

DOI: 10.5846/stxb201609281973

秦立厚, 张茂震, 钟世红, 于晓辉. 森林生物量估算中模型不确定性分析. 生态学报, 2017, 37(23): 7912-7919.

Qin L H, Zhang M Z, Zhong S H, Yu X H. Model uncertainty in forest biomass estimation. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(23): 7912-7919.

## 森林生物量估算中模型不确定性分析

秦立厚<sup>1,2,3</sup>, 张茂震<sup>1,2,3,\*</sup>, 钟世红<sup>4</sup>, 于晓辉<sup>1,2,3</sup>

1 浙江农林大学省部共建亚热带森林培育国家重点实验室, 临安 311300

2 浙江农林大学浙江省森林生态系统碳循环与固碳减排重点实验室, 临安 311300

3 浙江农林大学环境与资源学院, 临安 311300

4 北京林业大学理学院, 北京 100083

**摘要:** 单木生物量估算是区域森林生物量估算的基础。量化单木生物量模型中各种不确定性来源, 分析各不确定性来源对森林生物量估算的影响, 可为提高森林生物量估算精度提供理论依据。基于 52 株杉木地上部分生物量实测数据, 建立杉木单木地上部分生物量一元与二元模型。在两种模型形式下, 根据临安市 2009 年森林资源连续清查数据中杉木实测数据, 分析单木生物量模型中所包含的 2 种不确定性, 即模型参数不确定性和模型残差变异引起的不确定性。最后利用误差传播定律计算单木生物量模型总不确定性。结果表明, 基于一元生物量模型的临安市杉木生物量估计均值为 6.94 Mg/hm<sup>2</sup>, 由一元模型残差变异引起的生物量不确定性约为 11.1%, 模型参数误差引起的生物量不确定性约为 14.4%, 一元生物量模型估算合成不确定性为 18.18%。基于二元生物量模型的临安市杉木生物量估计均值为 7.71 Mg/hm<sup>2</sup>, 模型残差变异引起的不确定性约为 7.0%, 模型参数误差引起的不确定性约为 8.53%, 二元生物量模型估算合成不确定性为 11.03%。研究表明模型参数不确定性随建模样本的增加逐渐降低, 当建模样本由 30 增加到 40 再增加到 52 时, 一元生物量模型模型参数不确定性分别为 20.26%、16.19%、14.4%, 二元生物量模型分别为 13.09%、9.4%、8.53%。此外, 建模样本的增加对残差变异不确定性也有一定影响, 当建模样本由 30 增加到 42 再增加到 48 时, 一元模型残差变异不确定性分别为 15.2%、12.3% 和 11.7%; 二元模型残差变异不确定性分别为 13.3%、9.4% 和 8.3%。在 2 种不确定性来源中模型参数不确定性对估计结果影响最大, 其次为模型残差变异。由于模型残差变异、参数不确定性与建模样本有关, 因此可以通过增加建模样本来减小模型参数不确定性。二元生物量模型总的不确定性要低于一元生物量模型。

**关键词:** 杉木; 生物量; 残差变异; 参数不确定性

## Model uncertainty in forest biomass estimation

QIN Lihou<sup>1,2,3</sup>, ZHANG Maozhen<sup>1,2,3,\*</sup>, ZHONG Shihong<sup>4</sup>, YU Xiaohui<sup>1,2,3</sup>

1 State Key Laboratory of Subtropical Silviculture, Zhejiang Agriculture & Forestry University, Lin'an 311300, China

2 Zhejiang Provincial Key Laboratory of Carbon Cycling in Forest Ecosystems and Carbon Sequestration, Zhejiang Agriculture & Forestry University, Lin'an 311300, China

3 School of Environmental & Resource Sciences, Zhejiang Agriculture & Forestry University, Lin'an 311300, China

4 College of Science, Beijing Forest University, Beijing 100083, China

**Abstract:** Forest inventory estimates of biomass for large areas are typically calculated by adding model predictions of biomass for individual trees. Quantifying the sources of uncertainty in the individual tree biomass model and analyzing the effects of various uncertainty on the forest biomass estimation can provide a theoretical basis for improving the accuracy of

**基金项目:** 国家林业局林业公益性行业科研专项(20150430303); 国家自然科学基金项目(30972360, 41201563); 浙江省林业碳汇与计量创新团队项目(2012R10030-01); 浙江农林大学农林碳汇与生态环境修复研究中心预研基金

