

阿尔泰山林下灌木生物量生长模型研究

王军^{1,2}, 何秉宇^{1,2*}

(1. 新疆大学资源与环境科学学院, 新疆乌鲁木齐 830046; 2. 新疆大学绿洲生态教育部重点实验室, 新疆乌鲁木齐 830046)

摘要 [目的]研究阿尔泰山林下灌木生物量生长模型。[方法]以新疆阿尔泰山常见的6种林下灌木多刺蔷薇(*Rosaspinosissima* Linn.)、蓝果忍冬(*Lonicera caerulea* Linn.)、黑果小檗(*Berberis heteropoda* Schrenk.)、新疆方枝柏(*Juniperus pseudosabina* Fisch. et Mey.)、大叶绣线菊(*Spiraea Chamardryfolia* Linn.)、黑果枸杞(*Cotoneaster melanocarpus* Lodd.)为研究对象,利用不同函数和自变量(D^2H)构建单一物种的器官及个体生物量估算模型,筛选出相关性最高、拟合度最好的模型作为生物量最佳估算模型。[结果]阿尔泰山6种常见灌木单株生物量从大到小依次为黑果枸杞[(20.78 ± 8.99)kg]、黑果小檗[(13.24 ± 6.14)kg]、蓝果忍冬[(12.17 ± 3.63)kg]、大叶绣线菊[(9.20 ± 3.74)kg]、新疆方枝柏[(4.87 ± 0.96)kg]、多刺蔷薇[(4.09 ± 1.78)kg];通过对不同物种不同营养器官的Pearson相关检验发现,除了新疆方枝柏外,其余5种灌木各营养器官生物量差异显著($P < 0.05$);对阿尔泰山6种灌木各营养器官生物量和单株生物量共拟合27组模型,其中线性函数7组,二项式函数9组,指数函数6组,对数函数4组,幂函数1组。27组函数均达到显著水平($P < 0.05$)。[结论]该研究可对阿尔泰山森林生物量的估算提供理论依据。

关键词 灌木;生物量;模型;阿尔泰山

中图分类号 S718.5 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2017)36-0157-04

Study on Biomass Estimation Model of Dominant Woody Shrubs in Altay MountainWANG Jun^{1,2}, HE Bing-yu^{1,2*} (1. College of Resources and Environment Science, Xinjiang University, Urumqi, Xinjiang 830046; 2. Key Lab of Oasis Ecology, Xinjiang University, Urumqi, Xinjiang 830046)

Abstract [Objective] To study the biomass estimation model of dominant woody shrubs in Altay Mountain. [Method] Taking 6 species of dominant woody shrubs (*Rosa spinosissima* L., *Lonicera caerulea* Linn., *Berberis heteropoda* Schrenk., *Juniperus pseudosabina* Fisch. et Mey., *Spiraea chamardryfolia* Linn., *Cotoneaster melanocarpus* Lodd.) in the eastern, central, and western areas of the Altay Mountains as research objects. Using different function and the independent variable (D^2H) to build a single species of organs and individual biomass estimation model, selecting the fit of the correlation between the highest and the best model as the best estimate of biomass model. [Result] The results showed that the 6 kinds of shrubs in order of the average biomass of an individual plant were *Cotoneaster melanocarpus* Lodd. [(20.78 ± 8.99)kg], *Berberis heteropoda* Schrenk. [(13.24 ± 6.14)kg], *Lonicera caerulea* Linn. [(12.17 ± 3.63)kg], *Spiraea Chamardryfolia* Linn. [(9.20 ± 3.74)kg], *Juniperus pseudosabina* Fisch. et Mey. [(4.87 ± 0.96)kg], *Rosaspinosissima* Linn. [(4.09 ± 1.78)kg]. Through the Pearson correlation test of different species in different vegetative organs, found that biomass of the other 5 kinds of shrubs vegetative organs differ significantly ($P < 0.05$) except the *Juniperus pseudosabina* Fisch. et Mey. Vegetative organs of 6 kinds of shrub biomass and plant biomass were fitting 27 groups, among them, 7 set of linear function, 9 set of binomial function, 6 set of exponential function, 4 set of logarithmic function, 1 set of power function. Function of 27 group were significant ($P < 0.05$). [Conclusion] This study can provide theory basis for the forest biomass estimation of Altay Mountains in the future.

