

DOI: 10.5846/stxb201405130980

傅煜, 雷渊才, 曾伟生. 单木生物量模型估计区域尺度生物量的不确定性. 生态学报, 2015, 35(23): - .

Fu Y, Lei Y C, Zeng W S. Uncertainty Analysis for Regional-level Above-Ground Biomass Estimates Based on Individual Tree Biomass Model. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(23): - .

单木生物量模型估计区域尺度生物量的不确定性

傅煜¹, 雷渊才^{1,*}, 曾伟生²

¹ 中国林业科学研究院资源信息研究所, 北京 100091

² 国家林业局调查规划设计院 北京 100714

摘要: 采用系统抽样体系江西省固定样地杉木连续观测数据和生物量数据, 通过 Monte Carlo 法反复模拟由单木生物量模型推算区域尺度地上生物量的过程, 估计了江西省杉木地上总生物量。基于不同水平建模样本量 n 及不同决定系数 R^2 的设计, 分别研究了单木生物量模型参数变异性及模型残差变异性对区域尺度生物量估计不确定性的影响。研究表明: 2009 年江西省杉木地上生物量估计值为 $19.84 \pm 1.27 \text{ t/hm}^2$, 不确定性占生物量估计值约 6.41%。生物量估计值和不确定性值达到平稳状态所需的运算时间随建模样本量及决定系数 R^2 的增大而减小; 相对于模型参数变异性, 残差变异性对不确定性的影响更小。

关键词: 杉木生物量; Monte Carlo 模拟法; 模型不确定性度量; 模型参数变异性; 模型残差变异性

Uncertainty Analysis for Regional-level Above-Ground Biomass Estimates Based on Individual Tree Biomass Model

FU Yu¹, LEI Yuancai^{1,*}, ZENG Weisheng²

¹ Institute of Forest Resources Information Techniques, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China;

² Academy of Forest Inventory and Planning, State Forestry Administration, Beijing 100714, China

Abstract: Above-ground forest biomass at regional-level is typically estimated by adding model predictions of biomass from individual trees in a plot, and subsequently aggregating predictions from plots to large areas. There are multiple sources of uncertainties in model predictions during this aggregated process. These uncertainties always affect the precision of large area biomass estimates, and the effects are generally overlooked; however, failure to account for these uncertainties will cause erroneously optimistic precision estimates. Monte Carlo simulation is an effective method for estimating large-scale biomass and assessing the uncertainty associated with multiple sources of errors and complex models. In this paper, we applied the Monte Carlo approach to simulate regional-level above-ground biomass and to assess uncertainties related to the variability from model residuals and parameters separately. A nonlinear model form was used. Data were obtained from permanent sample plots and biomass observation of *Cunninghamia lanceolata* in Jiangxi Province, China. Overall, 70 individual trees were destructively sampled for biomass estimation from June to September, 2009. Based on the commonly used allometric model, we conducted Monte Carlo simulations 1000 times for the biomass model fitting with the biomass data, from which we estimated the biomass of the plot data, and conducted an uncertainty assessment from the model residual variability and parameter variability. Estimates of above-ground biomass in Jiangxi Province were obtained by aggregating model predictions of biomass for individual trees within plots, and then calculating the mean of the plots. Four modeling options with different sample sizes and R^2 were designed separately, from which Monte Carlo simulations were

基金项目: 国家 863 重点项目 (2012AA12A306); 国家自然科学基金项目 (31170588)

收稿日期: 2014-05-13; **网络出版日期:** 2015- -

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yclei@caf.ac.cn

performed 1000 times and 2000 times, respectively, to study the effects of the model parameter and residual variability on the uncertainty in large-scale biomass estimates. The results revealed that the estimates of above-ground biomass and its uncertainty for *C. lanceolata* in Jiangxi Province in 2009 achieved stability after 500 Monte Carlo simulations, and that the average biomass estimate was 19.84 t/hm^2 , with additional uncertainty of 1.27 t/hm^2 , representing 6.41% of the average biomass. With increasing modeling sample size from 30 to 60, the relative uncertainty of biomass estimates decreased from 14.86% to 9.85%, but the uncertainty variations for different levels of R^2 values minimally changed. We concluded that: 1) the Monte Carlo approach works well for regional-level estimations of biomass and its uncertainty based on forest inventory data; 2) the uncertainty of biomass estimation in large areas should not be overlooked because of the large number of errors when extrapolating from the individual tree to the plot level in forest inventory data; 3) with gradually larger modeling sample size, the average biomass increased while the uncertainty values decreased, and the operation times required for achieving the stability of average biomass and corresponding uncertainty in Monte Carlo simulations also were reduced, indicating that increasing modeling sample size is an effective way to reduce uncertainty in regional-level biomass estimations; and 4) model residual variability associated with R^2 was less important in model uncertainty of biomass estimates; however, higher R^2 does reduce the operation times for achieving stability of Monte Carlo simulations. This study is the first to apply the Monte Carlo simulation approach to estimating regional-level biomass and its uncertainty based on continuous observation data from permanent sample plots. This study is also the first to quantify the effects of uncertainty related to model parameters and residual variability in model predictions of extrapolating individual tree biomass to large area biomass estimates.

