

DOI: 10.5846/stxb202001210164

陈国鹏, 杨克彤, 张金武, 王立, 曹秀文, 刘锦乾. 甘肃南部 7 种高寒杜鹃生物量模拟. 生态学报, 2021, 41(13): 5377-5384.

Chen G P, Yang K T, Zhang J W, Wang L, Cao X W, Liu J Q. Biomass simulation of seven alpine *Rhododendrons* species in the south of Gansu Province. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(13): 5377-5384.

甘肃南部 7 种高寒杜鹃生物量模拟

陈国鹏^{1,*}, 杨克彤¹, 张金武¹, 王立¹, 曹秀文², 刘锦乾²

1 甘肃农业大学林学院, 兰州 730070

2 甘肃省白龙江林业管理局林业科学研究所, 兰州 730070

摘要: 精确测定与模拟高山-亚高山灌丛生物量是了解陆地生态系统碳功能的重要基础工作。以甘肃南部高山-亚高山地区常见的 7 种高寒杜鹃 (*Rhododendron* spp.) 灌木为对象, 通过标准植株收获法, 建立易测因子与各器官生物量及总生物量的方程并检验拟合精度, 筛选最优拟合方程。结果表明: (1) 自变量和函数的类型对杜鹃生物量的模拟效果影响较大, 700 组方程中以 D 和 D^2H 为自变量和以幂函数为模型拟合的 R^2 相对集中、中位数都较高。(2) 遴选出的 35 组单物种最优生物量模型的 R^2 介于 0.66—0.99 之间、中位数为 0.92, 除山光杜鹃 (*Rh. oreodoxa*) 的茎、叶生物量和地上生物量模型为线性函数、麻花杜鹃 (*Rh. maculiferum*) 的所有模型为指数函数外, 其余的生物量模型均为幂函数; D 和 D^2H 是单物种生物量模型的最佳预测变量, H 仅是黄毛杜鹃 (*Rh. rufum*) 除根外、美容杜鹃 (*Rh. calophytum*) 叶生物量的最佳预测变量。(3) 混合物种最优模型是以 D^2H 为自变量的幂函数, 除对叶生物量的模拟精度相对较低外, 对其它生物量的模拟均较好。甘肃南部 7 种高寒杜鹃灌木生物量模型的建立为高寒地区灌丛生态系统碳汇功能的研究提供了支撑。

关键词: 杜鹃; 高寒灌木; 生物量模拟; 幂函数

Biomass simulation of seven alpine *Rhododendrons* species in the south of Gansu Province

CHEN Guopeng^{1,*}, YANG Ketong¹, ZHANG Jinwu¹, WANG Li¹, CAO Xiuwen², LIU Jinqian²

1 College of Forestry, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China

2 Institute of Forestry, Bailongjiang Forestry Administration, Lanzhou 730070, China

Abstract: *Rhododendron* species are broad-leaved evergreen woody shrubs belonging to Ericaceae, and are an important constituent of alpine and subalpine ecosystems. *Rh.* species are endemic to Tibetan Plateau and surrounding areas. Unlike for trees, biomass estimation models are virtually lacking for *Rh.* species in natural communities. Therefore, accurate measurement and modeling of biomass for alpine-subalpine *Rh.* species is a fundamental work for quantifying carbon functions of terrestrial ecosystems. This study aimed to develop allometric models for the estimation of biomass storage of seven *Rh.* species' in the alpine-subalpine region of southern Gansu Province. Investigated species included *Rh. rufum*, *Rh. przewalskii*, *Rh. alophytum*, *Rh. oreodoxa*, *Rh. taibaiense*, *Rh. capitatum* and *Rh. maculiferum*. A total of 312 individuals were harvested for the measurements of above- and belowground biomass. Commonly used models, such as linear, logarithmic, power-law and exponential functions were used for estimating biomass, and basal diameter (D), height (H), canopy (C), crown volume (V) and square of basal diameter \times plant height (D^2H) from field measurements were used as independent variables, and leaf biomass, stem biomass, aboveground biomass, root biomass and total biomass were treated as dependent variables. Among a total number of 700 models tested, significant relationships were detected between biomass

基金项目: 国家自然科学基金 (31800352); 甘肃农业大学科技创新基金 (GSAU-RCZX201708, GSAU-STS-1734)

收稿日期: 2020-01-21; 修订日期: 2021-04-27

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: chgp1986@gmail.com

components and field measurements of predictors for the seven studied woody species (all $P < 0.01$). Using D and D^2H as independent variables and the power function resulted in a relatively narrow distribution and a high median of R^2 values. The R^2 values of the selected 35 optimal models for individual species from the 700 sets varied between 0.66 and 0.99, with a median of 0.92. The models for stem biomass, leaf biomass and aboveground biomass of *Rh. oreodoxa* were linear functions, for each of these biomass of *Rh. maculiferum* were exponential functions, while the rest of the biomass models were power functions. The plant height (H) was the best independent variable for the estimation of stem biomass, leaf biomass and aboveground biomass of *Rh. rufum* and leaf biomass of *Rh. calophytum*. The results also showed that the power function with D^2H as the independent variable was the best model for mixed species, but the predictive power for leaf biomass was relatively low using the mixed-species' model. The establishment of seven alpine *rhododendron* shrub biomass models in southern Gansu Province can serve as an important tool for the study of the carbon sink function of shrub ecosystems in alpine regions. In addition, these models may be applied to *Rh.* woodland elsewhere in eastern Tibetan Plateau.