Key words Shrubs; Biomass; Model; Altay Mountain

森林是人类和多种生物赖以生存和发展的基础。生物量是生态系统运行的能量基础和营养物质来源,也是整个生态系统生产力的重要体现^[1]。同时也是反映群落或生态系统功能强弱的重要指标。灌木是森林生态系统中的重要组成部分,在森林生态系统的生态保护、生态恢复和生态重建中担当着重要角色。目前,随着生态学的发展,对生物量的研究多集中于耕地^[2]、草原^[3-4],以及森林植被的乔木部分^[5-6],而对林下灌木植物生物量的研究较少^[7-8]。在有限的模型研究中,对灌木生物量估测的方法主要以生物量相对生长模型、生物量估算参数、遥感反演等途径进行估算^[9]。其中,生物量相对生长模型是指全株挖出样方中的标准木,得到各营养器官生物量,建立以地径、树高、冠幅等易测因子之间的相对关系构建回归模型,进而对生态系统中该类群植物生物量进行估算的方法。该方法为林木生物量的估算提供了简便有效的方法^[10],目前已得到广泛应用。

阿尔泰山是亚洲的宏伟山系之一,在改善新疆生态环

境、维持生态系统稳定、调节区域气候等方面起着重要作用。多刺蔷薇、蓝果忍冬、黑果小檗、新疆方枝柏、大叶绣线菊、黑果枸杞是阿尔泰山的6种优势种灌木,也是阿尔泰山森林生态系统的重要组成部分。笔者以分布在阿尔泰山东部(富蕴县)和西部(布尔津县)的6种优势种灌木为研究对象,利用平均标准木收获法(平均标准木收获法虽费时费力,但可以获得精确数据)获得阿尔泰山6种灌木各营养器官的生物量,利用生物量相对生长模型的方法建立阿尔泰山6种灌木生物量模型。

1 材料与方法

1.1 研究区概况 我国境内的阿尔泰山属于终端南坡,位于新疆最北部,山体长达500 km以上。地理位置 85°31' ~ 91°01' E, 45°59' ~ 49°10' N。区域内气候属于大陆性寒温带气候特征,夏季温暖多雨,冬季严寒,年温差大,日差也较显著。年均气温 0.5 ~ 6.9 °C, 1月平均气温 -16.7 °C, 7月平均气温 22.1 °C, 极端最低气温 -43.5 °C, 极端最高气温 37.6 °C。冬季寒冷期 > 110 d, 严寒期 (≤ -20 °C) 58 ~ 63 d。阿尔泰山年降水量随海拔的升高百米递增 30 ~ 80 mm, 在低山带为 200 ~ 300 mm, 中山带 300 ~ 600 mm, 高山带 600 ~ 800 mm, 山区降水呈由北向南、自西向东递减之势, 主要集中

基金项目 国家自然科学基金资助项目(41161063)。**作者简介** 王军(1982—),男,新疆乌鲁木齐人,硕士研究生,研究方向:国土信息技术。*通讯作者,副教授,硕士,硕士生导师,从事人文地理研究。**收稿日期** 2017-10-23

在6—12月,占年降水量的70%~80%。年均日照时数3 010.8 h,年均风速1.0~5.0 m/s,多8级以上大风,春季最多,夏季次之,秋冬空气比较稳定。年降雪140~150 d,积雪深度50~60 cm,最深可达89 cm^[11]。该研究所选的研究区分别位于阿尔泰山东段的喀纳斯自然保护区和西段的富蕴县林场。

