

# 陕北黄土丘陵山地枣树生物量模型

余檀<sup>1,2</sup>, 汪有科<sup>1,2</sup>, 高志永<sup>1</sup>, 魏新光<sup>1</sup>, 董建国<sup>1</sup>

(1. 西北农林科技大学 水利与建筑工程学院, 陕西 杨凌 712100;

2. 中国科学院水利部 水土保持研究所, 陕西 杨凌 712100)

**摘要:** [目的] 探索一种在不损伤枣树条件下估算枣树生物量的方法, 为研究灌溉施肥与枣树生长关系提供技术支撑。[方法] 在大量实际测定调查数据的基础上, 用线性和非线性生物量模型分别对枣树枝条、枣吊、叶片及果实的生物量进行建模, 以相关系数  $R^2$ , 拟合指数  $W$ , 标准误  $SEE$ , 变异系数  $C_V$  和预估精度  $p$  作为模型的精度评价指标, 对模型进行了检验, 并对两类模型进行了对比分析。[结果] 线性模型适用于枝条生物量的预测,  $R^2$  为 0.980~0.984,  $p$  介于 0.909~0.926; 叶片生物量和枣吊生物量的最优模型为非线性模型,  $R^2$  介于 0.880~0.943,  $p$  介于 0.897~0.976; 果实生物量最优模型为二元非线性模型,  $R^2$  为 0.999,  $p$  为 0.998; 枝条、叶片和枣吊的鲜重与干重的比例系数分别为 2.085, 2.854 和 2.675; 单个枣吊长度和枣吊上的叶片数目呈现出良好的一元线性关系,  $R^2$  达到 0.88。[结论] 本研究中使用的枣树生物量模型的模拟精度较高。

**关键词:** 枣树; 生物量; 建模; 非线性模型; 线性模型

文献标识码: A

文章编号: 1000-288X(2015)03-0311-06

中图分类号: S11, S66

DOI:10.13961/j.cnki.stbctb.2015.03.063

## Biomass Models for Jujube in Loess Hilly Mountain of Northern Shaanxi Province

SHE Tan<sup>1</sup>, WANG Youke<sup>1,2</sup>, GAO Zhiyong<sup>1</sup>, WEI Xinguang<sup>1</sup>, DONG Jianguo<sup>1</sup>

(1. College of Water Resources and Architectural Engineering, Northwest Agricultural

and Forestry University, Yangling, Shaanxi 712100, China; 2. Institute of Soil and Water

Conservation, Chinese Academy of Sciences, Ministry of Water Resources, Yangling, Shaanxi 712100, China)

**Abstract:** [Objective] In order to provide useful technical support for performance evaluation of irrigation and fertilization in jujube plantations, a jujube shoot biomass estimation method without damaging trees was explored. [Methods] Based on a large number of measurements, both linear models and non-linear models were used to estimate the biomass of branches, hangings, fruits and leaves for jujube. In addition, these models were evaluated and compared according to the correlation coefficient ( $R^2$ ), fit index ( $W$ ), Standard error ( $SEE$ ), coefficient of variation ( $C_V$ ) and forecast accuracy ( $p$ ). [Results] The linear models exhibited a superior performance for branch biomass modeling with  $R^2$  ranged from 0.980 to 0.984,  $p$  ranged from 0.909 to 0.926. While, non-linear models were more suitable for hanging and leaf biomass modeling ( $R^2$  was between 0.880 and 0.943,  $p$  ranged from 0.897 to 0.976). The optimal fruit biomass model is the dual non-linear model (the  $R^2$  is 0.999 and  $p$  is 0.998). The ratio of fresh and dry weight for branch, hanging and leaf was 2.085, 2.675 and 2.854, respectively. A good linear relationship was showed between the length of a single jujube hanging and the number of leaves on it ( $R^2$  reaches 0.88). [Conclusion] In this reserch, the simulation precision of the jujube tree biomass model was higher.

