

黄金君,舒清态,席磊,等. 基于层次贝叶斯法的高山松生物量估测模型[J]. 江苏农业学报, 2022, 38(5): 1265-1271.
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2022.05.013

基于层次贝叶斯法的高山松生物量估测模型

黄金君^{1,2}, 舒清态², 席磊², 孙杨², 刘玥伶²

(1. 广西壮族自治区中国科学院广西植物研究所, 广西 桂林 541006; 2. 西南林业大学林学院, 云南 昆明 650224)

摘要: 为研究层次贝叶斯法在高山松单木及不同组分生物量模型中的运用, 基于香格里拉市 I 区和 II 区共 115 株高山松天然林数据, 分别利用层次贝叶斯法与非层次贝叶斯法拟合高山松单木及各组分异速生物量模型, 最后使用十折交叉方法进行模型精度验证。结果表明: (1) 层次贝叶斯法拟合模型的效果优于非层次贝叶斯法, 利用层次贝叶斯法拟合单木及不同组分生物量模型的确定系数 (R^2) 精度提高区间为 [0.000 1, 0.012 0], 均方根误差 (RMSE) 降低区间为 [0.03 kg, 8.94 kg], 平均绝对误差 (MAD) 降低区间为 [0.03 kg, 3.31 kg]。 (2) 对比层次与非层次贝叶斯法拟合单木及不同组分生物量模型的结果发现, 树干生物量、木材生物量和单木生物量模型效果最优, 树皮生物量、树冠生物量和树枝生物量模型效果较优, 树叶生物量模型效果较差。层次贝叶斯法拟合的 R^2 区间为 [0.365 0, 0.965 0], 非层次贝叶斯法拟合的 R^2 区间为 [0.437 0, 0.964 7]。与非层次贝叶斯法相比, 层次贝叶斯法可以有效提高生物量模型的估测精度 (树枝与树叶除外), 且这 2 种方法均可使用传统方法的估测结果作为先验信息, 更新模型的参数值, 提高建模灵活性。

关键词: 层次贝叶斯法; 非层次贝叶斯法; 异速生物量模型; 高山松

中图分类号: S711 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2022)05-1265-07

Research on biomass estimation model for *Pinus densata* based on hierarchical Bayesian method

HUANG Jin-jun^{1,2}, SHU Qing-tai², XI Lei², SUN Yang², LIU Yue-ling²

(1. Guangxi Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Guilin 541006, China; 2. College of Forestry, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China)

Abstract: To study the application of hierarchical Bayesian method in biomass models for single tree and different components of *Pinus densata*, hierarchical Bayesian method and non-hierarchical Bayesian method were used respectively to fit the allometric biomass models of single *P. densata* tree and different tree components based on data of 115 *P. densata* trees from natural forests in Districts I and II of Shangri-La City. Finally, ten-fold crossover method was used to verify the accuracy of the models. The results showed that, firstly, effect of fitting model based on hierarchical Bayesian method was better than that based on non-hierarchical Bayesian method. The improvement interval of determination coefficient (R^2) accuracy in biomass fitting models for single tree and different tree components by using hierarchical Bayesian method was [0.000 1, 0.012 0]. The reduction ranges of root-mean-square error (RMSE) and mean absolute deviation (MAD) were [0.03 kg, 8.94 kg] and [0.03 kg, 3.31 kg], respectively.

Secondly, by comparing the results of hierarchical Bayesian and non-hierarchical Bayesian methods in fitting biomass models of single tree and different tree components, it was found that models for trunk biomass, wood biomass and single tree biomass showed the best effects, while models for bark biomass, crown biomass and branch biomass showed good results, but models for leaf biomass showed poor results.

收稿日期: 2022-02-15

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31860205、31460194); 国家重点研发计划项目 (2018YFD0600100); 云南省教育厅科学研究基金项目 (2021Y249)

作者简介: 黄金君 (1998-), 女, 广西南宁人, 硕士研究生, 主要从事资源与环境遥感研究。 (E-mail) 330061594@qq.com

通讯作者: 舒清态, (E-mail) shuqt@163.com

The R^2 intervals fitted by hierarchical Bayesian method and non-hierarchical Bayesian method were [0.365 0, 0.965 0] and [0.437 0, 0.964 7], respectively. Compared with non-hierarchical Bayesian method, hierarchical Bayesian method can effectively improve the estimation accuracy of biomass models (except for branches and leaves), and both methods can use the estimated results of traditional methods as prior information to update the parameter values of the models and improve flexibility of modeling.