Key Words: above-ground biomass of *C. lanceolata*; Monte Carlo simulation; model uncertainty assessment; model parameter variability; model residual variability

随着联合国政府间气候变化专门委员会(IPCC)指南明确强调所有缔约国有义务按照可监测、可汇报、可核查的“三可”原则(MRV)报告本国森林生物量、碳储量和碳汇能力估计及其不确定性的度量结果和降低措施^[1,2],基于森林资源清查数据的区域尺度森林生物量、碳储量估算成为近年来国内外研究热点^[3-7]。森林资源清查的样地布设通常采用系统抽样方法,基于清查数据估计区域或更大尺度的森林生物量,首先采用单木生物量模型估计每个树种的单株木生物量,然后合计推算样地水平生物量,再通过加权平均等方法估计林分及更大尺度的森林生物量。在整个推算过程中普遍存在着大量不确定性,尤其是单木模型的不确定性会随着尺度的扩大而不断传递累积,最终导致区域尺度森林生物量的估测结果偏离实际情况^[8],但是针对该部分不确定性的度量还没有引起足够的重视^[4]。

导致单木生物量模型不确定性的来源主要有四个:模型的函数形式定义不当、建模数据的测量误差、模型残差变异性和模型参数变异性。关于函数形式定义不当和测量误差方面已有广泛研究^[9-11],在此不予以讨论。本文基于森林资源连续清查系统抽样体系江西省杉木调查数据和杉木生物量数据,采用 Monte Carlo 法模拟由单木生物量模型推算区域尺度地上生物量的过程,估计 2009 年江西省杉木地上总生物量,并以均方根误差和相对均方根误差为度量指标对生物量估计中的不确定性进行估测。基于不同单木生物量建模样本量及决定系数 R^2 ,通过 Monte Carlo 模拟法分别研究单木生物量模型的参数变异性及残差变异性对区域尺度生物量估计及其不确定性度量的影响,为国家温室气体排放报告提供方法学和实践上的支持。

1 数据来源

1.1 调查数据集

本文研究区为江西省全域(东经 $113^{\circ}34'—118^{\circ}29'$,北纬 $24^{\circ}29'—30^{\circ}05'$),数据源于第七次全国森林资源连续清查系统抽样体系江西省固定样地,总面积固定样地数为 2610 个,各样地面积为 0.067 hm^2 ,其中有林

样地 1673 个。全省包括 29 个树种 139783 株树,杉木(*Cunninghamia lanceolata*)为最主要树种,共 57351 株,约占全树种的 40.7%。样地进行每株木检测,起测直径为 5cm,杉木调查数据的单木胸径统计如表 1 所示。

表 1 研究区调查数据统计特征

Table 1 Statistical characteristics of data sets in study area

含杉木样地数 Number of plots including <i>C. lanceolata</i>	株数 Number of <i>C. lanceolata</i>	胸径 DBH/cm			
		最小值 Min.	最大值 Max.	平均值 Mean	标准差 S.D.
1113	57351	5.00	47.20	10.26	3.940

1.2 建模数据集

建立杉木地上生物量模型所用数据来自我国江西省 70 株杉木样木的立木地上生物量实测数据,采集时间为 2009 年 6 月至 9 月。样木数按 2、4、6、8、12、16、20、26、32、38cm 以上共 10 个径阶均匀分配,每个径阶的样木数按树高级从低到高尽量均匀分配,在大尺度范围内具有广泛的代表性。全部样木都实测胸径、地径和冠幅,将样木伐倒后,测量其树干长度(树高)和活树冠长度(冠长),分干材、干皮、树枝、树叶称鲜重,并分别抽取样品带回实验室,在 85℃ 恒温下烘干至恒重,根据样品鲜重和干重分别推算出样木各部分干重并汇总得到地上部分干重。由于江西省森林资源连续清查数据中没有提供树高实测数据,本文仅采用胸径为唯一自变量建立一元单木生物量估测模型,建模数据统计见表 2。为方便理解,后文将以 S1、S2 分别表示调查数据集和建模数据集。

表 2 研究区建模数据统计特征

Table 2 Statistical characteristics of data sets for modeling in study area

变量 Variables	杉木 <i>C. lanceolata</i> (N=70 株)			
	平均值 Mean	标准差 SD	最小值 Min	最大值 Max
胸径 DBH/cm	16.59	11.98	1.60	42.40
地上生物量 Above ground Biomass/kg	115.78	164.39	0.43	596.59

2 研究方法

蒙特卡洛(Monte Carlo)模拟法的基本思想是通过反复模拟某随机事件的发生过程,以这个随机事件出现的频率来估计它的概率特征。应用复杂模型进行区域尺度生物量估计时所产生的不确定性来源复杂且较难度量,而 Monte Carlo 模拟法在解决这一问题上具有显著的优势。本文将采用 Monte Carlo 模拟法对江西省杉木进行区域尺度地上生物量估计及其不确定性度量,并研究单木生物量模型的参数变异性和残差变异性对区域尺度生物量估计中不确定性的影响。