**收稿日期:** 2016-09-28; **网络出版日期:** 2017-08-14

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zhangmaozhen@163.com

forest biomass estimation. In this study, based on the aboveground biomass data for 52 *Cunninghamia lanceolata* trees, continuous observation data from the permanent sample plots of Lin'an county, China, and a fitted above-ground tree biomass model of *C. lanceolata*, the error propagation law was used to quantify the uncertainty in model prediction, including the uncertainty of model residual variability and model parameter uncertainty. The result showed that the mean above-ground biomass of *C. lanceolata* calculated from the model based on diameter at breast height (DBH) (unary model) amounts to 6.94 Mg/hm<sup>2</sup> and the uncertainty caused by model residual variability and model parameter uncertainty was approximately 11.1% and 14.4% of the total biomass, respectively. Furthermore, the total uncertainty was 18.18% of the estimation from the model based on DBH. With regard to the model based on DBH and tree height (H) (binary model), the mean above ground tree biomass of *C. lanceolata* was 7.71 Mg/hm<sup>2</sup>. The uncertainty caused by model residual variability and model parameter uncertainty was approximately 7.0% and 8.53% of the total biomass, respectively, and the total uncertainty was 11.03% of the estimation. The results also showed that the uncertainty of the model parameters decreases with the increase of sample size. For the sample size of 30, 40 and 52, the parameter uncertainty decreased from 20.26% to 16.19% and 14.4%, respectively for unary model. For the binary model, the parameter uncertainty decreased from 13.09% to 9.4% and 8.53%, respectively. In addition, the uncertainty of the residual variability decreased with an increase of the sample size. When the sample size was increased from 30 to 42 and 48, the residual variability uncertainty of the unary model decreased from 15.2% to 12.3% and 11.7%, respectively. As for the binary model, the residual variability uncertainty decreased from 13.3% to 9.4% and 8.3%, respectively. Among the two sources of uncertainty, the model parameter uncertainty has the greatest impact on the estimated results. The total uncertainty of the binary model was lower than that of the unary model. The model uncertainty is related to the modeling sample size, and therefore, can be reduced by increasing modeling samples.

**Key Words:** *Cunninghamia lanceolata*; biomass; residual variability; parameter uncertainty

随着人类活动及现代化工业的迅速发展,特别是化石燃料的燃烧、森林的滥伐、草原开垦等,对地球生态系统产生着巨大的影响<sup>[1]</sup>。作为全球陆地生态系统中的最大有机碳库<sup>[2]</sup>,森林在调节全球碳平衡、减缓大气中温室气体浓度上升和维持全球气候稳定等方面具有不可替代的作用。作为反映森林生态系统生产力的重要指标,森林生物量在计算过程中含有众多不确定性来源,生物量的估算无论是在区域尺度上还是国家尺度上都存在极大的不确定性<sup>[3]</sup>。如何计算这些不确定性以提高森林生物量估算的准确度已成为森林生物量研究的一大挑战。

不确定性是指不精确性、模糊性、不明确性等概念总称<sup>[4]</sup>。在森林资源监测体系中,森林资源连续清查提供了可靠的样地、样木定期观测数据。基于这些数据,通过单木生物量模型可以获得样地森林生物量,并可以推算到各尺度。但是从数据采集、模型建立到尺度上推过程中都包含一定的不确定性<sup>[5]</sup>。估算结果精度是否满足要求,必须量化和分析这些不确定性。生物量估算通常包括三方面的不确定性:测量不确定性、模型不确定性、抽样不确定性。Shettles 等<sup>[6]</sup>研究指出 3 种不确定性中,模型不确定性所占比重较大,约占总不确定性的 70%。鉴于此,本文仅研究不确定性较大的模型不确定性,而测量和抽样不确定性,本研究暂不考虑。模型不确定性来源主要有 4 个方面:输入变量本身的不确定性<sup>[7-8]</sup>、模型函数形式的错误设定<sup>[9]</sup>、模型残差变异<sup>[10]</sup>以及模型参数误差<sup>[11]</sup>等。输入变量本身的不确定性主要指变量(胸径、树高等)的测量误差,测量误差主要受仪器精度、测量条件、以及人为等因素影响。与其余误差相比,测量误差对单木生物量估算的影响相对较小<sup>[12]</sup>。模型形式的错误设定主要是因为缺少合适的模型验证数据<sup>[9]</sup>或者缺乏建模技术<sup>[13]</sup>使得生物量模型的形式设定错误。随着生物量模型研究的不断深入,生物量模型的形式也正逐渐确定。如 Araújo 等<sup>[14]</sup>利用 127 棵实测样地数据对常用的 14 个生物量模型进行了验证分析,结果表明方程式  $FW = aD^b/(1 - M)$  和  $FW = aD^bH^c$  (式中  $FW$  为生物量鲜重,  $D$  为胸径,  $M$  为含水率,  $H$  为树高)对于数据的拟合效果最好。国内王轶