Key words: hierarchical Bayesian method; non-hierarchical Bayesian method; allometric biomass model; *Pinus densata*

森林地上生物量 (AGB) 作为森林生态系统能量交汇以及生态健康功能评价的重要指标, 对全球陆地与大气间的碳物质平衡影响巨大。根据《2019 年中国国土绿化状况公报》, 中国森林覆盖率已达到 22.96% (2019 年 6 月 17 日), 相比于全国第 8 次森林资源清查的覆盖率提高了 1.33 个百分点。加强对乔木林不同器官生物量的研究, 获得更加精准的森林地上生物量数据, 对于深入研究森林生态系统生产力以及揭示陆地生态系统结构与生态环境的关系具有重要的科学与现实价值^[1-2]。当前国内外估测森林地上生物量的方法主要基于森林资源清查法与基于遥感估测法, 基于森林资源清查法是指利用高密度样地调查获得的数据建立不同树种异速生物量模型, 进而估算不同尺度的森林地上生物量^[3]。异速生物量模型通过将易测的胸径或树高等指标相结合以提供一种高效简单的估算生物量方法, 目前已被广泛应用^[4-5]。然而使用传统方法拟合异速生物量模型存在过多局限, 其只将模型参数视作固定变量, 未能综合考虑存在的多种生物或非生物因素^[6-7]。因此选用层次贝叶斯方法有助于解决这一问题, 其利用概率分布描述模型中的未知变量, 并将样本信息与参量视作随机变量^[8]。在当前精准提升森林质量的背景下, 贝叶斯方法正逐渐成为林业领域中学者们研究的热点。Green 等^[9]于 1992 年首次在林业应用中引入层次贝叶斯方法, 并于 1996 年建立了基于种植园杉木的贝叶斯模型^[10]。Clark 等^[11]于 2007 年使用贝叶斯方法建立了树木直径生长模型, Metcalf 等^[12]于 2009 年建立了基于非参数贝叶斯法的树木死亡率模型, 张雄清等^[13]于 2014 年建立了基于贝叶斯法的杉木人工林树高增长模型, 王冬至等^[14]于 2019 年建立了基于贝叶斯法的针阔混交林树高与胸径混合效应模型, 姚丹丹等^[15]于 2020 年建立了基于贝叶斯法的蒙古栎林单木树高-胸径模型。已有研究结果表明, 利用贝叶斯方法可以有效提高模型估测精度与可靠程度。层次贝叶斯法基于贝叶斯理论发展, 通过分离不同层面中

多个参数的复杂关系, 从而充分发挥具有层次结构模型的优势。本研究以高山松天然林为研究对象, 以区域为分层单位, 分别采用层次贝叶斯法与非层次贝叶斯法构建高精度单木及不同组分生物量估测模型, 探讨贝叶斯方法在单木及不同组分生物量估测模型中的运用。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

以云南省香格里拉市小中甸镇和洛吉乡的高山松天然林为研究对象。小中甸镇地理坐标为 99°36'~99°59'E, 27°20'~27°43'N, 地处香格里拉市南部高寒坝区, 多年平均气温 5.8℃, 森林覆盖度 69.42%, 主要乔木树种包括高山松 (*Pinus densata* Mast)、云杉 (*Picea asperata* Mast)、冷杉 [*Abies fabri* (Mast.) Craib]、落叶松 [*Larix gmelin* II (Rupr.) Kuzen] 等。洛吉乡地理坐标为 99°55'~100°19'E, 27°38'~28°06'N, 地处香格里拉市东部, 海拔差异悬殊大, 南部河谷区最低点海拔为 1 503 m, 北部高寒山区最高点海拔为 4 495 m, 南部河谷区年平均气温为 13~15℃, 北部高寒山区年平均气温为 5.5℃, 森林覆盖度为 78%, 主要乔木树种有高山松 (*Pinus densata* Mast)、云南松 (*Pinus yunnanensis* Franch)、冷杉 [*Abies fabri* (Mast.) Craib]、云杉 (*Picea asperata* Mast)、落叶松 [*Larix gmelin* II (Rupr.) Kuzen]、核桃 (*Juglans regia* L.) 等。将在小中甸镇和洛吉乡采集到的数据分为区域 I 和区域 II, 基本数据信息如表 1 所示。2 个区域高山松的胸径和树高数据包含区域间与样地间的嵌套关系, 即分层数据^[16]。数据分为 2 层, 第 1 层是地域空间的胸径和树高数据, 第 2 层为每个地域空间内样本的胸径和树高数据。通过对研究区样本数据进行方差分析可知, 单木样本数据之间存在显著的地域性差异。