Key Words: *Rhododendron*; alpine shrub; biomass simulation; power function

生物量是生态系统最基本的数量特征,不仅反映着生态系统中生产者获取能量后转换形成的物质生产量,还关系着一些生态系统服务,如防风、固沙和碳储存等,是研究生态系统结构和功能的基础^[1-3]。最准确、直接确定植物生物量的方式是进行破坏采样的收获法,但这种方法仅适用于小面积或小样本量,且采样后不能进行样本的重复追踪,并具有耗时、费力和劳动密集等缺点^[4-6];间接的相对生长模型法是通过简单易测指标,如基径(D)、株高(H)等与生物量结合建立模型进行植株生物量估算,不仅克服了收获法的局限、还可进行大规模评估生物量并允许后续测量,因此得到广泛应用^[3, 5, 7]。在建立生物量模拟模型的过程中,部分学者逐步引入异速生长模型、增加多元变量和复合变量、提出植物器官间模型可加性、应用混合效应模型等^[7-11],进一步提高了模拟精度。但考虑到模型的实用性,常用的模型主要为一次函数、幂函数和指数函数等^[3, 12-18]。

灌丛是广布于自然界中的一种重要生态系统类型,是灌木在高山、荒漠、湿地及干旱区等地形成的群落,对生态环境保护具有重要作用^[2, 12, 19]。灌木生物量是衡量植被生产力、了解灌木生长发育规律、明确灌木在生态系统中的作用和地位等方面都具有重要意义^[18, 20],由于灌木个体和所占比例较乔木小、处于次要地位而较少受到重视,专门针对灌木生物量模型的文献还比较有限^[12, 19];加之灌木种类繁多、形态结构分异大等^[3, 9, 11, 21],需建立更多生态区灌木和更多物种的生物量模型为自然资源管理部门提供决策基础。

杜鹃(*Rhododendron* spp.)灌丛广布于青藏高原及其周边的高山-亚高山地区、介于暗针叶林和高山草甸之间,在保育生物多样性、维持山地生态系统平衡等方面作用关键。由于其分布区域的可及性差^[22],杜鹃灌丛也因此成为当前生态系统碳汇不确定性的部分^[23-24]。因此,本研究以甘肃南部亚高山7种典型杜鹃灌木为对象,在常规群落调查的基础上,进行标准木的生物量测定,采用一次函数、幂函数、对数函数和指数函数进行生物量模拟,综合多个评价指标筛选最优模型,同时还对杜鹃灌木的普适模型进行了探讨,旨在为高寒杜鹃灌丛的生物量计测、碳氮循环研究及生态系统服务功能评估等提供准确、间接的依据。

1 材料和方法

1.1 研究区概况

实验地设置在舟曲生态建设局的沙滩林场和铁坝林场(103°57'05"—104°42'05" E, 33°14'32"—33°53'52" N, 1173—4536 m),处在秦岭西翼与岷山山脉交汇地带,属西秦岭地质构造带南部陇南山地。林区多年平均降水 951.0 mm,年平均蒸发量 918.8 mm,相对湿度为 82.0%,干燥度 0.52,年平均气温 4.3 °C,全年无霜期 96.7 d。主要植被有干旱河谷灌丛、亚高山次生林、亚高山暗针叶林和高山灌丛。陇蜀杜鹃(*Rh. przewalskii*)、黄毛杜鹃(*Rh. rufum*)、头花杜鹃(*Rh. capitatum*)是高山革叶灌丛的建群种;山光杜鹃(*Rh. oreodoxa*)和麻花杜鹃(*Rh. maculiferum*)广布于亚高山地区,并在一些岷江冷杉(*Abies faxoniana*)采伐迹地形成优势群落,美容杜鹃

(*Rh. calophytum*)、太白杜鹃(*Rh. taibaiense*)是一些群落优势种或伴生种^[22]。

1.2 数据测定

通过对林场资源干事访谈和初步踏查后,在沙滩林场人命池沟、烧哈沟、洋布梁、青沙梁和铁坝林场扎尕梁选定杜鹃典型样地并开展群落学调查,采样点见图 1。根据调查资料粗选分级标准木,详细测量标准木的基径、株高、冠幅等相关指标后即进行全株收获并带回实验室测定根、茎、叶生物量^[22],所收获的 7 种杜鹃的样本量介于 29—64 之间,样木基本信息见表 1。

1.3 数据分析

分别选取基径 D 、株高 H 、冠幅 C 、冠幅体积 $V(V = C \times H)$ 和基径平方与株高乘积 D^2H 作为自变量,选用线性函数($y = a + bx, b \neq 0$)、幂函数($y = ax^b$)、对数函数($y = a + b \ln x$)和指数函数($y = ae^{bx}$)进行茎生物量、叶生物量、根生物量、地上生物量和总生物量的模拟。根据决定系数(R^2)越大、卡方(Reduced Chi-Sqr)越小、残差平方和(Residual sum of squares, RSS)越小则拟合精度越高作为评价拟合程度优劣的标准,并以此筛选杜鹃生物量模拟的最佳方程。统计与计算均使用 Excel 2010,模型拟合和作图使用 Origin 9.1。