夫等<sup>[15]</sup>,蔡会德等<sup>[16]</sup>也对不同模型的精度进行了对比。与前两种不确定性来源相比模型残差变异以及模型参数误差研究相对较少,在国内更是少见。模型残差变异主要与模型的拟合精度有关,通常模型的拟合精度以决定系数( $R^2$ )来表示, $R^2$ 越接近于1,表示模型的精度越好。模型的残差变异可以以残差的标准差来度量,但是由于不同研究的研究区及数据不同对于研究结果也有一定的差异<sup>[17-18]</sup>。与模型的残差变异相比模型的参数误差引起的不确定性相对较小,而且模型参数误差与建模样本的数量有关<sup>[17]</sup>。目前国内对于模型不确定性对森林生物量估算的影响研究较少,傅煜等<sup>[19-20]</sup>对森林生物量计算过程中的抽样误差和模型误差进行了研究。

本文以浙江省临安市森林资源连续清查数据为数据源,以临安市为研究区,通过建立了特定形式的一元、二元生物量模型来估算研究区杉木(*Cunninghamia lanceolata*)生物量,并分析了两种模型形式下模型残差变异、模型参数误差带来的不确定性及模型总不确定性,以期为提高森林生物量估计精度提供依据。

## 1 研究区概况与数据来源

### 1.1 研究区概况

临安市(118°51'—119°52'E, 29°56'—30°23'N)地处浙江省西北部,隶属杭州市,东西长约100 km,南北宽约70.8 km,总面积3126 km<sup>2</sup>,研究区地理位置如图1所示。

临安市地形复杂、海拔高低悬殊,因此气候基本呈垂直变化分布,光、温、水地域差异明显。该市地处亚热带季风气候区,温暖湿润,四季分明,光照充足,雨量充沛,全年平均气温16.4℃,全年日照时数1847.3 h,全年降雨量1628.6 mm。适宜各种林木生长,植物资源丰富。

全市林业用地面积26.1047万hm<sup>2</sup>,活立木总蓄积量830.0101万m<sup>3</sup>,森林覆盖率76.55%,其中有林地面积24.0389万hm<sup>2</sup>,有林地蓄积量8230.5676万m<sup>3</sup>。森林资源分布格局为西高东低。植被区划属亚热带东部常绿阔叶林区,森林类型主要有常绿落叶阔叶混交林、针叶阔叶混交林、常绿阔叶林、马尾松林、杉木林、毛竹林以及灌丛等类型。

### 1.2 样地清查数据

研究区地面调查数据为2009年临安市森林资源连续清查样地数据,全市共有固定样地109个,样地为面积0.08 hm<sup>2</sup>的正方形。所有样地共有样木8179棵,其中杉木2535棵,其统计特征见表1。由于样地数据中缺乏树高因子,因此文中树高通过陈丽聪等<sup>[21]</sup>的树高曲线来求得。

表1 临安市杉木单木胸径统计特征

Table 1 Statistical characteristics of DBH of *Cunninghamia lanceolata* in the study area

株数 Number	最大值 Max/cm	最小值 Min/cm	平均值 Mean/cm	标准差 SD/cm
2535	33.7	5.0	10.45	3.9

### 1.3 生物量建模数据

建立杉木地上部分生物量模型所用数据为52棵浙江省杉木地上部分生物量实测数据。数据收集采用收获法对样木生物量进行测定。全部样木都实测胸径、地径,将样木伐倒后,测量其树干长度(树高),分树干、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,称量样本干重,算出含水率,然后换算出样木各组分的干重,汇总得到立木生物量。建模数据统计情况见表2。

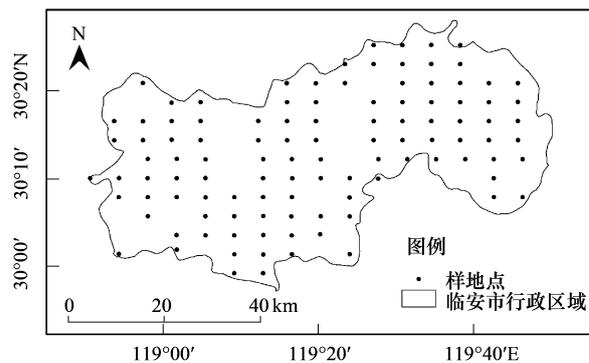


图1 研究区位置和样地分布图

Fig.1 Location of the study area and the plots distribution

表 2 建模数据统计特征

Table 2 Statistical characteristics of modelling data sets

项目 Item	最大值 Max	最小值 Min	平均值 Mean	标准差 SD
胸径 DBH/cm	37.1	4.2	17.39	7.99
树高 H/m	21.1	4.2	10.58	4.07
地上部分生物量 Above ground biomass/kg	430	2.5	85.58	80.56