1.2 数据来源

分别在 2 个区域内同一森林类型的林分中设置

56块面积为30 m×30 m的高山松天然纯林标准样地,记录样地的中心点经纬度坐标、海拔、坡度和坡向等空间位置信息,郁闭度、林龄和龄级等测树学因子。最后于每块样地中随机选择1~3株具有代表性的高山松单木,伐倒后测定其生物学特性。伐倒样木共计115株,包括区域I的60株样木和区域II的55株样木,每株高山松的数据被分成单木生物量、树干生物量、木材生物量、树皮生物量、树枝生物量、树冠生物量和树叶生物量7个组分来分别进行测定。树干生物量主要采用材积密度法测量,枝、叶生物量采用分级标准枝法测量。最后分别取样称量,烘干处理后计算单木生物量及各器官的生物量(表2)。

表2 单木及不同组分的高山松生物量数据

Table 2 *Pinus densata* biomass data of single tree and different tree components

研究区域	类别	不同组分生物量 (kg)						
		单木	树干	木材	树皮	树枝	树冠	树叶
小中甸镇	均值	109.80	79.79	72.38	7.41	25.30	30.05	4.74
	标准差	94.70	67.25	61.10	7.02	25.77	29.94	4.85
	最小值	4.02	2.93	2.55	0.25	0.21	0.27	0.06
	最大值	378.16	249.88	231.38	30.66	109.65	128.28	21.36
洛吉乡	均值	425.65	361.79	319.77	42.02	55.72	63.86	8.15
	标准差	413.23	358.45	322.92	39.61	53.14	60.90	8.59
	最小值	6.12	3.98	3.62	0.36	0.82	1.47	0.30
	最大值	1 398.68	1 222.85	1 088.25	134.60	160.65	184.10	34.84

表1 高山松基本数据信息

Table 1 Basic information of *Pinus densata*

研究区域	类别	胸径 (cm)	树高 (m)	海拔 (m)	坡度 (°)
小中甸镇	均值	18.05	11.52	3 247.00	4.42
	方差	62.82	8.15	88.40	7.60
	最小值	5.60	4.20	3 224.00	0.81
	最大值	34.60	15.10	3 253.00	15.97
洛吉乡	均值	29.74	18.73	3 424.00	19.15
	方差	225.38	49.67	1 294.54	24.15
	最小值	6.80	5.00	3 300.00	5.71
	最大值	58.90	33.00	3 469.00	29.51

1.3 异速生物量模型的建立

异速生长方程反映了树木各维量间按比例变化协调增长的关系,具有广泛的适应性、较高的灵活性和良好的拟合性等特性,因此该方程在森林生物量估算中被广泛应用^[17-18]。模型表达式为:

$$G = aD^b H^c \quad (1)$$

式中: G 代表高山松单木及不同组分的生物量, D 代表胸径, H 代表树高, a 、 b 、 c 代表高山松单木及不同组分生物量模型的异速生长参数。

1.4 研究方法

1.4.1 非层次贝叶斯法 随着马尔科夫链蒙特卡罗(MCMC)方法的逐渐成熟,贝叶斯方法在多个领域的研究与应用越来越广泛^[19-20]。与经典统计学方法相比,贝叶斯方法包含1个最为重要的要素(参数的先验信息),该方法通过在已有知识的基础上推测出新的信息,即得到所求模型参数的后验分布。经典统计学方法将未知参数视作固定变量,只

考虑样本与整体信息,而贝叶斯方法综合考虑样本信息、整体信息及先验信息,并使用概率分布描述模型的未知参数。在未进行样本数据抽样时,研究人员根据已有的文献资料或经典统计学方法得到模型参数 ϑ 的信息(如均值与方差),且设定了1个概率分布 $R(\vartheta)$ 来描述该信息的随机性,此分布则成为参数 ϑ 的先验分布。将本研究的高山松样本数据设为 $M=(M_1, \dots, M_n)$,似然函数为 $L(M|\vartheta)$,后验分布 $R(\vartheta|M)$ 则是建立在先验分布 $R(\vartheta)$ 与似然函数的基础上,样本数据的边缘概率密度分布为 $\int L(M|\vartheta)R(\vartheta)d\vartheta$,最后由贝叶斯公式对先验分布、似然函数以及后验分布进行组合,计算公式如下:

$$R(\vartheta|M) = \frac{L(\vartheta, M)}{L(M)} = \frac{L(M|\vartheta)R(\vartheta)}{\int L(M|\vartheta)R(\vartheta)d\vartheta} \quad (2)$$