2.1 基于 Monte Carlo 模拟法的区域尺度生物量估计及其不确定性度量

2.1.1 区域尺度生物量模型的确定

基于回归模型法的单木生物量估计通常采用的单木生物量模型形式为

$$Y = \beta_0 \cdot X_1 \beta_1 \cdots X_p \beta_p + \varepsilon \quad (1)$$

其中 Y 为因变量, X 为自变量, β 为单木生物量模型参数, ε 为模型残差。本文基于建模数据集 S2 中 70 株杉木生物量数据,以单木地上生物量(g_i)为因变量、单木胸径(dbh_i)为变量,采用普通最小二乘法拟合公式(1)中参数 β , 建立的单木地上生物量($\hat{g}_i$)估测回归模型为,

$$g_i = \beta_0 \cdot dbh_i \beta_1 + \varepsilon_i \quad (2)$$

其中 β_0, β_1 为模型估计参数,

$$\varepsilon_i = \hat{g}_i - g_i \quad (3)$$

为模型残差,其中 $\hat{g}_i = \beta_0 \cdot dbh_i \beta_1$ 为生物量的无偏估计。为检验模型的拟合效果,本文引入决定系数 $R^2 = 1 -$

$\frac{SS_{res}}{SS_{mean}}$, 式中 $SS_{res} = \sum_{i=1}^n \varepsilon_i^2$, $SS_{mean} = \sum_{i=1}^n (g_i - \bar{g})^2$, $\bar{g} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n g_i$, n 为 S2 样本量。通常的 R^2 值越接近 1 说明自变量对因变量的解释能力越强, 模型的拟合效果越好。

2.1.2 Monte Carlo 法模拟步骤

步骤一:

(i) 基于全部建模数据 70 株杉木, 根据公式(2)和公式(3)预测 S2 内单木生物量的无偏估计值($\hat{g}_i$)和残差(ε_i)。

(ii) 通常假设残差 ε_i 服从均值为零的正态分布 $\varepsilon_i = N(0, \sigma^2)$, 其中残差标准差 σ 满足下式,

$$E[\ln(\hat{\sigma})] = \gamma_1 + \gamma_2 \cdot \ln(dbh) \quad (4)$$

其中 $E[\cdot]$ 表示 $\ln(\hat{\sigma})$ 均值, $\hat{\sigma}$ 为 σ 的样本估计值, γ_1 、 γ_2 是单木生物量模型参数^[10]。本文将随机生成一组服从 $\varepsilon_\beta \sim N(0, \exp(\gamma_1 + \gamma_2 \cdot \ln(dbh)))$ 的数组来模拟新的残差值 ε_β 。

(iii) 将生物量估计值 $\hat{g}_i$ 与 ε_β 合并得到 g' , 并以 g' 为新的单木地上生物量与 S2 中的单木 dbh 重新建立单木生物量模型, 即:

$$g' = \hat{g}_i + \varepsilon_\beta = \alpha_0 \cdot dbh_i \alpha_1 \quad (5)$$

其中 α_0 、 α_1 为新的模型估计参数。

步骤二:

(i) 调查数据中的单木地上生物量估计。将 S1 调查数据中的单木 dbh 代入公式(5)估测江西省杉木单木地上生物量,

$$g'_{ij} = \alpha_0 \cdot dbh_{ij} \alpha_1 \quad (6)$$

其中 i 为 S1 中单木号, j 为样地号。

(ii) 调查数据的样地生物量估计。合计样地内单木生物, 得到 S1 每个样地的生物量:

$$G_j = \sum_{i=1}^{n_j} g_{ij} \quad (7)$$

其中 n_j 为第 j 个样地内的样本株数。

(iii) 区域尺度生物量估计。合计样地生物量推算区域尺度生物量均值并推算误差:

$$\bar{G}^k = \frac{1}{n_{plot}} \sum_{j=1}^{n_{plot}} G_j \quad (8)$$

$$Var(\bar{G}^k) = \frac{1}{n_{plot}(n_{plot} - 1)} \sum_{j=1}^{n_{plot}} (G_j - \bar{G}^k)^2 \quad (9)$$

其中 n_{plot} 为 S1 样地个数, k 表示第 k 次模拟。

步骤三:

重复实施步骤一和二, 直至预测结果趋于平稳, 并推算 S1 数据中区域尺度地上生物量及误差,

$$\mu_{n_k} = \frac{1}{n_k} \sum_{k=1}^{n_k} \bar{G}^k \quad (10)$$

$$Var(\mu_{n_k}) = (1 + \frac{1}{n_k}) \cdot U_1 + U_2 \quad (11)$$

其中 n_k 为模拟次数, $U_1 = \frac{1}{n_k - 1} \sum_{k=1}^{n_k} (\bar{G}^k - \mu_{n_k})^2$ 是模拟过程之间的变异性导致的误差, $U_2 = \frac{1}{n_k} \sum_{k=1}^{n_k} Var(\mu_{n_k})$ 是模拟过程内的误差。