## 2 研究方法

### 2.1 模型残差变异不确定性计算

为了计算模型残差变异引起的不确定性,本研究首先需要用 52 株杉木生物量实测数据拟合杉木单木生物量模型。再通过生物量预测值与实测值的差值来计算由残差变异引起的不确定性。设单木生物量实测值为  $B$ ,生物量预测模型为  $f(x, \hat{\alpha})$ , 则  $B$  可用下式表示:

$$B = f(x, \hat{\alpha}) + \varepsilon \quad (1)$$

上式中,  $\hat{\alpha}$  为生物量模型中所含的参数预测值,  $x$  为生物量模型中的变量(胸径、树高),  $\varepsilon$  为生物量预测值与实测值的差即残差。对于  $f(x, \alpha)$  常用的模型形式有一元模型和二元模型。本文所用的  $f(x, \alpha)$  形式为:  $f(x, \alpha) = aD^b$  和  $f(x, \alpha) = aD^b H^c$ 。得到各模型参数后,残差  $\varepsilon$  可表示为:

$$\varepsilon = B - f(x, \hat{\alpha}) \quad (2)$$

对于模型残差变异引起的不确定性,可以通过残差的标准差来衡量。本研究发现残差的标准差随单木生物量的增加而增加,呈一定的线性关系。因此,可以通过拟合残差的标准差与单木生物量的线性关系来计算残差变异不确定性,即:

$$\sigma_\varepsilon = \theta f(x, \hat{\alpha}) \quad (3)$$

式中,  $\sigma_\varepsilon$  为残差的标准差,  $\theta$  为拟合参数。在计算  $\sigma_\varepsilon$  时,本文采用 Hosmer 和 Lemeshow<sup>[22]</sup>所使用的六步法(six-step procedure)来计算。具体步骤可概括为:(1)将生物量实测数据按升序进行排列,计算单株样木的生物量预测值  $\hat{B}$ ,并计算残差  $\varepsilon$ ; (2)对测量数据进行分组,每  $n$  棵树为一组,若最后一组不足  $n$  棵则计入上一组。由于本文中建模数据为 52 棵,样本数量较少,因此分组时每 5 棵一组,共分 10 组。(3)计算每组数据生物量预测值的平均值  $\bar{\hat{B}}$  及残差的标准差  $\sigma_\varepsilon$ ,并根据  $\bar{\hat{B}}$  与  $\sigma_\varepsilon$  的关系进行线性拟合。对于每组数据生物量均值及残差的标准差可以通过下式计算:

$$\bar{\hat{B}} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \hat{B}_j \quad (4)$$

$$\varepsilon = B - \hat{B} \quad (5)$$

$$\sigma_\varepsilon = \frac{1}{n-1} \sqrt{\sum_{j=1}^n (\varepsilon_j - \bar{\varepsilon}_j)^2} \quad (6)$$

式中,  $\bar{\hat{B}}$  为每组单木生物量预测值的均值,  $\bar{\varepsilon}_j$  为每组生物量残差均值,最后残差变异不确定性可以用以下模型表示:

$$\sigma_\varepsilon = \theta \bar{\hat{B}} \quad (7)$$

$\theta$  为要拟合的参数。

### 2.2 模型参数不确定性计算

对于模型参数引起的不确定性,可以采用一阶泰勒级数线性化处理对参数的不确定性进行计算,Box<sup>[23]</sup>运用泰勒级数一阶展开项计算了非线性模型的参数误差,取得较好的效果。若函数  $f(x)$  在  $x_0$  处存在  $n$  阶导

数,当  $x$  趋近于  $x_0$  时,  $f(x)$  可表示为:

$$f(x) \approx f(x_0) + f'(x_0)(x - x_0) + \frac{f''(x_0)}{2!}(x - x_0)^2 + \dots + \frac{f^{(n)}(x_0)}{n!}(x - x_0)^n \quad (8)$$

那么,对于生物量模型  $B = f(x, \alpha)$  泰勒级数一阶展开式可以表示为:

$$B = f(x, \alpha) \approx f(x, \hat{\alpha}) + \frac{\partial f(x, \hat{\alpha})}{\partial \alpha_j}(\alpha - \hat{\alpha}) \quad (9)$$