1.4.2 层次贝叶斯法 层次贝叶斯法作为现代贝叶斯方法中极为典型的代表,通过对不同层次上多

个参数间的复杂关系进行分离,解决了普通贝叶斯法对于复杂参数分布估计的困难^[21]。与普通贝叶斯法相比,层次贝叶斯法允许不同的参数出现在不同层面上,且采用了分层先验信息,有助于消除先验信息对模型估计结果的过度影响,分层先验的表达式如下:

$$R(\vartheta) = \int R_1(\vartheta|\tau)R_2(\tau)d\tau \quad (3)$$

首先对未知参数 ϑ 设定 1 个已知先验分布 $\vartheta \sim R_1(\vartheta|\tau)$,当给定的先验分布中超参数 τ 难以确定时,再给出 1 个超先验 $R_2(\tau)$,因此由先验与超先验共同构成新的先验,称为分层先验。由参数 ϑ 和超参数 τ 组成的后验分布函数为:

$$R(\vartheta, \tau|M) \propto R(M|\vartheta, \tau)R_1(\vartheta|\tau)R_2(\tau) \quad (4)$$

在本研究中不仅采用分层先验信息,同时还对数据进行了分层。假设样本数据被分成 K 组,即把单木及不同组分生物量的数据分成了 I 区和 II 区,样本观测值 $M_{ij}(i=1,2,3,\dots,K; j=1,2,3,\dots,N_i)$ 代表第 i 组中第 j 个样本观测值, I 区和 II 区之间样本观测值差异较大,每个组内的样本观测值差异较小。

1.4.3 先验信息 贝叶斯方法中丰富的先验信息影响着模型参数的估计,需要为所求参数构造适当的先验分布。有些研究人员建议采用无信息先验,无信息先验通常出现在方差无穷大与均值为 0 的高斯分布中,对参数不会造成太大的影响。也可采用有信息先验(Informative prior)作为贝叶斯方法的先验分布信息,其来源于统计学方法计算得到的数据或前人的研究成果等^[22]。本研究采用非线性最小二乘法的估计结果作为非层次贝叶斯法与层次贝叶斯法的先验信息^[23]。

1.5 软件处理

使用 OpenBUGS 软件^[24]实现层次贝叶斯法与非层次贝叶斯法的模型参数估计。OpenBUGS 软件以 MCMC 方法为基础,通过 Gibbs 和 Metropolis 算法从参数的后验分布中抽样,从而完成马尔科夫链的迭代以及参数的估计,极大促进了贝叶斯方法的应用。

1.6 模型精度评价方法

采用十折交叉验证方法,将高山松样本数据集分成 10 份,轮流将数据集中的 9 份作为训练数据,剩下的 1 份作为测试数据。通过选用决定系数(R^2)、均方根误差(RMSE)和平均绝对误差(MAD)3 个指标,对层次贝叶斯法与非层次贝叶斯法拟合不同组分异速生物量模型的精度进行评价,每个指标

的计算公式如下:

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2} \quad (5)$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2} \quad (6)$$

$$MAD = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i| \quad (7)$$

式(5)、式(6)与式(7)中, \hat{y}_i 代表模型估测值(单木及不同组分生物量), y_i 代表样本观测值, \bar{y} 代表样本观测值的均值, n 代表样本数。在使用十折交叉验证方法对模型效果进行评价的过程中,决定系数越接近 1,均方根误差和平均绝对误差越低,说明模型精度越好。

2 结果与分析

2.1 基于非层次贝叶斯法的参数估计结果分析

采用非层次贝叶斯法对高山松单木及不同组分异速生物量模型[公式(1)]进行拟合,发现模型 R^2 均较高(树叶生物量模型除外)且存在极显著差异($P < 0.01$),表明该方法适合该方程的拟合。为获得准确的异速生长后验参数估计值,本研究最开始设置 1 000 次抽样以消除初始值对抽样的影响,待模型参数拟合稳定后迭代次数设为 10 000 次。迭代完成后便可得到非层次贝叶斯法中各个器官异速生长参数的均值、标准差和 95% 置信区间。如表 3 所示,异速生长参数 a 的标准差和 95% 置信区间范围 < 异速生长参数 b 的标准差和 95% 置信区间范围 < 异速生长参数 c 的标准差和 95% 置信区间范围,说明异速生长参数 a 的估计值在模型抽样迭代过程中比参数 b 和参数 c 更稳定。