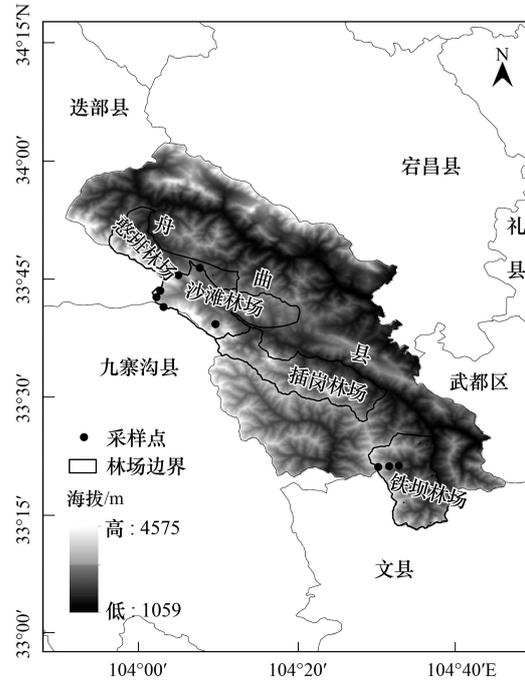


图 1 采样位置图

Fig.1 Geographical distribution of sampling plots

表 1 7 种高寒杜鹃样木基本信息

Table 1 The basal information of the samples for seven *Rhododendron* species

物种 Species	样本 Size	基径 Basal diameter /mm			株高 Plant height /cm			冠幅 Canopy /cm ²		
		范围 Range	平均值± 标准差 ME±S.D.	变异系数 CV /%	范围 Range	平均值± 标准差 ME±S.D.	变异系数 CV /%	范围 Range	平均值± 标准差 ME±S.D.	变异系数 CV /%
黄毛杜鹃 <i>Rh. rufum</i>	54	5.45—65.23	25.27±17.65	69.82	23—185	85.19±45.04	52.87	270.83—9154.67	2137.72±2145.54	100.37
陇蜀杜鹃 <i>Rh. przewalskii</i>	53	2.40—33.23	14.10±7.55	53.53	11—104	51.03±20.84	40.83	43.96—8195.40	1626.44±2305.95	141.78
美容杜鹃 <i>Rh. alophytum</i>	39	1.90—32.45	13.19±9.62	72.88	10—211	75.61±61.49	81.33	49.46—6631.68	2063.19±1842.95	89.33
山光杜鹃 <i>Rh. oreodoxa</i>	29	1.38—43.30	13.15±10.40	79.06	27—250	99.83±63.53	63.63	149.15—68687.50	6125.50±14219.14	232.13
太白杜鹃 <i>Rh. taibaiense</i>	33	5.59—34.26	20.50±8.95	43.66	57—193	117.33±33.89	28.89	428.61—13541.25	4515.32±3960.11	87.70
头花杜鹃 <i>Rh. capitatum</i>	64	2.36—32.56	13.91±7.40	53.19	13—142	61.42±34.07	55.48	43.96—8013.28	1244.79±1464.20	117.63
麻花杜鹃 <i>Rh. maculiferum</i>	40	1.23—37.17	9.39±6.28	67.87	12—170	71.47±45.92	64.25	23.55—12434.40	1492.62±2638.63	176.78

ME:均值 Mean; S.D.:标准差 Standard deviation; CV:变异系数 coefficient of variation

2 结果与分析

2.1 单个物种生物量模型的拟合

7 种杜鹃各器官生物量及地上生物量和总生物量共 700 组方程均达到极显著水平($P < 0.01$),对拟合的决

定系数分析发现,以 D 和 D^2H 为自变量的拟合方程的 R^2 相对集中、中位数都较高,其次是以 H 为自变量(图 2);从选择的函数类型看,以幂函数拟合的 R^2 中位数较高且散点相对集中,一般线性函数的次之,对数函数的中位数和均值均较低(图 2)。

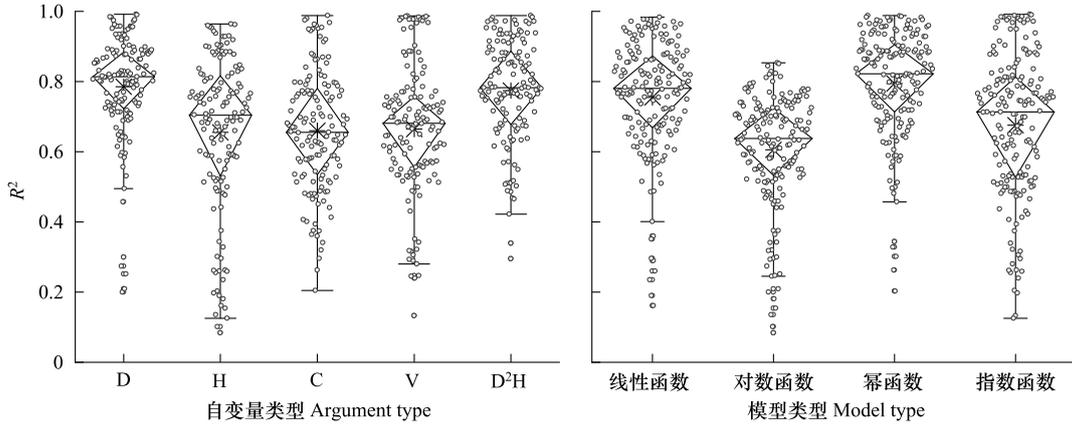


图 2 生物量模型的自变量和模型选择对决定系数的影响

Fig.2 Influence of independent variables and models selection on determination coefficient for the biomass models