式中,  $f(x, \hat{\alpha})$  为单木生物量模型的预测值,  $x$  为生物量模型中的变量,  $\hat{\alpha}$  为模型中参数估计值,  $f(x, \alpha)$  中  $\alpha$  可表示参数的真实值,  $\frac{\partial f(x, \alpha)}{\partial \alpha_j}$  为参数的偏导数。式(9)中  $\frac{\partial f(x, \alpha)}{\partial \alpha_j}(\hat{\alpha} - \alpha)$  反映的是由参数引起的模型估测误差  $\sigma_p$ ,  $\sigma_p$  可以近似表示为:

$$\sigma_p^2 \approx Z_{jk} \text{var}(\alpha) Z_{jk}^T \quad (10)$$

式中,  $Z_i = \frac{\partial f(x, \alpha)}{\partial \alpha_j} \Big|_{\alpha = \hat{\alpha}}$ , Beck 和 Arnol<sup>[24]</sup> 定义为灵敏度系数矩阵。var( $\alpha$ ) 为生物量方程中估计参数  $\alpha$  的协方差矩阵。

### 2.3 不确定性合成

如果间接测量的量是直接测量所得到的各个测量值的函数。则间接测量的不确定度可表示为各个直接测量不确定度的合成不确定度<sup>[25]</sup>。若间接测量的函数关系为:

$$Z = f(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \quad (11)$$

则  $Z$  的不确定度可以表示为:

$$m_z = \sqrt{m_{x_1}^2 + m_{x_2}^2 + m_{x_3}^2 + \dots + m_{x_n}^2} \quad (12)$$

式中  $m_z$  表示总不确定度,  $m_{x_i}$  表示第  $i$  个变量的不确定度。根据此式,单木生物量计算总不确定性  $\sigma_{\text{tree}}$  可以表示为:

$$\sigma_{\text{tree}} = \sqrt{\sigma_\varepsilon^2 + \sigma_p^2} \quad (13)$$

## 3 结果与分析

### 3.1 一元生物量模型不确定性计算

通过 52 棵杉木生物量实测数据对一元生物量模型进行参数求解,最终拟合的一元生物量模型为:  $B = 0.074D^{2.371}$ , 模型的决定系数  $R^2 = 0.975$ 。基于一元生物量模型估算的临安市杉木生物量密度为  $6.94 \text{ Mg/hm}^2$ 。图 2 左图为一元生物量模型残差标准差与单木生物量预测值的散点图,从图中可以看出两者基本成线性关系,残差标准差随着单木生物量的增加而增加。对于一元生物量模型残差变异引起的不确定性,最后拟合模型为:  $\sigma_\varepsilon = 0.111 \hat{B}$ , 模型的决定系数  $R^2 = 0.937$ , 有较好的拟合效果。这表明对于一元生物量模型,由模型残差变异引起的不确定性约为 11.1%。对于模型参数引起的误差,通过计算参数的方差-协方差矩阵并结合式(10)可以求得。经过计算一元生物量模型参数的方差协方差矩阵为  $\begin{pmatrix} 0.000554 & -0.0016 \\ -0.0016 & 0.0044 \end{pmatrix}$ , 将其带入式(10)中可得一元生物量模型参数误差引起的不确定性约占总生物量的 14.4%。通过公式(13)可知,一元生物量模型估算合成不确定性为 18.12%。

对于二元生物量模型,最后拟合的生物量模型为:  $B = 0.086D^{1.979}H^{0.419}$ , 模型的决定系数  $R^2 = 0.984$ 。基于二元生物量模型估算的临安市杉木生物量密度为  $7.71 \text{ Mg/hm}^2$ 。图 2 右图为二元生物量模型残差标准差与单木生物量预测值的散点图。从图中可以看出,二元生物量模型残差标准差与单木生物量预测值的关系与一元生物量模型有相同的趋势。残差变异不确定性模型为:  $\sigma_\varepsilon = 0.07 \hat{B}$ , 模型决定系数  $R^2 = 0.727$ , 表明对于二元