2.2 基于层次贝叶斯法的参数估计结果分析

使用非线性最小二乘法的估计结果作为先验信息,以区域进行分层,采用层次贝叶斯法对高山松单木及不同组分异速生物量模型[公式(1)]进行拟合,发现模型 R^2 均较高(树叶生物量模型除外)且存在极显著差异($P < 0.01$),表明该方法适合该方程的拟合。为获得最优的模型参数后验估计值,本研究共设置 11 000 次迭代,得到层次贝叶斯法 I 区和 II 区中各个器官异速生长参数的均值、标准差和 95% 置信区间。层次贝叶斯法的参数估计结果如表 4 所示,可见 I 区和 II 区中各个器官异速生物量模型均有不同的异速生长

参数,且参数的均值差异较大,说明不同区域中各个器官的生物量存在差异。异速生长参数 a 的标准差

和 95%置信区间范围整体上小于异速生长参数 b 和 c ,与非层次贝叶斯法的估计结果一致。

表 3 基于非层次贝叶斯法的单木及不同组分生物量模型参数估计结果

Table 3 Parameter estimation results of biomass models for single tree and different tree components based on non-hierarchical Bayesian method

生物量模型	参数	参数估计值		95%置信区间		生物量模型	参数	参数估计值		95%置信区间	
		均值	标准差	下限	上限			均值	标准差	下限	上限
单木	a	0.079 7	0.011 9	0.056 4	0.103 1	树枝	a	0.173 7	0.068 7	0.039 2	0.309 1
	b	1.661 0	0.076 0	1.514 0	1.811 0		b	1.998 0	0.236 7	1.541 0	2.466 0
	c	0.908 3	0.089 9	0.732 4	1.083 0		c	-0.419 2	0.265 3	-0.938 3	0.096 3
树干	a	0.033 8	0.004 6	0.024 9	0.042 8	树冠	a	0.202 7	0.078 1	0.052 0	0.357 0
	b	1.637 0	0.062 8	1.516 0	1.761 0		b	2.046 0	0.232 7	1.590 0	2.498 0
	c	1.142 0	0.074 8	0.995 5	1.287 0		c	-0.493 1	0.262 4	-1.007 0	0.023 9
木材	a	0.026 7	0.004 4	0.018 0	0.035 5	树叶	a	0.044 8	0.023 0	-0.000 1	0.090 1
	b	1.722 0	0.077 1	1.573 0	1.875 0		b	2.334 0	0.311 3	1.734 0	2.949 0
	c	1.078 0	0.091 3	0.899 5	1.255 0		c	-0.959 3	0.336 6	-1.618 0	-0.305 1
树皮	a	0.007 9	0.003 5	0.001 1	0.014 8						
	b	0.992 1	0.211 1	0.584 8	1.409 0						
	c	1.661 0	0.264 3	1.144 0	2.175 0						

$a \sim c$ 为高山松单木及不同组分生物量模型的异速生长参数。

表 4 基于层次贝叶斯法的单木及不同组分生物量模型参数估计结果

Table 4 Parameter estimation results of biomass models for single tree and different tree components based on hierarchical Bayesian method