阿尔泰山乔木优势树种为西伯利亚云杉、西伯利亚落叶松(*Larix sibirica* Ledeb.)和西伯利亚红松(*Pinus sibirica* Mayr.),伴生有西伯利亚冷杉(*Abies sibirica* Ledeb.)、疣枝桦(*Betula pendula* Roth.)、山杨(*Populus tremula* Linn.)等。灌木优势种有多刺蔷薇(*Rosaspinosissima* Linn.)、蓝果忍冬(*Lonicera caerulea* Linn.)、黑果小檗(*Berberis heteropoda* Schrenk.)、新疆方枝柏(*Juniperus pseudosabina* Fisch. et Mey.)、大叶绣线菊(*Spiraea Chamardryfolia* Linn.)、黑果栒子(*Cotoneaster melanocarpus* Lodd.)等。草本优势种有多叶苔草(*Carexpolyphylla* Kar. et Kir.)、早熟禾(*Poa nemoralis* Linn.)、白喉乌头(*Aconitum leucostomum* Worosch.)等^[12]。

1.2 调查及取样 根据研究区域灌木生态系统的分布面积,兼顾灌木群落类型丰富度,选择群落内部物种组成、群落结构和生境相对均匀的区域,于2015年7月底至8月中旬灌木生物量达到最大时采集样品。

为减少同一灌木生物量在不同地区产生的季节性差异,在阿尔泰山西段(喀纳斯自然保护区)和东段(富蕴县林场)地区分别设置以黑果小檗(A)、蓝果忍冬(B)、多刺蔷薇(C)、新疆方枝柏(D)、大叶绣线菊(E)和黑果栒子(F)为建群种的样方各3个,样方大小为5 m×5 m,2个地段共布设36块个样方,详细记录样方的地理位置、海拔、物种名称、地径、树高、冠幅、盖度。根据平均地径选取标准木,将其全株挖出,深度为根系分布所达范围,摘其叶、果,将枝和根称鲜重后分别选取500 g左右带回实验室。全部样品于105℃烘至恒重,记录样品干重。

1.3 灌木生物量的测定 灌木生物量分为地上和地下两部分,两者之和为总生物量(W_T),地上部分包括树枝(W_B)、树

叶(W_L)和果(W_F)的干重量等;地下部分是指根的干重量(W_R)。生物量计算公式如下:

$$P_i = (1 - \frac{W_{i\text{干重}}}{W_{i\text{鲜重}}}) \quad (1)$$

$$W_i = W_{i\text{鲜重}}(1 - P_i) \quad (2)$$

式中, i 表示根、枝、叶、果; P_i 表示含水率; W_i 表示各器官的生物量。由式(1)计算出样品含水率(P_i),由式(2)换算出各级器官的生物量(W_i),各级器官的生物量相加可得到灌木单株生物量。

1.4 生物量模型拟合 为了得到6种优势灌木各器官(根、枝、叶、果)生物量和总生物量的最优预测模型,参考国内外对灌木生物量模型研究的结果,选择了线性方程和5种曲线函数为拟合模型。①线性函数: $W = aX + b$;②二次函数: $W = aX^2 + bX + c$;③指数函数: $W = a \exp^{bX}$;④幂函数: $W = aX^b$;⑤对数函数: $W = a \ln X + b$ 。式中, W 为灌木生物量, $X(X = D^2H)$ 为灌木地径的平方与树高的乘积。用判定系数 R^2 、 F 值及回归检验显著水平($P < 0.01$)来评价方程的优劣,选出拟合度最好、相关最密切的数学模型来估算物种生物量。数据统计和模型回归分析分别在Excel 2013和SPSS 22.0软件中进行。

2 结果与分析

2.1 6种灌木树种生物量特征 由表1可知,6种灌木的根生物量2.27~8.25 kg,枝生物量1.33~11.92 kg,叶生物量0.24~0.60 kg,果生物量0.04~0.26 kg,单株灌木生物量4.09~20.78 kg。6种灌木单株生物量从大到小依次为黑果栒子、黑果小檗、蓝果忍冬、大叶绣线菊、新疆方枝柏、多刺蔷薇。若不考虑物种之间的差异,阿尔泰山6种灌木平均单株生物量为110.72±8.41 kg,根生物量为5.16±3.01 kg,枝生物量为5.11±5.41 kg,叶生物量为0.39±0.25 kg,果生物量为0.07±0.12 kg。通过方差分析可知,黑果栒子单株生物量与黑果小檗和蓝果忍冬差异不显著($P > 0.05$),但与多刺蔷薇、新疆方枝柏、大叶绣线菊差异显著($P < 0.05$)。