D : 基径 Basal diameter; H : 株高 Plant height; C : 冠幅 Canopy; V : 冠幅体积 Crown volume; D^2H : 基径平方与株高乘积 Square of basal diameter \times plant height

综合 R^2 、Reduced Chi-Sqr 和 RSS 进行 7 种杜鹃 3 个器官、地上及总生物量的最优拟合模型(表 2)。山光杜鹃的茎生物量、叶生物量和地上生物量的最优拟合模型为一般线性函数,麻花杜鹃各生物量模型为指数函数外,其余物种各生物量的模型均为幂函数; D 和 D^2H 是最优生物量模型的最佳预测变量, H 仅是黄毛杜鹃茎、叶、地上部分和总生物量及美容杜鹃叶生物量的最佳预测变量。所有最优模型的 R^2 介于 0.66—0.99 之间,中位数为 0.92,除陇蜀杜鹃和头花杜鹃的根生物量的 R^2 较低(分别为 0.66 和 0.69)外,其余各物种不同器官或组分生物量模型的拟合系数均在 0.80 以上。

表 2 7 种杜鹃生物量的最佳拟合模型

Table 2 The parameters and statistical tests of the optimal biomass models for seven *Rhododendron* species

物种 Species	因变量 Dependent variable	自变量 Independent variable	最佳方程 Best model	参数 a Parameter variable a	参数 b Parameter variable b	R^2	卡方 Reduced Chi-Sqr	残差平方和 Residual sum of squares
黄毛杜鹃 <i>Rh. rufum</i>	茎生物量	H	$y = ax^b$	0.032	1.875	0.93	1630.42	84781.97
	叶生物量	H	$y = ax^b$	0.012	1.730	0.90	71.14	3699.31
	根生物量	D^2H	$y = ax^b$	2.382	0.579	0.94	892.07	46387.64
	地上生物量	H	$y = ax^b$	0.042	1.852	0.93	2265.19	117789.93
	总生物量	H	$y = ax^b$	0.034	1.995	0.94	5277.06	274407.21
陇蜀杜鹃 <i>Rh. przewalskii</i>	茎生物量	D	$y = ax^b$	0.669	1.796	0.89	942.09	48046.69
	叶生物量	D	$y = ax^b$	0.534	1.243	0.79	25.49	1300.18
	根生物量	D^2H	$y = ax^b$	3.862	0.395	0.66	106.42	5427.60
	地上生物量	D	$y = ax^b$	0.956	1.725	0.89	1196.43	61017.86
	总生物量	D	$y = ax^b$	1.650	1.607	0.90	1371.86	69964.83
美容杜鹃 <i>Rh. calophytum</i>	茎生物量	D^2H	$y = ax^b$	2.542	0.541	0.97	65.07	2407.54
	叶生物量	H	$y = ax^b$	0.339	1.076	0.88	127.75	4726.83
	根生物量	D^2H	$y = ax^b$	6.609	0.444	0.94	276.44	10228.40
	地上生物量	D^2H	$y = ax^b$	6.982	0.473	0.96	252.35	9336.83
	总生物量	D^2H	$y = ax^b$	13.655	0.459	0.97	607.04	22460.60