生物量模型	参数	参数估计值		95%置信区间		生物量模型	参数	参数估计值		95%置信区间	
		均值	标准差	下限	上限			均值	标准差	下限	上限
总树	a_1	0.029 3	0.023 0	-0.015 00	0.075 30	总树	a_2	0.053 2	0.015 4	0.023 50	0.083 90
	b_1	1.831 0	0.134 2	1.566 00	2.094 00		b_2	1.596 0	0.104 2	1.390 00	1.800 00
	c_1	1.089 0	0.366 4	0.372 00	1.810 00		c_2	1.097 0	0.146 6	0.810 00	1.385 00
树干	a_1	0.010 3	0.008 6	-0.006 20	0.027 50	树干	a_2	0.031 2	0.007 3	0.016 00	0.044 70
	b_1	1.567 0	0.137 2	1.296 00	1.836 00		b_2	1.630 0	0.854 2	1.462 00	1.797 00
	c_1	1.691 0	0.392 9	0.921 90	2.463 00		c_2	1.183 0	0.119 1	0.950 10	1.417 00
木材	a_1	0.011 7	0.010 6	-0.008 80	0.032 90	木材	a_2	0.020 7	0.006 3	0.008 50	0.033 30
	b_1	1.541 0	0.151 2	1.242 00	1.837 00		b_2	1.722 0	0.106 5	1.512 00	1.930 00
	c_1	1.639 0	0.431 2	0.794 70	2.486 00		c_2	1.155 0	0.147 2	0.866 40	1.444 00
树皮	a_1	0.000 05	0.000 08	-0.000 09	0.000 02	树皮	a_2	0.017 8	0.014 2	-0.009 50	0.046 10
	b_1	1.858 0	0.226 6	1.411 00	2.302 00		b_2	1.002 0	0.310 7	0.389 20	1.610 00
	c_1	2.441 0	0.664 0	1.142 00	3.747 00		c_2	1.488 0	0.456 3	0.594 50	2.385 00
树枝	a_1	0.022 3	0.030 5	-0.036 50	0.083 40	树枝	a_2	0.073 1	0.069 7	-0.061 10	0.212 30
	b_1	2.497 0	0.256 6	1.991 00	3.000 00		b_2	1.495 0	0.393 0	0.720 50	2.265 00
	c_1	-0.186 0	0.614 9	-1.390 00	1.023 00		c_2	0.482 2	0.576 3	-0.646 00	1.615 00
树冠	a_1	0.024 8	0.032 6	-0.037 90	0.089 90	树冠	a_2	0.078 1	0.074 4	-0.065 30	0.226 70
	b_1	2.432 0	0.244 5	1.950 00	2.910 00		b_2	1.551 0	0.390 8	0.780 50	2.316 00
	c_1	-0.080 2	0.593 1	-1.241 00	1.086 00		c_2	0.438 6	0.571 6	-0.680 50	1.562 00
树叶	a_1	0.000 5	0.004 4	-0.008 20	0.009 10	树叶	a_2	0.004 6	0.006 5	-0.007 90	0.017 60
	b_1	2.089 0	0.342 1	1.414 00	2.759 00		b_2	1.993 0	0.548 5	0.912 20	3.068 00
	c_1	0.547 9	0.888 1	-1.191 00	2.294 00		c_2	0.157 4	0.784 0	-1.378 00	1.698 00

a_1, b_1, c_1 和 a_2, b_2, c_2 分别为Ⅰ区和Ⅱ区中高山松单木及不同组分生物量模型的异速生长参数。

2.3 不同方法拟合高山松异速生物量模型的精度对比分析

用层次贝叶斯法与非层次贝叶斯法拟合高山松不同组分异速生物量模型的结果(表 5)显示,这 2 种方法的决定系数(R^2)、均方根误差($RMSE$)和平均绝对误差(MAD)呈现的规律一致:树干生物量、木材生物量和单木生物量模型效果最优,树皮生物量、树冠生物量和树枝生物量模型效果较优,树叶生物量模型效果较差,层次贝叶斯法拟合模型的 R^2 区间为[0.365 0,0.965 0],非层次贝叶斯法拟合模型的 R^2 区间为[0.437 0,0.964 7]。通过对比层次贝叶斯法与非层次贝叶斯法拟合模型的效果发现,层次贝叶斯法拟合模型的效果更好(树枝与树叶生物量模型除外),用该法拟合的单木生物量、树干生物量、木材生物量、树皮生物量和树冠生物量模型的 R^2 分别较非层次贝叶斯法提高了 0.012 0、0.000 3、0.000 1、0.006 5、0.005 6, $RMSE$ 分别降低了 8.94 kg、0.28 kg、0.03 kg、0.30 kg、0.27 kg, MAD 分别降低了 3.31 kg、0.11 kg、0.42 kg、0.03 kg、0.30 kg。

表 5 基于单木及不同组分异速生物量模型的不同方法精度结果对比

Table 5 Comparison of the accuracy results by different methods based on allometric biomass models for single tree and different tree components