**Keywords:** jujube; biomass; modeling; nonlinear model; linear model

收稿日期: 2014-04-13

修回日期: 2014-05-17

资助项目: 国家科技支撑计划课题“西北干旱半干旱农业区大学农业科技服务模式关键技术集成与示范”(2013BAD20B03); 陕西省科技统筹创新工程计划课题“山地红枣旱作优质高效栽培技术集成与示范”(2013KTZB02-03-02); 国家支撑计划课题: “西北生态脆弱区经济作物高效用水关键技术研究示范”(2011BAD29B04)

第一作者: 余檀(1990—), 女(汉族), 甘肃省古浪县人, 硕士, 研究方向为枣林地节水理论和水肥管理技术及枣产品加工开发。E-mail: shetan1214@163.com。

通信作者: 汪有科(1956—), 男(汉族), 甘肃民勤人, 本科, 研究员, 博士生导师, 主要从事水土保持、节水灌溉、山地经济生态林建设等研究。E-mail: gjzwyk@vip.sina.com。

准确估算林木生物量是世界生态学家和林学家关注的重点<sup>[1]</sup>,生物量也是我们进行水分生产效率评价的重要指标。为了减少树木的损毁采用生物估算模型是一条十分重要的途径。生物量模型估算法是利用林木易测因子来推算林木生物量,是一种有效测定林木生物量的方法<sup>[2]</sup>。目前为止,可以采用的生物量模型包括线性模型、幂函数模型、多项式模型和指数函数模型等<sup>[3]</sup>,但模型因树种不同而表现出差异性。

国内外研究者在研究方法上普遍采用的是,按林木各分量(干、枝、叶、根)分别进行选型,确定模型后根据各分量实际观测数据分别拟合各自方程中的参数,即独立进行各分量之间干重的估计。国内外关于生物量模型研究多集中于大尺度的森林生态系统,而对于枣树单株生物量回归模型及总生物量的相关研究鲜见报道。

在陕北,红枣种植面积已达  $9.33 \times 10^4 \text{ hm}^2$ ,已成为黄土高原丘陵半干旱区退耕还林的主要经济树

种,群众经济收入的主要来源<sup>[4]</sup>,解决不损毁枣树枝条能估算枝条生物量的问题是进行水分高效利用研究的重要途径,研究枣树枝条、叶片及果实生物量的动态变化可以为枣林定量灌溉施肥提供直接依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究地概况

本次试验于米脂县银州镇孟岔村“陕北山地红枣集雨微灌工程技术研究与示范基地”中进行。该区域属典型的黄土丘陵沟壑区,地貌主要为峁、梁、沟、川,海拔  $843.2 \sim 1\,252.5 \text{ m}$ ,北纬  $37^\circ 40' \sim 38^\circ 06'$ ,东经  $109^\circ 49' \sim 110^\circ 29'$ 。试验区土壤以黄土母质上发育的黄绵土为主,土质均一,渗透性能良好。试验地属中温带半干旱性气候区,年平均气温  $8.5 \text{ }^\circ\text{C}$ ,极端最高温  $38.2 \text{ }^\circ\text{C}$ ,极端最低温  $-25.5 \text{ }^\circ\text{C}$ ,无霜期 162 d。全年雨量不足,气候干燥,年平均降水量  $451.6 \text{ mm}$ ,主要集中在 7—9 月,年最大降水量  $704.8 \text{ mm}$ ,年最小降水量  $186.1 \text{ mm}$ <sup>[5]</sup>。研究区枣树基本情况见表 1 所示。

表 1 样地林分基本特征

林分类型	树龄/a	平均树高/m	平均直径/mm	平均冠幅/m	水肥管理	株行距/m	产量/(kg·hm <sup>-1</sup> )
参数值	5	$2.23 \pm 0.24$	$42.5 \pm 3.2$	$1.92 \pm 0.22$	有	2×3	14 550

### 1.2 数据采集

于 2013 年 7 月在试验地选择 4~5 a 生枣树群,采用随机抽样法采集样本。枝条采集以 10~15 mm 为长度间隔,共分为 45 个区间,每个区间采集数据 3 组,共得到数据 135 组,区间 3 组数据取平均值为此长度段枝条最终长度,共得到有效数据 45 组,长度区间介于 85~750 mm,其中 25 组数据用于建立模型,20 组数据用于检验模型。枣吊采集方法类同与枝条采集,以 10 mm 为长度间隔,共分为 62 个区间,由于此长度间隔较小,划分较细,故每个区间采集 2 组数据取平均值得到此段枣吊最终长度,共得到数据 62 组,40 组用于建立模型,22 组用于检验模型。树叶采集以叶片纵径和横径为指标,得到 40 组有效数据,20 组用于校核,20 组用于检验。分别测量枝条枝径  $D_1$ ,长度  $H_1$ ,枣吊长度  $H_2$ ,枝径  $D_2$ ,单枝上的叶片数目  $M$  以及平均大小叶片的纵径  $Z$  和横径  $T$ (每个枣吊分别在两端和中部共取 3 个叶片取平均值作为此枣吊叶片大小)。枣果从纵横径 10 mm 开始测量其径的变化,并对各种径级的果实称重,以求得枣果实重量与直径的关系。