表1 6种灌木树种不同营养器官生物量和总生物量

物种 Species	生物量 Biomass				总生物量 Total biomass
	根 Root	枝 Branch	叶 Leaf	果 Fruit	
黑果小檗 <i>Berberis heteropoda</i> Schrenk.	5.99 ± 2.56 ac	6.69 ± 3.13 ab	0.31 ± 0.20 ab	0.26 ± 0.23 a	13.24 ± 6.14 ab
蓝果忍冬 <i>Lonicera caerulea</i> Linn.	6.78 ± 2.63 a	4.98 ± 1.16 a	0.37 ± 0.14 ab	0.04 ± 0.01 b	12.17 ± 3.63 ab
多刺蔷薇 <i>Rosaspinosissima</i> Linn.	2.27 ± 1.03 b	1.53 ± 0.64 a	0.24 ± 0.09 a	0.05 ± 0.04 b	4.09 ± 1.78 b
新疆方枝柏 <i>Juniperus pseudosabina</i> Fisch. et Mey.	2.94 ± 0.72 b	1.33 ± 0.24 a	0.60 ± 0.10 b	—	4.87 ± 0.96 b
大叶绣线菊 <i>Spiraea Chamardryfolia</i> Linn.	4.49 ± 1.66 ab	4.41 ± 1.96 a	0.29 ± 0.13 ab	—	9.20 ± 3.74 b
黑果栒子 <i>Cotoneaster melanocarpus</i> Lodd.	8.25 ± 4.25 c	11.92 ± 6.15 b	0.55 ± 0.52 ab	0.07 ± 0.05 b	20.78 ± 8.99 a

注:同列不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

Note: Different lowercase letters in the same column indicated significant differences ($P < 0.05$)

2.2 6种灌木树种各营养器官相关性 由表2可知,黑果小檗和大叶绣线菊各营养器官之间存在极显著的相关性($P < 0.01$);蓝果忍冬根、枝生物量与枝、果生物量相关性不显著,

其余各营养器官之间达到显著相关($P < 0.05$);多刺蔷薇根生物量与叶生物量呈极显著相关($P < 0.01$),枝生物量与果生物量相关性不显著,其余各营养器官达到显著相关

($P < 0.05$);新疆方枝柏各营养器官相关性均不显著;黑果枸杞除果生物量与根、枝生物量呈到显著相关关系($P < 0.05$), 其余各营养器官均达极显著相关关系($P < 0.01$)。

表 2 6 种灌木树种不同营养器官之间生物量相关关系

Table 2 Relationship among different vegetative organs biomass of 6 kinds of shrub species

物种 Species	根-枝 Root-branch	根-叶 Root-leaf	根-果 Root-fruit	枝-叶 Branch-leaf	枝-果 Branch-fruit	叶-果 Leaf-fruit
黑果小檗 <i>Berberis heteropoda</i> Schrenk.	0.996**	0.999**	0.991**	0.992**	0.998**	0.999**
蓝果忍冬 <i>Lonicera caerulea</i> Linn.	0.643	0.917*	0.951*	0.885*	0.595	0.891*
多刺蔷薇 <i>Rosaspinosissima</i> Linn.	0.961*	0.999**	0.952*	0.952*	0.830	0.961*
新疆方枝柏 <i>Juniperus pseudosabina</i> Fisch. et Mey.	0.858	0.151	—	0.603	—	—
大叶绣线菊 <i>Spiraea Chamardryfolia</i> Linn.	0.992**	0.990**	—	0.997**	—	—
黑果枸杞 <i>Cotoneaster melanocarpus</i> Lodd.	0.998**	0.984**	0.963*	0.991**	0.977*	0.994**