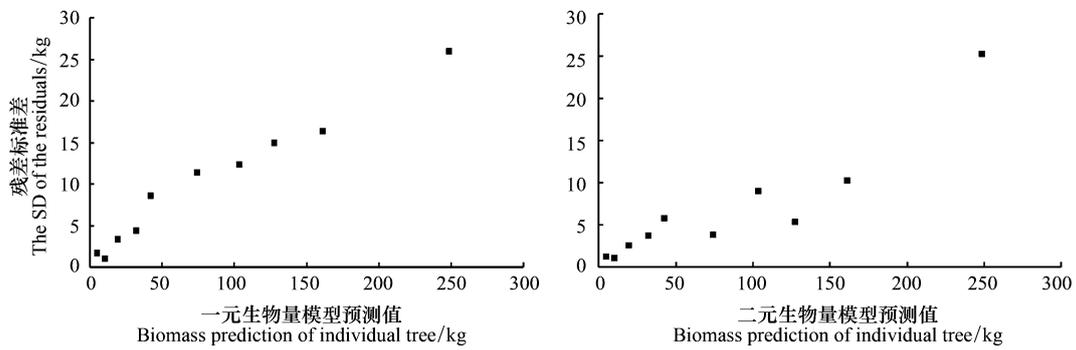


图 2 残差的标准差与生物量预测值的关系

Fig.2 The relationship between the SD of the residuals and biomass prediction

生物量模型,由模型残差变异引起的不确定性约为 7.0%,不确定性要小于一元生物量模型。对于二元生物量

模型参数引起的误差,二元生物量模型参数的方差协方差矩阵为  $\begin{pmatrix} 0.00024 & -0.00092 & 0.000096 \\ -0.00092 & 0.0082 & -0.006 \\ 0.000096 & -0.006 & 0.0069 \end{pmatrix}$ , 将其

带入式(10)中可得二元生物量模型参数误差引起的不确定性约占总生物量的 8.53%。综合考虑模型残差及参数不确定性,二元生物量模型不确定性约为 11.03%。

### 3.2 样木数量对模型估计不确定性的影响

为了体现建模样本数量对模型引起的生物量估算结果的影响,本文随机抽取了建模样本  $N=30, N=40, N=52$  时模型参数不确定性。表 3 为建模样本分别为 30, 40, 52 时模型参数引起的不确定性。由表可知当建模样本由 30 增加到 40 再增加到 52 时,一元模型参数不确定性相应为 20.26%, 16.19% 和 14.4%。二元模型参数不确定性由 13.09% 减少到 9.4% 再减少到 8.53%。说明建模样本对于模型参数引起的不确定性影响较为显著。随着样本数量的增加模型参数不确定性逐渐降低。

表 3 不同建模样本下模型参数不确定性

Table 3 Model parameter uncertainty under different modeling sample size

模型 Model	N=30	N=40	N=52
	不确定性 Uncertainty	不确定性 Uncertainty	不确定性 Uncertainty
一元模型 Unary model	20.26%	16.19%	14.4%
二元模型 Binary model	13.09%	9.4%	8.53%

表 4 为不同建模样本下模型残差变异引起的生物量不确定性。在计算不同建模样本数对模型残差变异不确定性的影响时,不同建模样本间保持相同的分组数,通过改变每组的样本进行讨论。表 4 显示,当建模样本分别为 30, 42, 48 时,一元生物量模型的残差变异引起的不确定性分别为 15.2%, 12.3%, 11.7%, 二元生物量模型的不确定性为 13.3%, 9.4%, 8.7%。可见,随着建模样本的增加模型残差变异不确定性也相应变小。

表 4 不同建模样本下模型残差变异不确定性

Table 4 Uncertainty of residual variability under different modeling sample size

模型 Model	N=30		N=42		N=48	
	不确定性	决定系数	不确定性	决定系数	不确定性	决定系数
	Uncertainty	R <sup>2</sup>	Uncertainty	R <sup>2</sup>	Uncertainty	R <sup>2</sup>
一元模型 Unary model	15.2%	0.967	12.3%	0.976	11.7%	0.935
二元模型 Binary model	13.3%	0.936	9.4%	0.955	8.7%	0.859

表中决定系数是指公式(7)拟合的决定系数

### 3.3 不同分组方式对模型残差变异不确定性的影响

由于本研究建模样本较少,在分组计算模型残差变异时每组仅有 5 株,样本数量较少。为了体现不同分组数据对模型残差变异的影响,本文分别计算了每组 8 棵、10 棵、15 棵时残差变异不确定性。需要指出的是为了保证每种分组方式具有一定的组数,分组时部分数据与上一组是重复的,不同分组情况下重复的株数分别为 3 棵、4 棵、5 棵。不同分组情况下,模型残差变异引起的不确定性如表 5 所示。

表 5 不同分组情况下模型残差变异不确定性  
Table 5 Uncertainty of residual variation in different grouping

模型 Model	每组 8 棵 8 trees in each group		每组 10 棵 10 trees in each group		每组 15 棵 15 trees in each group	
	不确定性 Uncertainty	决定系数 $R^2$	不确定性 Uncertainty	决定系数 $R^2$	不确定性 Uncertainty	决定系数 $R^2$
一元模型 Unary model	11.9%	0.975	11.9%	0.972	12.1%	0.974
二元模型 Binary model	9.2%	0.851	8.7%	0.803	9.4%	0.894