各部分生物量用称重法测定,精确到 0.01 g。利用烘干法测定各组分干重。烘干时,烘箱先以  $105.5 \text{ }^\circ\text{C}$  持续 30 min,然后以  $70.5 \text{ }^\circ\text{C}$  持续 8 h 后称

重得到各组分干重。

### 1.3 研究方法

覃世杰通过林分胸径树高数据判定认为柳杉单株地上各器官与  $D^2H$  或  $D$  存在线性和指数函数的回归关系,并最终获得了较好的模型。因此本文借鉴此种认识,初步认为单株枣树地上各器官生物量与  $D^2H$  或  $D$  存在线性和指数函数的回归关系<sup>[2]</sup>,枝条生物量的估算模型便以  $D^2H$  或  $D$  为变量因子进行建模。另外,参考王维枫等<sup>[2]</sup>提出的线性和非线性模型,以及曾伟生和唐守正<sup>[3]</sup>提出的立木生物量模型的 3 种结构形式,针对枣吊建立不同的线性和非线性模型进行建模尝试,变量因子有  $D, H, D^2H, M$ (单个枣吊叶片数目)以及  $S$ (叶片纵径与横径乘积),最终选出合理的估算模型。单叶片和单果都分别以叶片纵径、横径和果实纵径、横径为变量因子通过非线性模型和线性模型分别进行模型的建立和筛选。所有模型结构见表 2。为得到模型中相关参数,利用部分实测数据,采用 SPSS 软件对其进行拟合,求解参数。为评估模型对生物量估算的准确性,利用剩余独立数据对其进行检验,另外,以相关系数  $R^2$ ,拟合指数  $W$ ,标准误 SEE,变异系数  $C_V$  和预估精度  $p$  作为模型精度的评价指标<sup>[3]</sup>,确定最优模型结构(表 2)。

表 2 17 种模型结构

模型类型	序号	模型	自变量
多元非线性模型	1	$W = a_0 D^{a_1} H^{a_2}$	$D, H$
	2	$W = a_0 (D^2 H)^{a_1}$	$D^2 H$
	3	$W = a_0 D^{a_1}$	$D$
	4	$W = a_0 D^{a_1} H^{a_2} M^{a_3} S^{a_4}$	$D, H, M, S$
	5	$W = a_0 (D^2 H)^{a_1} M^{a_2} S^{a_3}$	$D^2 H, M, S$
	6	$W = a_0 D^{a_1} H^{a_2} M^{a_3}$	$D, H, M$
	7	$W = a_0 (D^2 H)^{a_1} M^{a_2}$	$D^2 H, M$
	8	$W = a_0 Z^{a_1} T^{a_2}$	$Z, T$
	9	$W = a_0 (Z^2 T)^{a_1}$	$Z^2 T$
	10	$W = a_0 Z^{a_1}$	$Z$
	11	$W = a_0 D_1^{a_1} D_2^{a_2}$	$D_1, D_2$
	12	$W = a_0 (D_1^2 D_2)^{a_1}$	$D_1^2 D_2$
线性模型	13	$W = a_0 D + b$	$D$
	14	$W = a_0 (D^2 H) + b$	$D^2 H$
	15	$W = a_0 Z + b$	$Z$
	16	$W = a_0 (Z^2 T) + b$	$Z^2 T$
	17	$W = a_0 (D_1^2 D_2) + b$	$D_1^2 D_2$