部位	层次贝叶斯法			非层次贝叶斯法		
	R^2	$RMSE$ (kg)	MAD (kg)	R^2	$RMSE$ (kg)	MAD (kg)
单木	0.956 2	69.30	47.91	0.944 2	78.24	51.22
树干	0.965 0	53.72	37.18	0.964 7	54.00	37.29
木材	0.961 2	50.63	33.20	0.961 1	50.66	33.62
树皮	0.869 3	11.77	7.61	0.862 8	12.07	7.64
树冠	0.757 1	24.59	16.94	0.751 5	24.86	17.24
树枝	0.738 4	22.28	13.28	0.785 0	20.19	15.28
树叶	0.365 0	5.61	3.64	0.437 0	5.28	3.95

$RMSE$:均方根误差; MAD :平均绝对误差。

3 讨论与结论

本研究主要探讨了贝叶斯方法在异速生物量模型中的应用,选取香格里拉市 I 区和 II 区共 115 株高山松单木进行解析,每株高山松的数据被分成单木生物量、树干生物量、木材生物量、树皮生物量、树冠生物量、树枝生物量和树叶生物量 7 个组分来进

行测定,重点分析了层次贝叶斯法与非层次贝叶斯法拟合不同组分异速生物量模型中存在的差异,证实不同区域对生物量产生了重要的影响。

贝叶斯方法的一个优势在于使用马尔科夫链判断模型参数的平稳分布与收敛,而经典统计学方法使用样本的渐进方差来判定,无法考虑样本数据中包含的不确定信息。在使用贝叶斯方法拟合不同组分异速生物量模型的过程中,除了树枝与树叶生物量模型,层次贝叶斯法的拟合效果整体优于非层次贝叶斯法。该结果一方面说明了层次贝叶斯法有助于提高生物量模型的估测精度与准确度,另一方面说明,树枝与树叶生物量占总树生物量的比例较小,所含有的不确定性因素较少^[25],因此使用非层次贝叶斯法效果更好。层次贝叶斯法适合分析包含多种不确定性因素的复杂数据,通过综合考虑多层面的各种因素以及将模型中的参数看作随机变量,来展现不同组间样本数据的异质性与同一组内不同样本数据的相异性,从而提高建模的灵活性和准确性。姚丹丹等^[26]使用层次贝叶斯法、贝叶斯法和非线性最小二乘法拟合蒙古栎林单木枯死模型,发现层次贝叶斯方法的模型结果最好。黄兴召等^[27]使用层次贝叶斯法拟合安徽省马鬃岭林场和福建省东安林场杉木的生物量转换因子函数时,发现设置区域为随机效应有助于提高模型精度,层次贝叶斯法可以解决区域对于某一类型森林生物量的影响。

本研究采用层次贝叶斯法与非层次贝叶斯法拟合了高山松单木及不同组分的异速生物量模型,提供了 1 种在区域层面上估计高山松生物量的有效方法。通过分析 2 种方法的精度发现,层次贝叶斯法拟合的单木生物量、树干生物量、木材生物量、树皮生物量和树冠生物量模型的 R^2 分别较非层次贝叶斯法提高了 0.012 0、0.000 3、0.000 1、0.006 5、0.005 6, $RMSE$ 分别降低了 8.94 kg、0.28 kg、0.03 kg、0.30 kg、0.27 kg, MAD 分别降低了 3.31 kg、0.11 kg、0.42 kg、0.03 kg、0.30 kg。通过对比 2 种方法对不同组分生物量模型拟合的效果发现,树干生物量、木材生物量和单木生物量模型的效果最优,树皮生物量、树冠生物量和树枝生物量模型的效果较优,树叶生物量模型的效果较差。综上所述,层次贝叶斯法可以有效地提高模型估测精度,且更适合分析在复杂环境中受多因素影响的数据,加强层次贝叶斯法在林业领域中的研究,将具有较大的参考意义。

参考文献:

- [1] 钱春花,李明阳,郑超. 苏南丘陵山区森林生物量时空变化驱动因素分析[J]. 江苏农业学报, 2021, 37(2): 382-388.
- [2] 陶惠林,冯海宽,徐良骥,等. 基于无人机高光谱遥感数据的冬小麦生物量估算[J]. 江苏农业学报, 2020, 36(5): 1154-1162.
- [3] 张志,田昕,陈尔学,等. 森林地上生物量估测方法研究综述[J]. 北京林业大学学报, 2011, 33(5): 144-150.
- [4] MUUKKONEN P. Generalized allometric volume and biomass equations for some tree species in Europe[J]. European Journal of Forest Research, 2007, 126(2): 157-166.
- [5] JAVKHLAN N, MUNKH-ERDENE B, GUANGLIANG L, et al. Allometric equations for estimating above-ground biomass of *Nitratia sibirica* Pall. in Gobi Desert of Mongolia[J]. PLoS One, 2020, 15(9): 1-11.
- [6] 张国斌,李秀芹,余新松,等. 安徽岭南优势树种(组)生物量特征[J]. 林业科学, 2012, 48(5): 136-140.
- [7] 薛春泉,徐期璐,林丽平,等. 广东主要乡土阔叶树种含年龄和胸径的单木生物量模型[J]. 林业科学, 2019, 55(2): 97-108.
- [8] ZAPATA-CUARTAS M, SIERRA C A, ALLEMAN L. Probability distribution of allometric coefficients and Bayesian estimation of aboveground tree biomass[J]. Forest Ecology & Management, 2012, 277: 173-179.
- [9] GREEN E J, STRAWDERMAN W E. A comparison of hierarchical Bayes and empirical Bayes methods[J]. Forest Science, 1992, 38(2): 350-366.
- [10] GREEN E J, STRAWDERMAN W E. A Bayesian growth and yield model for slash pine plantations[J]. Journal of Applied Statistics, 1996, 23(2/3): 285-299.
- [11] CLARK J S, WOLOSIN M, DIETZE M, et al. Tree growth inference and prediction from diameter censuses and ring widths[J]. Ecological Applications, 2007, 17(7): 1942-1953.
- [12] METCALF C J E, MCMAHON S M, CLARK J S. Overcoming data sparseness and parametric constraints in modeling of tree mortality: a new nonparametric Bayesian model[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2009, 39(9): 1677-1687.
- [13] 张雄清,张建国,段爱国. 基于贝叶斯法估计杉木人工林树高生长模型[J]. 林业科学, 2014, 50(3): 69-75.
- [14] 王冬至,张冬燕,李永宁,等. 基于贝叶斯法的针阔混交林树高与胸径混合效应模型[J]. 林业科学, 2019, 55(11): 85-94.
- [15] 姚丹丹,徐奇刚,闫晓旺,等. 基于贝叶斯方法的蒙古栎林单木树高-胸径模型[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2020, 44(1): 131-137.
- [16] FINLEY A O, BANERJEE S, CARLIN B P. spBayes: An R package for univariate and multivariate hierarchical point-referenced spatial models[J]. Journal of Statistical Software, 2007, 19(4): 1-24.
- [17] 王柯人,舒清态,赵洪莹,等. 高山松单木地上生物量模型不确定性研究[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2021, 41(2): 100-106.
- [18] 兰洁,肖中琪,李吉玫,等. 天山雪岭云杉生物量分配格局及异速生长模型[J]. 浙江农林大学学报, 2020, 37(3): 416-423.
- [19] 王宁. 基于分层贝叶斯分析的城镇登记失业率估计方法[D]. 天津: 天津财经大学, 2012.
- [20] 覃朝勇. 基于层次贝叶斯方法的关键词广告转化率影响因素研究[J]. 统计与决策, 2016(19): 64-67.
- [21] 杨锦涛. 基于层次贝叶斯方法的滑坡易发性评价建模研究[D]. 成都: 西南石油大学, 2019.
- [22] 崔令军,张雄清,段爱国,等. 基于分层贝叶斯法的杉木人工林最大密度线[J]. 林业科学, 2016, 52(9): 95-102.
- [23] 姚丹丹,雷相东,张则路. 基于贝叶斯法的长白落叶松林分优势高生长模型研究[J]. 北京林业大学学报, 2015, 37(3): 94-100.
- [24] 张继巍,高文龙,秦天燕,等. OpenBUGS 软件介绍及应用[J]. 中国卫生统计, 2017, 34(1): 170-172, 176.
- [25] DONGSHENG C, XINGZHAO H, XIAOMEI S, et al. A comparison of hierarchical and non-hierarchical Bayesian approaches for fitting allometric larch (*Larix* spp.) biomass equations[J]. Forests, 2016, 7(1): 18.
- [26] 姚丹丹,徐奇刚,闫晓旺,等. 基于贝叶斯方法的蒙古栎林单木枯死模型[J]. 北京林业大学学报, 2019, 41(9): 1-8.
- [27] 黄兴召,王泽夫,徐小牛. 生物量转换因子连续函数的拟合方法比较[J]. 浙江农林大学学报, 2017, 34(5): 775-781.

(责任编辑:张震林)