注: *表示在0.05水平显著相关, **表示在0.01水平显著相关

Note: * stands for significant correlation at 0.05 level; ** stands for significant collocation at 0.01 level

2.3.6 种灌木树种生物量最优回归模型 笔者对阿尔泰山6种灌木树种各营养器官生物量和单株生物量共拟合27组模型(表3),其中线性函数7组,二项式函数9组,指数函数6组,对数函数4组,幂函数1组。27组函数均达到显著水平($P < 0.05$),除新疆方枝柏和大叶绣线菊的叶生物量外,其余各灌木的营养器官和单株植物生物量均随自变量(R^2H)的增加而增大,但对于不同营养器官,其增长方式并不完全一致。其中,7组线性函数模型分别是黑果小檗的单株生物量模型、多刺蔷薇的根生物量模型、新疆方枝柏的根生物量

模型、大叶绣线菊的根生物量模型、黑果枸杞的根、枝和单株生物量模型;9组二项式函数模型分别是黑果小檗的根、叶生物量模型、蓝果忍冬的根、枝生物量模型、多刺蔷薇的果生物量模型、新疆方枝柏的枝生物量模型、大叶绣线菊的枝生物量模型、黑果枸杞的叶生物量模型;6组指数函数模型分别为黑果小檗、蓝果忍冬、黑果枸杞的果、多刺蔷薇、大叶绣线菊的叶、黑果小檗单数生物量;4组对数函数模型分别为蓝果忍冬叶、单数生物量模型、多刺蔷薇的枝生物量模型和新疆方枝柏单株生物量模型;多刺蔷薇单株生物量最优模型呈幂函数。

表 3 6 种灌木树种的生物量回归方程及系数

Table 3 The biomass regression equation and coefficients of 6 kinds of shrub species

物种 Species	因变量 Dependent variable	模型 Model	a	b	c	R ²	F	P
黑果小檗 <i>Berberis heteropoda</i> Schrenk.	W_R	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	0.446	2.352	0.060	0.999	738.892	0.026
	W_B	$W = ae^{b(D^2H)}$	0.185	2.616		0.990	195.304	0.005
	W_L	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	0.035	0.005	0.023	0.999	1719.270	0.017
	W_F	$W = ae^{b(D^2H)}$	0.396	0.029		0.983	112.788	0.009
	W_T	$W = a(D^2H) + b$	2.250	3.671		0.997	701.489	0.001
蓝果忍冬 <i>Lonicera caerulea</i> Linn.	W_R	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	-0.338	0.070	3.807	0.993	144.379	0.007
	W_B	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	2.120	-0.102	-5.121	0.971	33.040	0.029
	W_L	$W = a \ln(D^2H) + b$	0.391	-0.463		0.994	475.985	0
	W_F	$W = ae^{b(D^2H)}$	0.076	0.019		0.915	32.472	0.011
	W_T	$W = a \ln(D^2H) + b$	0.023	-0.011		0.995	601.571	0
多刺蔷薇 <i>Rosaspinosissima</i> Linn.	W_R	$W = a(D^2H) + b$	1.883	0.721		0.998	758.469	0.001
	W_B	$W = a \ln(D^2H) + b$	0.727	1.841		0.996	511.322	0.002
	W_L	$W = ae^{b(D^2H)}$	0.723	0.124		0.995	416.640	0.002
	W_F	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	-0.041	0.070	0.023	0.998	253.185	0.044
	W_T	$W = a(D^2H)b$	0.546	4.719		0.998	841.830	0.001
新疆方枝柏 <i>Juniperus pseudosabina</i> Fisch. et Mey.	W_R	$W = a(D^2H) + b$	1.791	0.893		0.980	99.981	0.010
	W_B	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	2.281	-0.802	-0.134	0.992	62.053	0.040
	W_T	$W = a \ln(D^2H) + b$	2.404	2.123		0.999	1510.514	0.006
大叶绣线菊 <i>Spiraea Chamardryfolia</i> Linn.	W_R	$W = a(D^2H) + b$	3.832	-1.206		0.998	1948.411	0.000
	W_B	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	0.903	1.071	0.054	0.997	294.420	0.003
	W_L	$W = ae^{b(D^2H)}$	0.881	0.075		0.999	2215.083	0
	W_T	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	2.352	1.380	2.145	0.983	57.112	0.017
	W_R	$W = a(D^2H) + b$	0.556	-0.605		0.991	214.953	0.005
黑果枸杞 <i>Cotoneaster melanocarpus</i> Lodd.	W_B	$W = a(D^2H) + b$	1.465	-11.444		0.999	1881.009	0.001
	W_L	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	-0.022	0.002	0.197	0.998	302.761	0.041
	W_F	$W = ae^{b(D^2H)}$	0.153	0.003		0.990	195.205	0.005
	W_T	$W = a(D^2H) + b$	2.100	-12.697		0.998	903.415	0.001