注:  $W$  为各器官生物量(g);  $D, H$  为枝条、枣吊枝径(mm)和长度(mm);  $M$  为单个枣吊上叶片数目(个);  $S$  为叶片纵径和横径的乘积( $\text{mm}^2$ );  $Z$  为叶片纵径(mm);  $T$  为叶片横径(mm);  $D_1$  为果实横径(mm);  $D_2$  为果实纵径(mm)。  $a_0, a_1, a_2, a_3, a_4$  为拟合系数, 系数通过 SPSS 软件拟合得出。模型 1, 2, 3, 13, 14 引自文献[2], 依据参考模型, 涉及到  $M, S, Z, T, D_1, D_2$  的其余模型均为自建模型。

## 2 结果与分析

### 2.1 枝条生物量分析

枝条生物量只关联枝长  $H$  和枝径  $D$  两个实测因子。本文运用一、二元非线性模型 1, 2, 3 和一元线性模型 13, 14 来进行生物量方程的建立。

从表 3 中枝条鲜重模型的评价指标可以得出, 只有非线性模型 1 ( $W_{\text{枝条鲜重}} = 0.002 D^{1.564} H^{1.016}$ ) 和线性模型 14 [ $W_{\text{枝条鲜重}} = 0.0008(D^2 H) + 0.3773$ ] 的  $R^2$  和  $p$  都达到了 0.9 以上, 线性模型 13 的拟合效果相对最差。究其原因, 线性模型 13 只考虑了枝径 1 个变量的一元线性模型, 而枝长对于枝条生物量应有更大影响, 所以线性模型 13 的拟合效果比较差。

再通过表 3 中干重模型的评价指标分析模型的拟合效果, 非线性模型 1, 2 与线性模型 14 的  $R^2$  都为 0.98, 对比  $p$ , 只有线性模型 14 [ $W_{\text{枝条干重}} = 0.0008(D^2 H) - 1.5122$ ] 达到了 0.90, 所有模型的 SEE 和 CV 相当。

表 3 枝条模型评价指标

模型	评价指标									
	$R^2$		$W$		SEE		$C_v$		$p$	
	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重
1	0.98	0.98	0.978	0.937	1.349	0.439	0.737	0.736	0.926	0.84
2	0.985	0.98	0.963	0.94	0.932	0.443	0.74	0.736	0.884	0.845
3	0.901	0.87	0.951	0.928	0.947	0.461	0.708	0.719	0.875	0.84
13	0.854	0.839	0.92	0.892	0.859	0.411	0.661	0.661	0.841	0.809
14	0.984	0.977	0.981	0.987	1.019	1.509	0.759	0.913	0.919	0.949

### 2.2 叶片生物量相关分析

2.2.1 单叶片生物量分析 叶片生物量的研究通过实测叶片纵径  $Z$  和叶片横径  $T$  来实现模型的建立和检验。涉及到两个实测因子, 因此本次应用一、二元非线性模型和线性模型来进行拟合方程的建立。见表 2 中模型 8, 9, 10, 15 和 16。

可以从表 4 中看出, 叶片鲜重的非线性模型 8 ( $W_{\text{叶片鲜重}} = 4.568 E - 5 Z^{1.374} T^{0.901}$ ) 在 5 个评价指标方面都相对最好, 类似的优势也可以在叶片干重中看到。可以发现无论是叶片鲜重还是干重, 一元模型的拟合效果明显差于二元模型, 可见, 叶片纵径和横径对于叶片重量的影响是互相牵制的。