生物量估测中不确定性的度量指标通常采用标准误或均方根误差(RMSE)和相对均方根误差(Relative RMSE)表示^[9,12], 公式如下:

$$RMSE = \sqrt{Var(\mu_{n_k})} \quad (12)$$

$$Relative \ RMSE = \sqrt{Var(\mu_{n_k})} / \mu_{n_k}$$

2.2 建模样本量对区域尺度生物量估计中不确定性的影响

单木生物量方程作为较复杂的非线性模型,导致不确定性的因素也较为复杂多样,为研究区域尺度森林地上生物量估计中建模样本量差异对模型不确定性的影响,本文采用四种不同样本量水平的建模数据集,即样本大小分别为 $n=30$, $n=40$, $n=50$ 和 $n=60$, 分别进行 Monte Carlo 模拟,将各水平下区域尺度生物量估计及不确定性度量结果进行比较分析。步骤如下:

步骤一:

(i) 从 S2 数据集中随机抽取 n 株杉木数据作为新的建模数据集 S2'。

(ii) 基于公式(1)形式,以单木地上生物量(g)为因变量、胸径(dbh)为自变量,采用普通最小二乘法建立单木生物量模型

$$\hat{g}_i = \varphi_0 + \varphi_1 \cdot dbh_i \quad (13)$$

由于 n 始终小于最大样本量 70 株,因此每次随机抽取的杉木数据会有所不同,那么建立的单木生物量模型参数 φ_0 、 φ_1 存在差异,这个差异形成了不同建模样本量水平对区域尺度生物量估计不确定性的影响。

步骤二:

(i) 估计江西省单木水平杉木生物量。将 S1 调查数据带入公式(13)估测江西省杉木单木地上生物量 $\hat{g}_{ij}$, 其中 i 为 S1 中单木号, j 为样地号。

(ii) 采用公式(7)估计江西省样地水平杉木生物量。

(iii) 采用公式(8)、(9)估计江西省尺度第 k 次模拟地上生物量均值和误差。

步骤三:

基于 $n=30$, $n=40$, $n=50$ 和 $n=60$ 分别反复模拟步骤一和二,采用公式(10)、(11)、(12)估计不同建模样本量水平下的江西省区域尺度地上生物量、误差、不确定性和相对不确定性,当 μ_{n_k} 值和 $Var(\mu_{n_k})$ 值趋于平稳时,模拟过程可以终止。

2.3 残差变异性对区域尺度生物量估计中不确定性的影响

残差对生物量估计的影响主要体现在决定系数 R^2 , 本文设定了四个水平的 R^2 , 即 $R^2=0.99$ 、 $R^2=0.95$ 、 $R^2=0.90$ 和 $R^2=85$, 在各水平下分别进行 Monte Carlo 模拟以研究残差变异性对区域尺度生物量估计和不确定性度量的影响。步骤如下:

步骤一:

(i) 基于建模数据集 S2 中杉木全部数据,即 70 株,以地上生物量 g 为因变量、胸径 dbh 为自变量,采用普通最小二乘法建立单木生物量模型,即公式(2)。

(ii) 残差项设置。采用公式(2)预测 S2 内单木生物量的无偏估计值 $\hat{g}_i$ 、残差 ε_i , 并基于残差项 ε 和 S2 杉木胸径 dbh , 拟合满足公式(4)的参数 γ_1 、 γ_2 。

(iii) 单木生物量模型确定,公式如下:

$$\hat{g}_i = \beta_0 + \beta_1 \cdot dbh_i + \lambda \varepsilon \quad (14)$$

其中 i 为样木号, β_0 、 β_1 为单木生物量模型参数, ε 为满足 $\varepsilon \sim N(0, \exp(\gamma_1 + \gamma_2 \cdot \ln(dbh)))$ 的正态分布数组, λ 是为构建决定系数 $R^2=0.99$ 、 $R^2=0.95$ 、 $R^2=0.90$ 和 $R^2=85$ 的修正因子。

步骤二:

(i) 估计江西省单木水平杉木生物量。将 S1 调查数据带入公式(14)估测江西省杉木单木地上生物量 $\hat{g}_{ij}$, 其中 i 为 S1 中单木号, j 为样地号。

(ii) 采用公式(7)估计江西省样地水平杉木生物量。

(iii) 采用公式(8)、(9)估计第 k 次模拟的江西省区域尺度地上生物量均值和误差。

步骤三:

基于决定系数 $R^2=0.99$ 、 $R^2=0.95$ 、 $R^2=0.90$ 和 $R^2=85$ 分别重复模拟步骤一和二,采用公式(10)、(11)、(12)估计不同建模样本量水平下的江西省区域尺度地上生物量、误差、不确定性和相对不确定性, μ_{n_k} 值和 $Var(\mu_{n_k})$ 值趋于平稳时,模拟过程可以终止。

文中单木生物量模型参数估计和 Monte Carlo 模拟的全过程采用 R 软件实现。模拟过程中,单木地上生物量估测模型调用 R 软件 nls() 函数进行非线性回归,拟合 β 、 α 等模型参数;调用 lm() 函数建立残差(ε)与胸径(dbh)的函数关系,估计单位面积生物量(μ_{n_k}),并以 RMSE 和 Relative RMSE 为度量指标推算不确定性。