若不考虑阿尔泰山灌木物种之间的差异,对阿尔泰山灌木的不同营养器官和地上生物量进行拟合,可知阿尔泰山灌木枝、叶、地上生物量和总生物量均为二项式函数,灌木根生

物量则为幂函数。5组生物量函数模拟较好,均达到了极显著水平($P < 0.01$) (表4)。

表4 灌木各营养器官生物量模型

Table 4 Biomass models of nutrient organs in shrubs

器官 Organs	方程 Equation	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	R^2	<i>F</i>	sig
根 Root	$W = a(D^2H)b$	0.427	2.844	-	0.822	110.905	0.000
枝 Branch	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	0.035	0.032	2.754	0.839	60.147	0.000
叶 Leaf	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	-0.022	0.002	0.371	0.563	14.836	0.000
地上部分 Aboveground	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	0.022	0.034	3.150	0.836	58.772	0.000
总生物量 Total	$W = a(D^2H)^2 + b(D^2H) + c$	0.484	0.032	5.902	0.828	55.176	0.000

3 结论与讨论

3.1 灌木的生物量及其分配格局 植物生物量分配格局的差异是植物生理和形态因素共同作用的结果,也受物种、个体大小和可利用资源的限制。不同植株不同器官中生物量的分配也是不等量的,且存在不同的分配中心。

3.2 灌木生物量模型 在目前关于灌木生物量相对生长模型的研究中,首先,学者对自变量的预设是多样的,随着模型中变量个数的增加, R^2 系数也会不断增大,但这并不意味着模型也就越好,也未必会减少估计的标准误。因此,除非需要,自变量数量不应太多,多余的自变量会给解释回归方程造成一定困难,并且包含多余自变量的模型不但不会改善预测值,反而有可能增加标准误,从而使所建模型精度达不到要求。以往众多研究中发现,在测量因子较少的情况下,地径平方与树高的乘积(D^2H)是一个可以对各种生态环境下生长的灌木生物量相对生长模型进行拟合的良好指标^[13]。其次,由于不同灌木物种存在形态差异,相同物种在不同的生态环境下也表现为生活型上的变化,因而难以用统一的模型描述所有灌木或同种灌木的所有器官^[14]。因此,笔者采用标准木收获法,以 D^2H 为自变量,采用5种函数模型对阿尔泰山6种灌木的根、枝、叶、果生物量的相对生长模型进行拟合及最优化选择,结果表明,阿尔泰山灌木单株和各营养生物量最佳估测模型一般以二项式和线性的形式出现,模型具有很高的 R^2 值,达到显著水平($P < 0.05$),可用于实际生物量估测。万五星等^[15]在暖温带森林生态系统林下灌木生物量相对生长模型的研究中认为, D^2H 对于灌木单株和单一器官的生物量模型拟合是一个很好的自变量指标,且获得最优回归模型多为二项式函数,这与该研究结论一致。

利用模型法估算灌木生物量,与其他方法相比,既减少了工作量,又不会对森林产生破坏,这在植被稀少、生态系统脆弱的地方更具实用价值。研究中所建模型只是在阿尔泰山灌木中得到验证,模型能否用于新疆其他山区灌木仍有待进一步验证。该研究所建模型虽能较好地模拟灌木生物量,