表中决定系数是指公式(7)拟合的决定系数

从表 5 可知,当分组株数分别为 8、10、15 时,一元生物量模型残差变异引起的不确定性分别为 11.9%、11.9%、12.1%,要高于每组 5 棵时的 11.1%,但相差不大。二元生物量模型残差变异引起的不确定性分别为 9.2%、8.7%、9.4%,高于每组 5 棵时的不确定性。不同的分组虽然对模型参数引起的不确定性有一定影响,但影响较小。

## 4 结论与讨论

本文分别计算了生物量模型中所包含的 2 种不确定性,从以上结果可得出如下结论:(1)在 2 种不确定性来源中模型参数不确定性对估计结果影响最大,模型残差变异引起的不确定性较小。(2)模型残差变异不确定性、参数不确定性与建模样本有关,随着建模样本的增加,两种不确定性相应减少。在进行生物量建模时,可以通过增加建模样本来提高单木生物量模型的估计精度,减小模型不确定性对森林生物量不确定性的影响。

目前区域森林植被生物量估计研究是目前研究的热点问题,该领域还面临着两大挑战<sup>[26]</sup>,其中一个就是由于数据不准确、方法不得当,使得森林生物量的估计存在众多不确定性。由于森林管理和决策的质量高低受森林生物量估计中所包含的不确定性影响,生物量的估算迫切需要通过提高估测技术、数据质量来提高生物量估算的精度。本文分别计算模型各不确定性来源对森林生物量估算结果的影响,其意义正在于此。与其他研究相比,本研究还存在以下差异:(1)本研究模型残差变异的不确定性要小于国外现有研究。如 Chen 等<sup>[17]</sup>,Chave 等<sup>[18]</sup>曾对热带雨林地区生物量模型残差变异引起的误差坐了估算,两者的结果分别为 37.8% 和 31.3%。与本文的研究结果差距较大,这可能由两方面原因造成:一是研究区与研究对象的不同,Chen、Chave 中所用到的生物量模型为热带所有树种的生物量模型,由于各树种之间木材密度或其他树种特征差异较大,导致了较大的生物量残差。而本文生物量模型建模对象仅为单一树种——杉木。二是建模样本的差异。如 Chen 等<sup>[17]</sup>所用的建模样本为 4004 棵,胸径范围为 5—212cm<sup>[27]</sup>,而本研究中最大胸径为 37.1cm 远远小于 Chen 等建模样本。(2)本研究模型参数误差引起的不确定性较大。可能的原因为模型参数误差与建模样本数量有关。Chen 等<sup>[17]</sup>利用 4004 棵样木数据计算了模型形式为  $a(\rho D^2 H)^b$  模型参数带来的不确定性,研究表明当样木数据集足够大时由模型参数引起的不确定性很小仅为 0.74%,但样木数量减少到 40 棵时模型参数误差增加到 5.69%。另外,测算模型参数误差导致的不确定性有赖于生物量模型参数的协方差阵。本文杉木的建模数据 52 株,由此推算整个研究区上万株林木的模型参数不确定性,建模数据量可能偏小,导致模型参数不确定性的度量结果偏大<sup>[19]</sup>;而且本文生物量建模精度较高,使得模型残差变异不确定性相应减小,从而导致了模型参数误差引起的不确定性要大于模型残差变异引起的不确定性。