续表

物种 Species	因变量 Dependent variable	自变量 Independent variable	最佳方程 Best model	参数 a Parameter variable a	参数 b Parameter variable b	R^2	卡方 Reduced Chi-Sqr	残差平方和 Residual sum of squares
山光杜鹃 <i>Rh. oreodoxa</i>	茎生物量	D	$y = a + bx$	-22.346	6.627	0.96	209.69	5661.75
	叶生物量	D	$y = a + bx$	-1.774	1.304	0.86	28.93	781.12
	根生物量	D	$y = ax^b$	0.461	1.859	0.96	494.11	13340.95
	地上生物量	D	$y = a + bx$	-24.121	7.931	0.96	302.60	8170.10
	总生物量	D	$y = ax^b$	2.324	1.563	0.97	993.60	26827.11
太白杜鹃 <i>Rh. taibaiense</i>	茎生物量	D^2H	$y = ax^b$	1.635	0.685	0.86	1287.27	39905.45
	叶生物量	D^2H	$y = ax^b$	0.823	0.639	0.80	248.42	7700.99
	根生物量	D^2H	$y = ax^b$	0.651	0.774	0.93	366.97	11376.02
	地上生物量	D^2H	$y = ax^b$	2.428	0.673	0.85	2590.84	80315.97
	总生物量	D^2H	$y = ax^b$	2.921	0.708	0.89	4651.64	144200.94
头花杜鹃 <i>Rh. capitatum</i>	茎生物量	D	$y = ax^b$	0.443	1.876	0.88	697.03	43215.69
	叶生物量	D	$y = ax^b$	0.165	1.704	0.85	39.99	2479.30
	根生物量	H	$y = ax^b$	0.084	1.470	0.69	446.24	27666.59
	地上生物量	D	$y = ax^b$	0.596	1.844	0.89	956.85	59324.95
	总生物量	D^2H	$y = ax^b$	7.606	0.570	0.88	1926.76	119458.83
麻花杜鹃 <i>Rh. maculiferum</i>	茎生物量	D	$y = ae^{bx}$	8.266	0.115	0.98	214.23	8140.92
	叶生物量	D	$y = ae^{bx}$	1.093	0.142	0.98	18.96	720.30
	根生物量	D	$y = ae^{bx}$	3.474	0.130	0.99	38.68	1469.80
	地上生物量	D	$y = ae^{bx}$	9.241	0.120	0.98	255.01	9690.55
	总生物量	D	$y = ae^{bx}$	12.701	0.123	0.99	377.82	14357.03

D : 基径 Basal diameter; H : 株高 Plant height; D^2H : 基径平方与株高乘积 Square of basal diameter \times plant height

2.2 混合种的生物量模拟

将所有杜鹃种混合后进行生物量模拟的最优模型均为幂函数、自变量均为 D^2H (图 3), 拟合程度均达到极显著水平 ($P < 0.01$), R^2 介于 0.65—0.88 之间。最优生物量模型预测值与实测值的散点基本分布在 1:1 线的两侧 (图 3), 采用 $y_{\text{实测}} = ax_{\text{预测}}$ 拟合后发现其系数 a 与 1.0 无显著差异、除叶生物量的决定系数低 (0.80) 外, 其余生物量的 R^2 均较高 (表 3)。与预测值相对应的模拟残差基本分布在 $y = 0$ 线的两侧, 中等大小个别个体的模拟残差较大 (图 3)。混合物种生物量模型对 7 种杜鹃的生物量模拟也各有差异, 如可能造成美容杜鹃和山光杜鹃茎生物量和地上生物量的偏大估计、陇蜀杜鹃茎生物量和地上生物量的偏小估计等 (图 3)。

表 3 基于混合物种最优模型的预测值与实测值的线性关系 ($y_{\text{实测}} = ax_{\text{预测}}$)

Table 3 The linear relationship between measured value and predicted value based on the optimal fitting models for mixed-species

生物量类型 Biomass type	参数 a Parameter variable a	R^2	卡方 Reduced Chi-Sqr	残差平方和 Residual sum of squares
茎生物量 Stem biomass	1.000 \pm 0.021	0.88	2222.11	691074.69
叶生物量 Leaf biomass	1.000 \pm 0.028	0.80	270.22	84037.39
根生物量 Root biomass	1.000 \pm 0.019	0.90	1020.69	317434.52
地上生物量 Aboveground biomass	1.000 \pm 0.019	0.90	3020.34	939325.60
总生物量 Total biomass	1.000 \pm 0.015	0.93	4812.27	1496620.00