但也存在一些误差,同时还有一定的使用局限性,因为每个生物量模型都有其适应区间问题,采样过程中是对不同地径和树高的灌木进行随机采样,因此都有一个采样区间,当超出这个区间范围时,模型的计算结果很可能出现负值。为了减少该类误差,在采样过程中,应按地径的均匀分布尽可能多地采集样本,从而提高所建模型的使用范围和精度,但也要考虑工作量。

参考文献

- [1] 魏文俊,尤文忠,张慧东,等. 辽宁省落叶松人工林生物量碳库特征[J]. 东北林业大学学报,2011,39(6):26-29.
- [2] 王建国,樊军,王全九,等. 黄土高原水蚀风蚀交错区植被地上生物量及其影响因素[J]. 应用生态学报,2011,22(3):556-564.
- [3] 苏玉波,张福平,冯超,等. 祁连山典型小流域高寒草地生物量估算及空间分布特征[J]. 陕西师范大学学报(自然科学版),2015(2):79-84.
- [4] 袁晓波,牛得草,吴淑娟,等. 黄土高原典型草原地上生物量估测模型[J]. 生态学报,2016,36(13):1-11.
- [5] 左舒翟,任引,翁闲,等. 亚热带常绿阔叶林9个常见树种的生物量相对生长模型[J]. 应用生态学报,2015,26(2):356-362.
- [6] 董利虎,李凤日,宋玉文. 东北林区4个天然针叶树种单木生物量模型误差结构及可加性模型[J]. 应用生态学报,2015,26(3):704-714.
- [7] 赵蓓,郭泉水,牛树奎,等. 大岗山林区几种常见灌木生物量估算与分析[J]. 东北林业大学学报,2012,40(9):28-33.
- [8] 杨昊天,李新荣,刘立超,等. 荒漠草地4种灌木生物量分配特征[J]. 中国沙漠,2013,33(5):1340-1348.
- [9] SOMOGYI Z, CIENCIALA E, MÄKIPÄÄ R, et al. Indirect methods of large-scale forest biomass estimation [J]. European journal of forest research, 2007, 126(2):197-207.
- [10] SALIS S M, ASSIS M A, MATTOS P P, et al. Estimating the aboveground biomass and wood volume of savanna woodlands in Brazil's Pantanal wetlands based on allometric correlations [J]. Forest ecology and management, 2006, 228(1):61-68.
- [11] 井学辉,曹磊,臧润国. 阿尔泰山小东沟林区乔木物种丰富度空间分布规律[J]. 生态学报,2013,33(9):2886-2895.
- [12] 刘华,余春燕,白志强,等. 喀纳斯保护区西伯利亚云杉树干液流动态变化[J]. 南京林业大学学报(自然科学版),2016,40(1):65-72.
- [13] ZENG H Q, LIU Q J, FENG Z W, et al. Biomass equations for four shrub species in subtropical China [J]. Journal of forestry research, 2010, 15(2):83-90.
- [14] 黄月琼,陈士银,吴小凤. 尾叶桉各器官生物量估测模型的研究[J]. 安徽农业大学学报,2001,28(1):44-48.
- [15] 万五星,王效科,李东义,等. 暖温带森林生态系统林下灌木生物量相对生长模型[J]. 生态学报,2014,34(23):6985-6992.

(上接第71页)

- [4] 田寒友,李家鹏,周彤,等. 我国与欧盟、美国、日本、CAC 畜禽兽药残留限量标准对比研究[J]. 肉类研究,2012(2):43-46.
- [5] 中国 WTO/TBT - SPS 通报咨询中心. 各国 TBT 通报查询数据库[DB/

OL]. [2017-07-25]. <http://www.tbt-sps.gov.cn/tbtTbcx/getList.action? pageType=0&tbtsp=1>.

- [6] 程坚. 我国与CAC 动物源性产品中药物残留限量的对比分析[J]. 安徽农业科学,2015,43(9):89-91.