2.2.2 枣吊长度与叶片数量相关性分析 为了计算单个枣吊上所有叶片的总生物量, 利用一元线性关系, 采用部分实测数据建立单个枣吊长度与枣吊叶片

数量的回归方程, 同时利用剩余实测数据检验回归方程预测叶片数目的准确性, 其结果见图 1 和图 2。

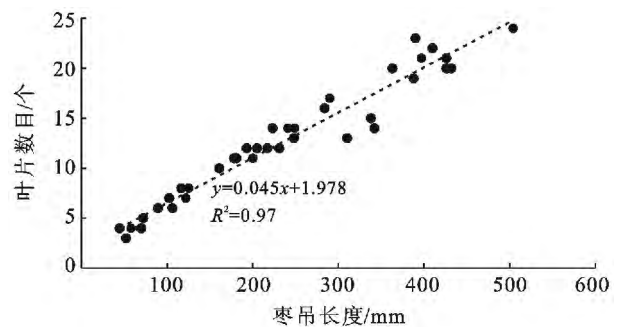


图 1 枣吊长度与叶片数目的回归方程

由图 1 和图 2 可以看出, 枣吊长度与单个枣吊叶片数目呈现良好的线性关系, 其相关系数达到 0.88 以上。

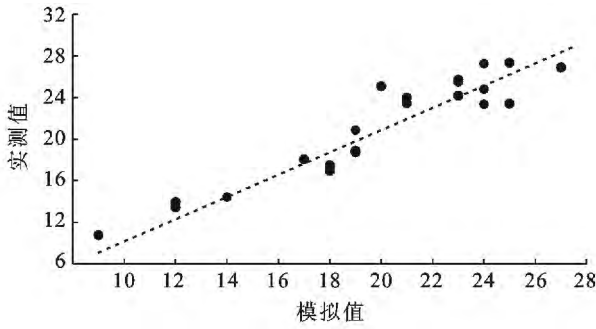


图 2 回归方程的检验 ( $R^2 = 0.88$ )

2.2.3 枣吊生物量分析 枣吊的生物量分为两种类型来进行建模,分别为枣吊鲜重和枣吊干重。枣吊生物量与较多的变量具有相关性,如枣吊长度  $H$ ,枣吊直径  $D$ ,单枝叶片数  $M$  以及叶片大小,利用多元非线性关系和线性关系来建立模型,并利用 SPSS 软件求解参数,通过建立枣吊模型评价指标(表 5),果实鲜重模型评价指标表 6 和表 7 为枣吊鲜重和枣吊干重的拟合回归模型进行分析。

表 4 叶片模型评价指标

模型	评价指标									
	$R^2$		$W$		SEE		$C_V$		$p$	
	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重
8	0.922	0.88	0.97	0.93	0.037	0.013	0.379	0.382	0.935	0.897
9	0.91	0.873	0.962	0.921	0.037	0.013	0.382	0.384	0.926	0.89
10	0.802	0.774	0.898	0.841	0.034	0.012	0.384	0.387	0.875	0.839
15	0.895	0.858	0.965	0.822	0.044	0.011	0.396	0.368	0.933	0.828
16	0.813	0.785	0.938	0.902	0.041	0.014	0.426	0.424	0.901	0.873

表 5 枣吊模型评价指标

模型	评价指标									
	$R^2$		$W$		SEE		$C_V$		$p$	
	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重	鲜重	干重
1	0.904	0.8	0.929	0.836	0.135	0.048	0.07	0.069	0.964	0.94
2	0.89	0.943	0.955	0.969	0.146	0.053	0.068	0.066	0.974	0.976
4	0.885	0.893	0.951	0.928	0.149	0.052	0.07	0.068	0.972	0.961
5	0.815	0.864	0.934	0.911	0.139	0.05	0.067	0.067	0.968	0.957
6	0.9	0.857	0.926	0.069	0.174	0.119	0.078	0.077	0.964	0.889
7	0.863	0.885	0.95	0.907	0.137	0.048	0.066	0.065	0.972	0.957
14	0.868	0.949	0.897	0.967	0.19	0.069	0.085	0.084	0.956	0.972

通过表 5 可以看出,所有拟合模型的  $p$  均达到了 95% 以上,比较  $R^2$ ,只有多元非线性模型 1 和 6 相关系数达到 0.9,因此拟合效果相对较好。此外,二者的 SEE 和  $C_V$  都很小,但模型 1 的 SEE 和  $C_V$  最小,而且模型 1 仅需 2 个实测的调查因子就能精准的估测出枣吊鲜重,从而减少生物量估测工作量,进而确定枣吊鲜重的拟合模型为非线性模型 1 ( $W_{\text{枣吊鲜重}} = 0.005 D^{1.02} H^{1.078}$ )。表 5 中干重模型的评价指标显示,一元非线性模型 2 ( $W_{\text{枣吊干重}} = 0.013 (D^2 H)^{0.711}$ ) 和线性模型 14 ( $W_{\text{枣吊干重}} = 0.001 2(D^2 H) + 0.332 5$ ) 的拟合效果明显好于其他,二者的  $R^2$  都达到了 0.94 以上,而且  $p$  也达到了 0.97 以上, $W$  大小相当,对 SEE 和  $C_V$ ,一元非线性模型 2 稍占优势。二者要求的实测调查因子都为枣吊长度和枝径,因此这两个模型都可以作为预测枣吊干重的最优模型。