3 讨论

3.1 模型的影响

在生物量建模过程中, 高精度模型的选择一直是学者们探究的焦点^[8, 11, 16]。部分研究表明线性函数、幂

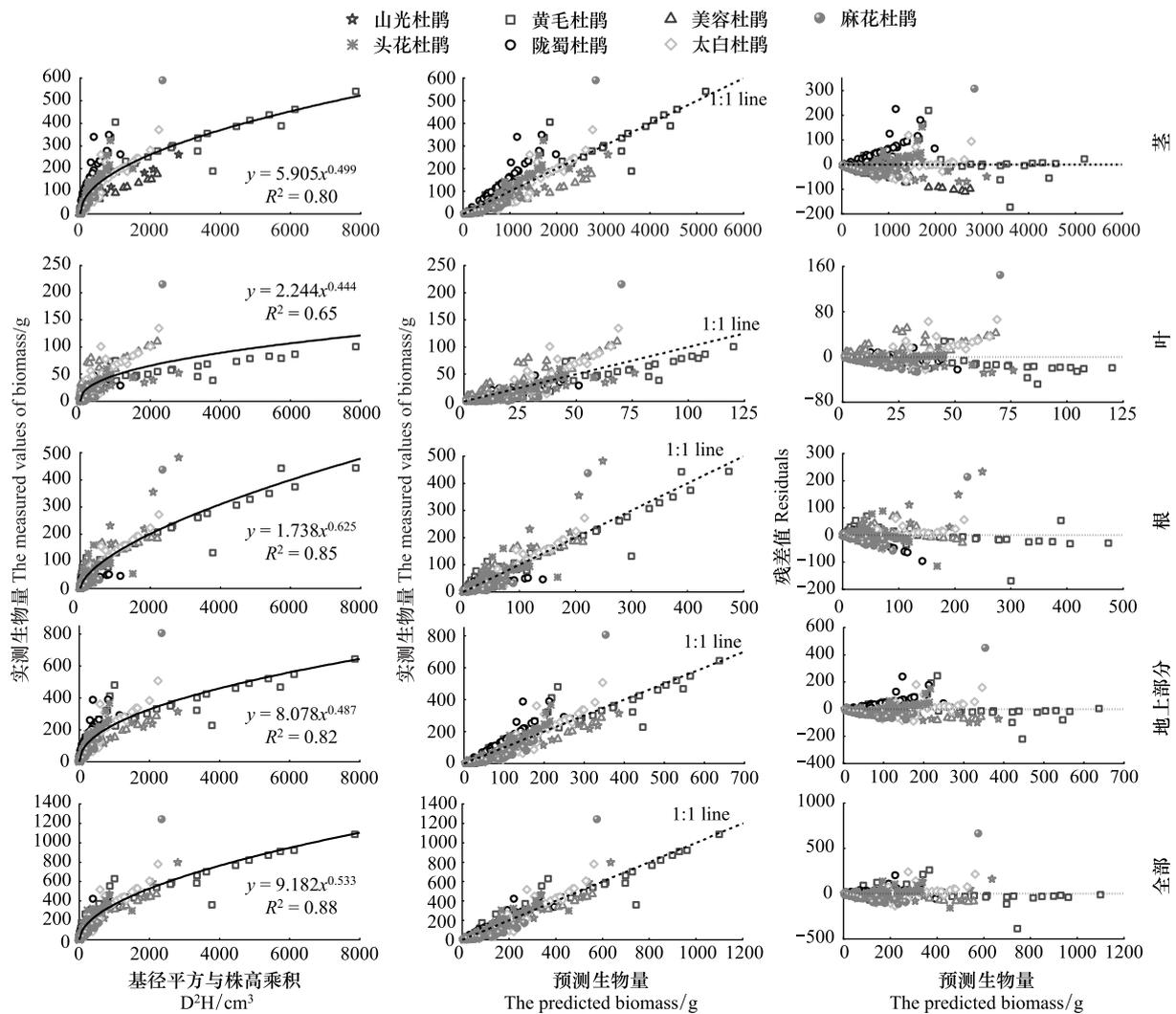


图3 混合物种最优模型拟合

Fig.3 The optimal fitting models of the mixed-species' model

函数、指数函数及其变形函数是模拟灌木或小树生物量的最佳方程^[3-4,7,13,16]。在许多研究中,线性函数是仅次于幂函数的最优模型^[23,25-27],但其易忽略植物生长过程中各器官生物量积累的异速生长规律^[10];对数函数预测生物量时又容易产生大个体的偏小估计^[28];指数函数对生物量模拟的可靠性也较低,尤其容易造成小个体的偏大估计^[6];幂函数(相对生长模型、异速生长方程)参数稳定性强,不仅是许多研究中的最优模型^[1,23,26-27,29],而且部分拟合参数在代谢生态学理论中还具有一定的生物学意义,如采用标准化主轴估计的叶生物量与基径、枝长的指数可分别替代植物的分支半径指数和分支长度指数^[30-31]。本研究采用4种函数构建了甘肃南部7种高寒杜鹃根、茎、叶器官和地上部分及单株总生物量的700组方程,对700组方程的 R^2 分析发现幂函数和一次函数的整体拟合效果较好(图2);筛选后的最优生物量模型也以幂函数为主,并有少量的一次函数和指数函数(表1),而混合物种的生物量模型则全部为幂函数,其结果与亚热带山地杜鹃(*Rh. simsii*)灌丛的有一定的相似性^[23]。鉴于幂函数模型的拟合优势和拟合指数的生物学意义,建议在生物量模型构建过程中应优先考虑幂函数,并加强幂函数拟合系数生物学意义的探究及其物种差异和环境影响的分析。

3.2 自变量的选择

考虑到灌木丛生情况、主干明显程度、外部形态、分支状况等特点,在生物量建模研究中不仅有基径、株高、基径与株高的复合因子等为自变量,还可将冠幅、冠幅体积等易测因子作为自变量^[3,7,12,14,16]。如罗永开

等^[3]对山西芦芽山 14 种灌木生物量建模中就发现,银露梅(*Potentilla glabra*)、鬼箭锦鸡儿(*Caragana jubata*)的预测变量以冠幅面积最优,而其余较多以冠幅体积最优;姚雪玲等^[14]也指出冠幅对 6 种沙地灌木的预测能力较高^[14]。不同自变量反映着不同的生物学意义,株高、基径体现个体纵向或横向生长方面的变化^[3, 6, 13],而生物量积累是多维变量,是生物个体各种变化的综合,选用多维自变量将会更好地反映出个体生物量的变异^[13],如 D^2H 在一定程度上代表了植物的横纵面积,因而被认为是最佳的自变量^[13, 15]。但也有学者认为模型中引进较多变量可一定程度上提高预测精度,而过多变量不仅增加实际调查难度,还可能降低模型的实用性,就复合因子 D^2H 在基径基础上引进株高将使模型增加新的变异^[6, 23];Ketterings 等^[32]还指出尽管灌丛株高的测量较为方便,引入株高可能增加方程外推时的适用性。因此,在复合因子选择与基径之间权衡时,还应考虑株高的变异性。灌木生物量估测参数的选择还与灌木形态有着密切关系,以 D 或 D^2H 为自变量在预测主干比较明显的灌木时效果明显,而冠幅直径或冠幅面积在预测多分枝、无明显主干的灌木时精度较高^[3, 12, 16-17, 20, 27]。本研究中 700 组方程中以 D 和 D^2H 为自变量的模拟较好(图 2)、遴选出的最优方程中也以 D 和 D^2H 为主,另有部分自变量为 H (表 2),而混合物种模型中均为 D^2H (图 3),研究结果与亚热带山地杜鹃的具有相似性^[23],除个别样本外,所采集到的 7 种杜鹃的样本主干均较明显。部分陇蜀杜鹃样本是单丛生长,主干不明显,拟合结果中次优生物量模型的自变量以冠幅居多。