本研究生物量建模样本较少,对于分组样本数对残差变异不确定性的影响本文最多讨论到每组 15 株的

情况,更高样本数对残差变异不确定性是否有影响尚需深入研究。

#### 参考文献 (References):

- [ 1 ] Keeling C D. Climate change and carbon dioxide: an introduction. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1997, 94(16): 8273-8274.
- [ 2 ] Dixon R, Solomon A M, Brown S, Houghton R E A, Trexler M C, Wisniewski J. Carbon pools and flux of global forest ecosystems. *Science*, 1994, 263(5144): 185-190.
- [ 3 ] Tans P P, Fung I Y, Takahashi T. Observational constraints on the global atmospheric CO<sub>2</sub> budget. *Science*, 1990, 247(4949): 1431-1438.
- [ 4 ] Shi W Z. *Principles of Modeling Uncertainties in Spatial Data and Spatial Analyses*. Boca Raton: CRC Press, 2009.
- [ 5 ] Cohen R, Kaino J, Okello J A, Bosire J O, Kairo J G, Huxham M, 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.
- [ 6 ] Shettles M, Hilker T, Temesgen H. Examination of uncertainty in per unit area estimates of aboveground biomass using terrestrial LiDAR and ground data. *Canadian Journal of Forest Research*, 2016, 46(5): 706-715.
- [ 7 ] Kitahara F, Mizoue N, Yoshida S. Evaluation of data quality in Japanese national forest inventory. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2009, 159: 331-331.
- [ 8 ] Westfall J A, Patterson P L. Measurement variability error for estimates of volume change. *Canadian Journal of Forest Research*, 2007, 37(11): 2201-2210.
- [ 9 ] Breidenbach J, Antón-Fernández C, Petersson H, McRoberts R E, Astrup P. Quantifying the model-related variability of biomass stock and change estimates in the norwegian national forest inventory. *Forest Science*, 2014, 60(1): 25-33.
- [ 10 ] Lessard V C, McRoberts R E, Holdaway M R. Diameter growth models using minnesota forest inventory and analysis data. *Forest Science*, 2001, 47(3): 301-310.
- [ 11 ] Ståhl G, Holm S, Gregoire T G, Gobakken T, Næsset E, Nelson R. Model-based inference for biomass estimation in a LiDAR sample survey in Hedmark County, Norway. *Canadian Journal of Forest Research*, 2010, 41(1): 96-107.
- [ 12 ] 赵平安, 张茂震, 陈金星, 金雨菲, 郭含茹, 何卫安. 区域森林碳分布空间估计误差定量分析. *西南林业大学学报*, 2013, 33(1): 60-65, 70-70.
- [ 13 ] Berger A, Gschwanter T, McRoberts R E, Schadauer K. Effects of measurement errors on individual tree stem volume estimates for the Austrian national forest inventory. *Forest Science*, 2014, 60(1): 14-24.
- [ 14 ] Araújo T M, Higuchi N, de Carvalho Júnior J A. Comparison of formulae for biomass content determination in a tropical rain forest site in the state of Pará, Brazil. *Forest Ecology and Management*, 1999, 117(1-3): 43-52.
- [ 15 ] 王轶夫, 孙玉军. 马尾松生物量模型的对比研究. *中南林业科技大学学报*, 2012, 32(10): 29-33.
- [ 16 ] 蔡会德, 农胜奇, 张伟, 江锦峰, 熊晓斐, 刘峰. 广西主要树种立木生物量模型的研建. *林业资源管理*, 2014, (4): 58-61.
- [ 17 ] Chen Q, Laurin G V, Valentini R. Uncertainty of remotely sensed aboveground biomass over an African tropical forest: propagating errors from trees to plots to pixels. *Remote Sensing of Environment*, 2015, 160: 134-143.
- [ 18 ] Chave J, Condit R, Aguilar S, Hernandez A, Lao S, Perez R. Error propagation and scaling for tropical forest biomass estimates. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2004, 359(1443): 409-420.
- [ 19 ] 傅煜, 雷渊才, 曾伟生. 区域尺度杉木生物量估计的不确定性度量. *林业科学*, 2014, 50(12): 79-86.
- [ 20 ] 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): 7738-7747.
- [ 21 ] 陈丽聪, 邓华锋, 黄国胜, 程志楚. 不同起源马尾松与杉木林分树高曲线的拟合及对比. *西北农林科技大学学报: 自然科学版*, 2014, 42(1): 57-64.
- [ 22 ] Hosmer D W Jr, Lemeshow S. *Applied Logistic Regression*. New York: John Wiley & Sons, 1989.
- [ 23 ] Box M J. Bias in nonlinear estimation. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, 1971, 33(2): 171-201.
- [ 24 ] Beck J V, Arnold K J. *Parameter Estimation in Engineering and Science*. New York: John Wiley & Sons, 1977.
- [ 25 ] 李金海. *误差理论与测量不确定度评定*. 北京: 中国计量出版社, 2003.
- [ 26 ] Wang G X, Oyana T, Zhang M Z, Adu-Prah S, Zeng S Q, Lin H, Se J Y. Mapping and spatial uncertainty analysis of forest vegetation carbon by combining national forest inventory data and satellite images. *Forest Ecology and Management*, 2009, 258(7): 1275-1283.
- [ 27 ] Chave J, Réjou-Méchain M, Búrquez A, Chidumayo E, Colgan M S, Delitti W B C, Duque A, Eid T, Fearnside P M, Goodman R C, Henry M, Martínez-Yrizar A, Mugasha W A, Muller-Landau H C, Mencuccini M, Nelson B W, Ngomanda A, Nogueira E M, Ortiz-Malavassi E, Péliissier R, Ploton P, Ryan C M, Saldarriaga J G, Vieilledent G. Improved allometric models to estimate the aboveground biomass of tropical trees. *Global Change Biology*, 2014, 20(10): 3177-3190.