3 结果分析与讨论

3.1 区域尺度生物量估计

3.1.1 单木生物量模型拟合效果

表 3 为公式(2)的参数估计结果,结合图 1a 和表 3 的决定系数($R^2=0.9716$)可知,依据公式(2)建立的生物量估测模型对样本点的回归效果较好,由图 1b 所示,数据点较为均匀地分布在直线 $y=x$ 附近,说明模型预测值能较好地描述实测值。

表 3 单木地上生物量模型参数估计值
Table 3 Parameter estimates of allometric models of above ground biomass

模型形式 Model form	模型参数 β_0 Model parameter	模型参数 β_1 Model parameter	决定系数 R^2 Coefficient of Determination
$\hat{g}_i = \beta_0 \cdot dbh_i \beta_1$	0.0872	2.3468	0.9716

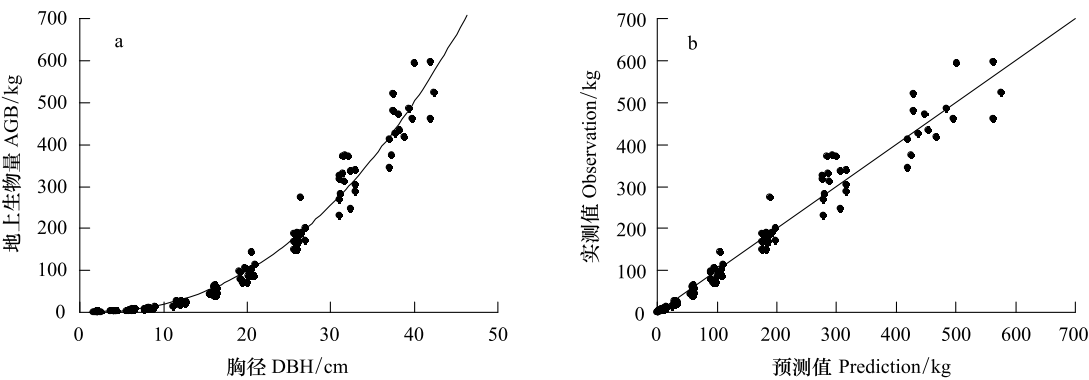


图 1 a.b. 单木生物量估计模型的拟合效果
Fig. 1 a.b. The quality of fit of the model for AGB estimation

3.1.2 区域尺度生物量和不确定性

经对数化处理后,模型(1)残差与树干胸径呈现明显的线性关系,且满足 $\varepsilon \sim N(0, \exp(-3.75 + 2.048 \cdot \ln(dbh)))$ 的正态分布。

图 2 表示依据公式(10)、(12),采用 Monte Carlo 法对 2009 年江西省杉木地上生物量和不确定性进行 1000 次模拟的情况。如图 2 所示,模拟 200 次后,区域尺度生物量估计值和不确定性度量值趋于稳定。图 3 为 1000 次 Monte Carlo 法模拟结果的变异系数(均方根误差/生物量均值)的频率直方图,由图 3 可知:变异系数范围主要集中在 0.0398 至 0.0402 之间,变异系数小说明模型的估计精度越高,因此本文方法在提升模型预测精度方面取得了较好的效果。

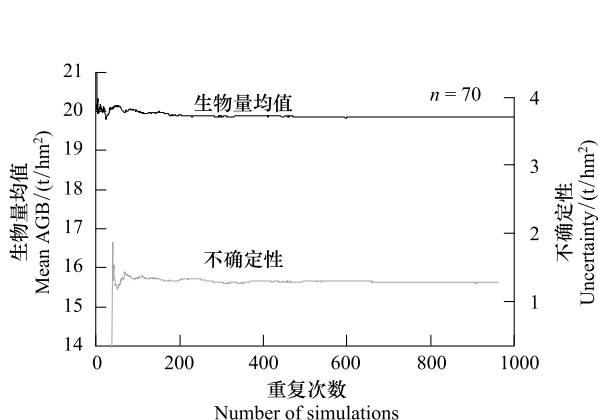


图2 生物量和不确定性的模拟趋势

Fig. 2 Above ground biomass and uncertainty

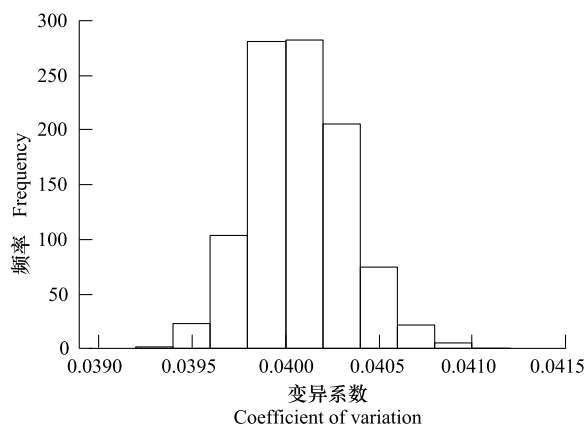


图3 变异系数的频率直方图

Fig. 3 Histogram of coefficients of variation

表4为1000次Monte Carlo法模拟计算江西省2009年杉木地上生物量和不确定性的预测值。由表4可知:2009年江西省杉木地上生物量为 $19.84 \pm 1.27 \text{ t/hm}^2$,不确定性占生物量估计值为6.41%。