自变量的稳定性也可能是影响模拟效果的重要方面。在本研究中,冠幅及其相关的冠幅体积未被遴选出最优方程的预测变量,除与杜鹃的形态结构有关外,还可能与冠幅的稳定性有关。7 种杜鹃基径、株高和冠幅的变异系数分别介于 43.66%—79.06%、28.89%—81.33% 和 87.70%—232.13% 之间(表 1),冠幅在物种内的变异强度大,并明显大于基径和株高,在物种间变异强度的差别也大,同时不规则的冠层形态结构也容易带来冠幅的测量误差,从而削弱其模拟精度;而基径在不同物种间的变异强度的差异最小,是最为稳定的易测性状,所以成为更多生物量模型的首选自变量。

3.3 混合物种模型

在植物生物量建模过程中,如遇到树种相似时,可考虑建立混合物种生物量模型^[13, 15, 20-21, 23],且混合模型还具有在转化到林分水平时能更好降低不确定性的优势^[20],万五星等^[13]对河北雾灵山 15 种灌木的研究发现,混合物种生物量模型普遍适用于大多数植物,但不适用于材质密度相差太大的物种;左舒翟等^[15]对亚热带常绿阔叶林 9 种常见树种生物量研究时指出并非所有树种的单物种模型都优于混合物种模型。混合物种的生物量模型建立的基础是灌木生长发育过程中生物量变化趋势的相似性^[13, 20],本研究所构建的 7 种同科同属的高寒杜鹃混合物种模型可以较好地模拟混合样本各器官生物量、地上生物量和总生物量的变化(图 3),除叶生物量外,模拟值和实测值的关系均较为紧密(表 3),叶生物量的模拟程度低可能与其单叶面积等叶片功能性状存在关系,这种关系期待在今后的研究中探索。

4 结论

本研究建立了甘肃南部 7 种高寒杜鹃单物种和混合物种根、茎、叶器官生物量和地上生物量、总生物量的预测模型,这些模型以幂函数为主,并有部分的一次函数和指数函数,在进行模型预测时只需测量基径、株高并计算基径平方与株高乘积的复合因子,但要注意模型应用时不应超出预测变量的可变性范围。本研究所建立的高寒杜鹃灌木生物量模型将有助于我国西部高山-亚高山地区高寒灌丛生物量的测定及碳汇能力的估算。

参考文献(References):

- [1] Zianis D, Mencuccini M. On simplifying allometric analyses of forest biomass. *Forest Ecology and Management*, 2004, 187(2/3): 311-332.
- [2] Xu H, Wang Z J, Li Y, He J L, Wu X D. Dynamic growth models for *Caragana korshinskii* shrub biomass in China. *Journal of Environmental Management*, 2020, 269: 110675.
- [3] 罗永开, 方精云, 胡会峰. 山西芦芽山 14 种常见灌木生物量模型及生物量分配. *植物生态学报*, 2017, 41(1): 115-125.

