂函数模型 89 条，线性函数模型 56 条；用于建立区域通用混合物种模型的灌木有 41 种，包含样本木 187 株，来源于 4 个植被分区的 4 个省（自治区、直辖市）的 58 个样地，区域通用的混合物种模型中幂函数模型 6 条，线性函数模型 12 条。

地下生物量模型以地上部分生物量为自变量，其他各器官生物量模型均以 A_c 或 V_c 为自变量。所有单物种模型的变量间回归关系都达到显著 ($P<0.05$) 或极显著 ($P<0.01$) 水平，幂函数模型的拟合指数 FI 均值为 0.63, FI 达到 0.8 及以上的模型有 13 条，占单物种模型总数的 9.0%；线性函数模型的 R^2 均值为 0.77, R^2 达到 0.8 及以上的模型有 32 条，占单物种模型总数的 22.1%。所有单物种模型在精度验证中估测值和实测值的拟合斜率 (b) 的均值为 0.96, R^2 均值为 0.85, RE 均值为-3.85%，建模和验证中的 RMSE 接近，模型无过度拟合。

所有区域通用混合物种模型的变量间回归关系都达到显著 ($P<0.05$) 或极显著 ($P<0.01$) 水平，幂函数模型的拟合指数 FI 均值为 0.47, 线性函数模型的 R^2 均值为 0.54。所有混合物种模型在精度验证中估测值和实测值的拟合斜率 (b) 的均值为 0.88, R^2 均值为 0.73, RE 均值为-12.74%，建模和验证中的 RMSE 接近，模型无过度拟合。

对于亚热带常绿阔叶林区域，仅能通过地上、地下生物量间的回归关系建立估算地