表4 江西省杉木地上生物量和不确定性统计表

Table 4 Estimates of mean AGB (t/hm^2) in the study area, and their uncertainty during each simulation

建模数据量 Modeling sample size	生物量 Estimates/(t/hm^2)	均方根误差 RMSE/(t/hm^2)	相对均方根误差 Relative RMSE/%
70	19.84	1.27	6.41

3.2 建模样本量对不确定性的影响

图4表示基于 $n=30, n=40, n=50$ 和 $n=60$ 四种水平的建模样本量和公式(10)、(12),经过Monte Carlo法1000次的模拟计算的江西省2009年杉木地上生物量和不确定性的模拟变化趋势。由图4可知,区域尺度生物量估计值和不确定性由剧烈波动状态到趋于平稳所需的运算时间随建模样本量的增大而明显缩短,不确定性也随建模样本量 n 的增大而逐渐减小。

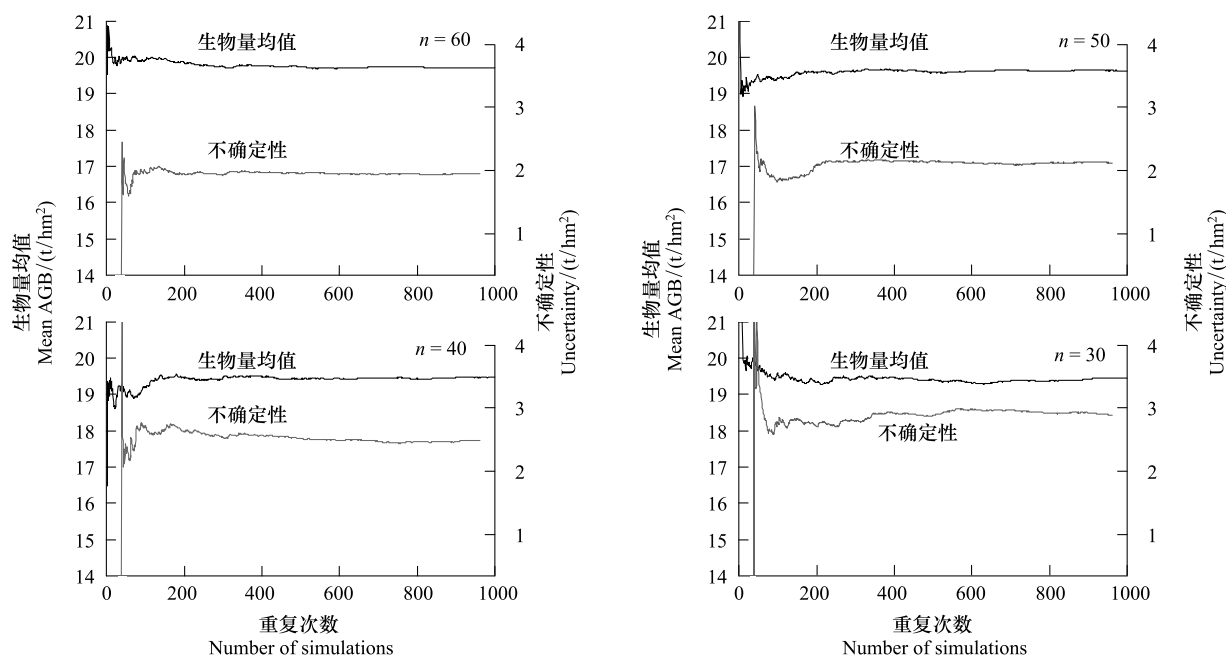
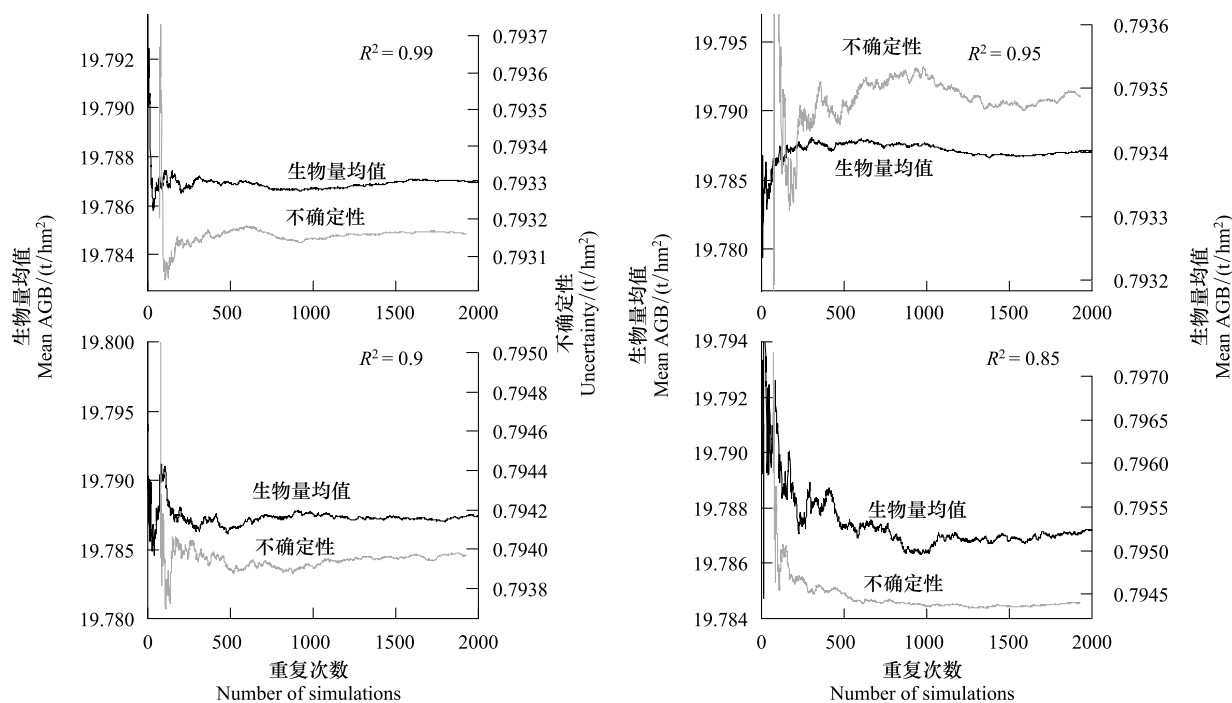
表5是在建模样本量 $n=30, n=40, n=50$ 和 $n=60$ 的四种情况下,经1000次Monte Carlo法模拟运算所估计的2009年江西省杉木的地上生物量、不确定性(RMSE)和相对不确定性(Relative RMSE)的结果。由表5可知,2009年江西省杉木的地上生物量随建模样本量 n 的增大而略有增加,从 19.44 t/hm^2 上升到 19.71 t/hm^2 。而不确定性则由 $n=30$ 时的 2.89 t/hm^2 下降到 $n=60$ 时的 1.94 t/hm^2 ,不确定性相对估计值的占有率从14.86%下降至9.85%,说明建模样本量可能是导致低估生物量和高估不确定性的原因之一。导致该现象的原因可能是单木生物量模型的协方差和标准误随着建模数据量的减少而增大,从而增加了因单木生物量模型参数的变异性导致的区域尺度生物量估计中的不确定性,该结果与McRoberts等人^[13]、Zianis等人^[14]的研究结果一致。