- [4] Sah J P, Ross M S, Koptur S, Snyder J R. Estimating aboveground biomass of broadleaved woody plants in the understory of Florida Keys pine forests. *Forest Ecology and Management*, 2004, 203(1-3): 319-329.
- [5] Subedi M R, Sharma R P. Allometric biomass models for bark of *Cinnamomum tamala* in mid-hill of Nepal. *Biomass and Bioenergy*, 2012, 47: 44-49.
- [6] 汪珍川, 杜虎, 宋同清, 彭晚霞, 曾馥平, 曾昭霞, 张浩. 广西主要树种(组)异速生长模型及森林生物量特征. *生态学报*, 2015, 35(13): 4462-4472.
- [7] Paton D, Nuñez J, Bao D, Muñoz A. Forage biomass of 22 shrub species from Monfragüe Natural Park (SW Spain) assessed by log - log regression models. *Journal of Arid Environments*, 2002, 52(2): 223-231.
- [8] 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.
- [9] 王佳慧, 李凤日, 董利虎. 基于不同预测变量的天然椴树可加性地上生物量模型构建. *应用生态学报*, 2018, 29(11): 3685-3695.
- [10] 王冬至, 张冬燕, 蒋凤玲, 许中旗, 张志东, 黄选瑞. 三个主要树种单木生物量及其器官分配模型. *自然资源学报*, 2018, 33(8): 1390-1401.
- [11] Huff S, Poudel K P, Ritchie M, Temesgen H. Quantifying aboveground biomass for common shrubs in northeastern California using nonlinear mixed effect models. *Forest Ecology and Management*, 2018, 424: 154-163.
- [12] Huff S, Ritchie M, Temesgen H. Allometric equations for estimating aboveground biomass for common shrubs in northeastern California. *Forest Ecology and Management*, 2017, 398: 48-63.
- [13] 万五星, 王效科, 李东义, 冯学全, 张千千, 于小红. 暖温带森林生态系统林下灌木生物量相对生长模型. *生态学报*, 2014, 34(23): 6985-6992.
- [14] 姚雪玲, 姜丽娜, 李龙, 王锋, 吴波, 郭秀江. 浑善达克沙地 6 种灌木生物量模拟. *生态学报*, 2019, 39(3): 905-912.
- [15] 左舒翟, 任引, 翁闲, 丁洪峰, 罗云建. 亚热带常绿阔叶林 9 个常见树种的生物量相对生长模型. *应用生态学报*, 2015, 26(2): 356-362.
- [16] 姚正阳, 刘建军. 西安市 4 种城市绿化灌木单株生物量估算模型. *应用生态学报*, 2014, 25(1): 111-116.
- [17] Zeng H Q, Liu Q J, Feng Z W, Ma Z Q. Biomass equations for four shrub species in subtropical China. *Journal of Forest Research*, 2017, 15(2): 83-90.
- [18] Elzein T M, Blarquez O, Gauthier O, Carcaillet C. Allometric equations for biomass assessment of subalpine dwarf shrubs. *Alpine Botany*, 2011, 121(2): 129-134.
- [19] Conti G, Gorné L D, Zeballos S R, Lipoma M L, Gatica G, Kowaljow E, Whitworth-Hulse J I, Cuchietti A, Poca M, Pestoni S, Fernandes P M. Developing allometric models to predict the individual aboveground biomass of shrubs worldwide. *Global Ecology and Biogeography*, 2019, 28(7): 961-975.
- [20] Ali A, Xu M S, Zhao Y T, Zhang Q Q, Zhou L L, Yang X D, Yan E R. Allometric biomass equations for shrub and small tree species in subtropical China. *Silva Fennica*, 2015, 49(4): 1275.
- [21] Abieh A, Muchey T, Tebikew M, Gebremariam Y, Alemu A. Species-specific allometric equations for improving aboveground biomass estimates of dry deciduous woodland ecosystems. *Journal of Forestry Research*, 2019, 30(5): 1619-1632.
- [22] 陈国鹏, 杨克彤, 王立, 王飞, 曹秀文, 陈林生. 甘肃南部 7 种高寒杜鹃生物量分配的异速生长关系. *植物生态学报*, 2020, 44(10): 1040-1049.
- [23] 张蕾, 李家湘, 徐文婷, 熊高明, 谢宗强. 中国亚热带山地杜鹃灌丛生物量分配及其碳密度估算. *植物生态学报*, 2017, 41(1): 43-52.
- [24] 高巧, 阳小成, 尹春英, 刘庆. 四川省甘孜藏族自治州高寒矮灌丛生物量分配及其碳密度的估算. *植物生态学报*, 2014, 38(4): 355-365.
- [25] 王文栋, 白志强, 阿里木·买买提, 刘端, 郭忠军. 天山林区 6 种优势种灌木生物量比较及估测模型. *生态学报*, 2016, 36(9): 2695-2704.
- [26] 马泽清, 刘琪璟, 徐雯佳, 李轩然, 刘迎春. 江西千烟洲人工针叶林下狗脊蕨群落生物量. *植物生态学报*, 2008, 32(1): 88-94.
- [27] 赵梦颖, 孙威, 罗永开, 梁存柱, 李智勇, 沈海花, 牛霞霞, 郑成洋, 胡会峰, 马文红. 内蒙古 26 种常见温带灌木的生物量模型. *干旱区研究*, 2019, 36(5): 1219-1228.
- [28] 尹惠妍, 张志伟, 李海奎. 中国主要乔木树种生物量方程. *中南林业科技大学学报*, 2019, 39(5): 63-69.
- [29] 陈国鹏, 赵文智, 何世雄, 付晓. 沙柳(*Salix psammophila*) 丛生枝生物量最优分配与异速生长. *中国沙漠*, 2016, 36(2): 357-363.
- [30] 马玉珠, 程栋梁, 钟全林, 靳冰洁, 林江铭, 卢宏典, 郭炳桥. 7 种木本植物的分支指数与代谢指数. *植物生态学报*, 2014, 38(6): 599-607.
- [31] 陈国鹏, 赵文智. 沙柳丛生枝代谢指数的龄级效应. *应用生态学报*, 2016, 27(6): 1870-1876.
- [32] Ketterings Q M, Coe R, Van Noordwijk M, Ambagau Y, Palm C A. Reducing uncertainty in the use of allometric biomass equations for predicting above-ground tree biomass in mixed secondary forests. *Forest Ecology and Management*, 2001, 146(1/3): 199-209.