2.3 果实生物量分析

果实生物量的研究通过实测果实纵径  $D_1$  和果实

横径  $D_2$  来实现模型的建立和检验。涉及到两个实测因子,本次应用一、二元非线性模型和一元线性模型来进行拟合方程的建立。见表 2 中模型 11, 12, 和 17。

从表 6 可以看出,3 种模型的拟合效果都非常好,尤其是非线性模型 11 ( $W_{\text{果实鲜重}} = 0.631 D_1^{3.601} E^{-8} D_2^{0.999}$ ),其  $R^2$ ,  $W$  以及  $p$  都将近达到了 1。对比之前其他器官的生物量模型,果实的生物量模型拟合效果是最好的,这与果实形状的规则性有很大的关系。

表 6 果实鲜重模型评价指标

模型	评价指标				
	$R^2$	$W$	SEE	$C_V$	$p$
11	0.999	0.999	0.654	0.116	0.998
12	0.995	0.999	0.660	0.117	0.996
17	0.970	0.991	0.646	0.114	0.993

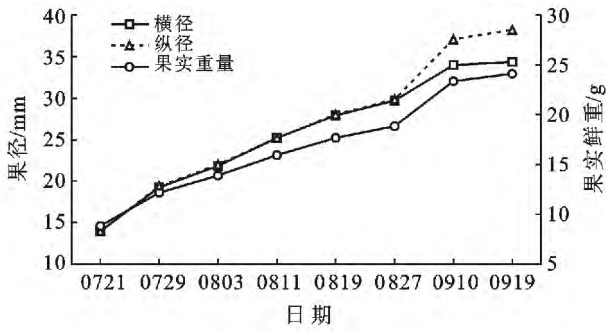


图 3 果径及果实鲜重动态变化

分析果径和果实鲜重的动态变化,结果如图 3 所示。果径变化与果实鲜重变化有着相同的趋势。增长速率在 8 月底到 9 月中旬突然增大,其他时间段基本以相同速率呈直线变化。有了果实生物量的模型,便可以在不摘枣的条件下对果实鲜重的动态变化进行研究。

### 2.4 应用实例分析

为了进一步验证模型在研究枣树枝条、叶片及果实生物量的动态变化中的实用性和可靠性,于 2013 年 9 月 19 日在陕北米脂县试验园随机选取 5 棵枣树计算其当年生物量,包括枝条、叶片和果实在此时刻的当年生物量。利用本文已得模型计算各器官的生物量模拟值,同时与实测值进行了对比,5 棵树生物量鲜重实测值与模拟值见表 7。

从表 7 中可以看出,枝条总生物量误差在 10% 以内,叶片总生物量误差在 9% 以内,果实总生物量误差在 8% 以内,枣树当年总生物量误差范围介于 4%~7%。由此可见,模型的模拟效果还是比较好的,在不破坏枣树各个器官的条件下,可以通过此模型计算枣树在各个生长阶段的当年生物量,从而研究其生物量的动态变化,为枣园定量灌溉施肥提供直接依据。

表 7 生物量鲜重实测值与模拟值的比较

树号	枝条				叶片				果实				总生物量		
	数目	模拟/g	实测/g	误差/%	数目	模拟/g	实测/g	误差/%	数目	模拟/g	实测/g	误差/%	模拟/g	实测/g	误差/%
1	15	501.09	477.53	4.93	4118	1 718.90	1 880.79	-8.61	337	7 462.80	6 916.52	7.90	9 682.79	9 274.84	4.40
2	13	437.64	399.26	9.61	4881	2 037.55	2 237.38	-8.93	361	7 976.14	8 573.75	-6.97	10 451.33	11 210.39	-6.77
3	15	873.72	884.32	-1.20	5429	2 266.25	2 139.63	5.92	354	8 108.31	8 719.14	-7.01	11 248.28	11 743.09	-4.21
4	15	585.07	558.28	4.80	5138	2 144.50	2 258.94	-5.07	367	8 025.71	8 523.24	-5.84	10 755.29	11 340.46	-5.16
5	16	608.30	573.29	6.11	5420	2 262.44	2 216.19	2.09	346	7 968.54	7 471.68	6.65	10 839.27	10 261.16	5.63