表5 不同建模样本量 n 的杉木地上生物量和不确定性统计表Table 5 Estimates of mean AGB and uncertainty (t/hm^2) under different modeling sample size

建模数据量(n) Modeling sample size	生物量 Estimates/(t/hm^2)	均方根误差 RMSE/(t/hm^2)	相对均方根误差 Relative RMSE/%
60	19.71	1.94	9.85
50	19.63	2.12	10.79
40	19.47	2.48	12.77
30	19.44	2.89	14.86

3.3 残差变异性对不确定性的影响

图5表示基于决定系数 $R^2=0.99, R^2=0.95, R^2=0.90$ 和 $R^2=0.85$ 四种情况和公式(10)、(12),2000次的

图 4 基于不同建模样本量 n 的 Monte Carlo 模拟趋势Fig. 4 Monte Carlo simulations based on various modeling sample size (n)图 5 基于不同 R^2 的 Monte Carlo 模拟趋势Fig. 5 Monte Carlo simulations based on various determination coefficient (R^2)

Monte Carlo 模拟变化趋势。由于四种 R^2 水平下的模拟运算均基于相同的单木生物量模型参数,影响生物量估计值稳定性的主要因素就是模型的残差。由图 5 可知,随着 R^2 的提高,生物量均值和不确定性值曲线波动的剧烈程度逐渐减弱,模拟结果达到稳定状态所需的运算时间也逐渐缩短。

表 6 为基于建模样本量为 $n = 70$ 株时, $R^2 = 0.99$ 、 $R^2 = 0.95$ 、 $R^2 = 0.90$ 和 $R^2 = 0.85$ 四种情况下,经 2000 次

Monte Carlo 法模拟运算所估计的 2009 年江西省杉木的地上生物量、不确定性 (RMSE) 和相对不确定性 (Relative RMSE) 的结果。由表 6 可知,2009 年江西省杉木的地上生物量 and 不确定性基本平稳地分别保持在 19.79 t/hm^2 和 0.79 t/hm^2 , 不确定性相对于生物量估计值约 4%, 不确定性随 R^2 的增大而略有降低。残差的变异会影响模型预测结果的波动范围, 从而影响估计值的方差, 因此残差值的增大会导致模型 R^2 的降低, 模型的预测精度受到限制, 不确定性随之增加, 与 McRoberts 等人^[13] 在研究森林蓄积的结果一致。但不确定性随 R^2 升高而降低的幅度非常小, 仅 0.0012 t/hm^2 , 而不同建模样本量的不确定性变化幅度为 0.95 t/hm^2 , 说明建模样本量对区域尺度生物量估计不确定性的影响更大。

表 6 不同 R^2 的杉木地上生物量和不确定性统计表Table 6 Estimates of mean AGB and uncertainty (t/hm^2) under different modeling sample size