通过对陕北山地枣树的地上各组分生物量进行估算和比较分析,得出了枣树不同组分生物量的最佳模型(表 8)。枝条生物量只关联到枝长和枝径 2 个实测因子,用线性模型可以更好的估算其生物量,最终模型  $R^2$  介于 0.977~0.984,  $W$  介于 0.978~0.987,  $SEE$  介于 1.019~1.509,  $C_v$  介于 0.737~0.913,  $p$  介于 0.919~0.949;估算枣吊生物量时,最终得到的最优枣吊生物量模型,其  $R^2$  介于 0.904~0.949,  $W$  介于 0.929~0.969,  $SEE$  介于 0.053~0.135,  $C_v$  介于 0.066~0.084,  $p$  介于 0.964~0.976;叶片生物量的拟合相对比较简单,是由于只有叶片横径和纵径两个影响因子,最终得到其适用于非线性模型,  $R^2$  介于 0.880~0.922,  $W$  介于 0.930~0.970,  $SEE$  介于 0.013~0.037,  $C_v$  介于 0.379~0.382,  $p$  介于 0.897~0.935;对比所有器官的生物量模型,果实的生物量模型拟合最准确,3 种拟合模型的  $R^2$  都达到了 0.97 以上,预估精度  $p$  达到了 0.99 以上;单个枣吊长度和枣吊上的叶片数目呈现一元线性关系  $M=0.045H+1.978$ ,  $R^2$  达到 0.88。枣树不同组分生物量的最优模型如表 8。通过分析得出,枝条鲜重与干重比例系数

为 2.085,枣吊鲜重与干重比例系数为 2.675,叶片鲜重与干重比例系数为 2.854。

### 3 结论与讨论

本文中枣树生物量模型的拟合精度较高。在以往的生物量模型研究中,树冠、树枝、叶花果生物量模型优度相对较低<sup>[8-9]</sup>,而本文模型中选择了与枣树树枝、枣吊、叶片、果实生长关系密切的因子,从而使模型优度较高。进而可为陕北黄土高原半干旱区单木枣树生物量估算提供模型和方法的技术支撑,为陕北枣林生物量调查建模工作提供切实可行的参考依据。

文章对枣树地上部分主要器官的干重和鲜重进行了模拟。在对模拟结果检验时发现,枝条、枣吊和叶片各自的鲜重模型与其干重模型的标准误(SEE)值差异性较大。SEE 反映了样本平均数对总体平均数的变异程度,即抽样误差的大小<sup>[8]</sup>。检验枝条鲜重模型的 SEE 值为 1.019,而枝条干重的 SEE 值为 0.509,对于枣吊鲜重和干重模型而言,其 SEE 分别为 0.135 和 0.053,可见无论对于枝条还是枣吊,它们干重模型的预测精度要高于鲜重模型的预测精度。但

对比叶片鲜重模型与叶片干重模型的评价指标值可以发现,前者在精度和准确度上明显占有优势,究其原因,由于干燥叶片较轻,在单个称重时其相对误差较大,故造成这种现象的发生。

表 8 枣树不同器官最优生物量模型

器官	拟合方程	决定系数 $R^2$	预估精度 $p$
枝条(鲜重)	$W_{\text{枝条鲜重}} = 0.002 D^{1.564} H^{1.016}$	0.980	0.926
	或 $W_{\text{枝条鲜重}} = 0.0008(D^2 H) + 0.3773$	0.984	0.919
枝条(干重)	$W_{\text{枝条干重}} = 0.0008(D^2 H) - 1.5122$	0.977	0.949
枣吊(鲜重)	$W_{\text{枣吊鲜重}} = 0.005 D^{1.02} H^{1.078}$	0.904	0.964
	$W_{\text{枣吊干重}} = 0.013(D^2 H)^{0.711}$	0.943	0.976
枣吊(干重)	或 $W_{\text{枣吊干重}} = 0.0012(D^2 H) + 0.3325$	0.949	0.972
叶片(鲜重)	$W_{\text{叶片鲜重}} = 4.568 E - 5 Z^{1.374} T^{0.901}$	0.922	0.935
叶片(干重)	$W_{\text{叶片干重}} = 1.354 E - 5 Z^{1.436} T^{0.869}$	0.880	0.897
果实(鲜重)	$W_{\text{果实鲜重}} = 0.631 D_1^{3.601} E^{-8} D_2^{0.999}$	0.999	0.998