建模数据量 Modeling sample size	决定系数 R^2	生物量 Estimates/ (t/hm^2)	均方根误差 RMSE/ (t/hm^2)	相对均方根误差 Relative RMSE/%
n = 70	0.99	19.7870	0.7932	4.0085
0.95	19.7871	0.7935	4.0101	
0.90	19.7874	0.7940	4.0125	
0.85	19.7872	0.7944	4.0147	

4 结论

(1) Monte Carlo 模拟法通过大量反复模拟生物量建模和估测过程, 能提供稳定可靠的区域尺度生物量估计和不确定性度量值, 是一种估计区域尺度生物量及度量不确定性的适用方法, 具有很高的应用价值。

(2) 建模样本量导致的单木生物量模型参数变异性对区域尺度生物量估计不确定性的影响比较大。采用 Monte Carlo 模拟法进行区域尺度生物量估计和不确定性度量时, 生物量估计值随建模样本量水平的提高逐渐增加, 不确定性随之降低, Monte Carlo 模拟结果达到稳定所需要的运算时间逐渐缩短。说明建模数据量可能是引起低估生物量和不确定性增大的主要问题。因此, 增加建模数据量能有效提高生物量模型的估计精度、准确度以及工作效率, 并降低不确定性。

(3) 不同决定系数 R^2 所反应的模型残差变异性对生物量估计, 尤其是大尺度生物量估计的影响较小, 但较高的 R^2 能有效缩短 Monte Carlo 模拟的运算时间。

(4) 由于 Monte Carlo 模拟法的可靠性和可行性均非常高, 本文方法同样适用于森林地上单木各组分生物量 (树干、树枝、树皮、树叶等)、地下部分生物量、碳储量、蓄积量的估计和不确定性度量, 该部分研究还有待进一步展开。

致谢: 本研究得到国家自然科学基金项目 (31170588) 和国家 863 重点项目 (2012AA12A306) 的支持。感谢姜俊等同学在 R 软件实现中给予的帮助和支持。

参考文献 (References):

- [1] Penman J D, Kruger I, Galbally T, Hiraishi B, Nyenzi S, Emmanuel, L. Buendia, R. Hoppaus, T. Martinsen, and J. Meijer. Good practice guidance and uncertainty management in national greenhouse gas inventories. IPCC National Greenhouse Gas Inventories programme, Technical Support Unit, 2000
- [2] IPCC. Guidelines for national greenhouse gas inventories. Institute for Global Environmental Strategies, Japan, 2006
- [3] Lehtonen A, Cienciala E, Tatarinov F, Mäkipää R. Uncertainty estimation of biomass expansion factors for Norway spruce in the Czech Republic. Annals of forest science, 2007, 64(2): 133-140.
- [4] McRoberts R E, Westfall J A. Effects of uncertainty in model predictions of individual tree volume on large area volume estimates. Forest Science, 2014, 60(1): 34-42.
- [5] 李海奎, 雷渊才. 中国森林植被生物量和碳储量评估. 北京: 中国林业出版社, 2010.

- [6] Quentin M M, Alfred N, Nestor L E O, Judicaël L, Hugues G, Géraud S M, Joël L, Donald M I, Franck K D, Roland Z K, Karl H B B, Nicaise L, Bertrand M, Nicolas P. How to improve allometric equations to estimate forest biomass stocks? Some hints from a central African forest. *Canadian Journal of Forest Research*, 2014, 44(7): 685-691.
- [7] Li H K, Zhao P X. Improving the accuracy of tree-level aboveground biomass equations with height classification at a large regional scale. *Forest Ecology and Management*, 2013, 289: 153-163.
- [8] Dietze M C, Wolosin M S, Clark J S. Capturing diversity and interspecific variability in allometries: a hierarchical approach. *Forest Ecology and Management*, 2008, 256(11): 1939-1948.
- [9] Chave J, Condit R, Aguilar S, Aguilar S, Hernandez A, Lao S, Perez R. Error propagation and scaling for tropical forest biomass estimates. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B; Biological Sciences*, 2004, 359(1443): 409-420.
- [10] McRoberts R E, Lessard V C. Estimating the uncertainty in diameter growth model predictions and its effects on the uncertainty of annual inventory estimates // Reams G A, McRoberts R E, Van Deusen P C, eds. *Proceedings of the Second Annual Forest Inventory and Analysis Symposium*. Asheville, NC: U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Southern Research Station, 2001.
- [11] Cohen R, Kaino J, Okello J A, Bosire J O, Kairo J G, Mencuccini M. Propagating uncertainty to estimates of above-ground biomass for Kenyan mangroves: A scaling procedure from tree to landscape level. *Forest Ecology and Management*, 2013, 310: 968-982.
- [12] Ahmed R, Siqueira P, Hensley S, Bergen K. Uncertainty of forest biomass estimates in north temperate forests due to allometry: implications for remote sensing. *Remote Sensing*, 2013, 5(6): 3007-3036.
- [13] McRoberts R E, Næsset E, Gobakken T. Inference for lidar-assisted estimation of forest growing stock volume. *Remote Sensing of Environment*, 2013, 128: 268-275.
- [14] Zianis D, Muukkonen P, Mäkipää R, Mencuccin M. Biomass and stem volume equations for tree species in Europe. *The Finnish Society of Forest Science, The Finnish Forest Research Institute*, 2005.