在此次的模型选择中,选择了生物量模型中普遍采用的线性模型和非线性模型,得到 17 种模型结构和 9 种自变量形式。模型中不仅选择了常用自变量  $D, D_2, H, DH, D^2 H$ <sup>[6]</sup>,此外,考虑到枣树树体相对较小,生物量研究可以更加细微,故本次研究中增加了  $M, Z, T, S, D_1$  和  $D_2$  这 6 个自变量。结果表明,线性模型与非线性模型相比,线性模型更能精确的预测枝条生物量,而非线性模型对于预测叶片、枣吊和果实生物量具有较高的精度。此外,枣吊生物量模型预估精度不会随着模型自变量增加而提升。枝条生物量模型的自变量只涉及到  $D$  和  $H$  两个因子,有  $D, H, D^2 H$  这 3 种自变量形式,对比线性最优模型和非线性最优模型,枝条干重的线性模型在预估精度  $p$  上更占优势,再者发现最优线性模型的自变量都为  $D^2 H$ ,可知枝条生物量与  $D^2 H$  有比较强的相关性。这与王轶夫等<sup>[7]</sup>的研究结果一致。研究枣吊生物量时,在  $D, H, D^2 H$  的基础上,又增加了  $M$  和  $S$  这 2 种自变量,但模型的检验结果表明,模型精度并没有随着自变量的增多而增强,而涉及自变量最多的模型其精度和准确度都有所降低。郭凤燕<sup>[9]</sup>认为在自变量逐渐增多的情况下,精度有上升的趋势,但并不是自变量越多越好,当自变量足够多时,精度不在提升,且若加入相关性小的变量模型精度反而会下降。

对比枣吊最优线性模型和最优非线性模型,除了枣吊干重线性模型与非线性模型效果相当,总体上非线性模型占有优势,相关系数  $R^2$  达到 0.9 以上,预估精度  $p$  达到 0.96 以上。对叶片生物量的研究中,突

破了前人<sup>[6-7]</sup>以  $D, H, DH$  以及  $D^2 H$  为自变量的模型拟合,而直接以叶片的规格为自变量,分别为  $Z$  和  $T$ ,对比线性模型和非线性模型,涉及  $Z, T$  自变量的非线性模型占有明显的优势,预估精度  $p$  高达 0.935,模型的精度和准确度比以往的模型也更好。研究果实生物量时,直接以果实纵径和横径为变量因子,由于枣果形状的规则性,无论是线性模型还是非线性模型都具有不错的拟合效果,相对比而言,非线性模型更占优势。

## [参 考 文 献]

- [1] 胥辉. 林木生物量模型研究评述[J]. 林业资源管理, 1997(5):33-36.
- [2] 王维枫, 雷渊才, 王雪峰, 等. 森林生物量模型综述[J]. 西北林学院学报, 2008, 23(2):58-63.
- [3] 曾伟生, 唐守正. 国外立木生物量模型研究现状与展望[J]. 世界林业研究, 2010, 23(4):30-35.
- [4] 白一茹. 黄土丘陵区枣林土壤性质时空特征研究[D]. 陕西 杨凌:西北农林科技大学, 2012.
- [5] 卢俊寰, 汪有科, 梁宇, 等. 陕北黄土丘陵成年枣树根系空间分布规律研究[J]. 中国农村水利水电, 2012(10):4-12.
- [6] 李燕, 张建国, 段爱国, 等. 杉木人工林生物量估算模型的选择[J]. 应用生态学报, 2010(12):3036-3046.
- [7] 王轶夫, 孙玉军. 马尾松生物量模型的对比研究[J]. 中南林业科技大学学报, 2012, 32(10):29-33.
- [8] 郝拉娣, 于化东. 标准差与标准误[J]. 编辑学报, 2005, 17(2):116-118.
- [9] 郭凤艳. 统计学[M]. 北京:经济管理出版社, 2004:451-452.