

长白山金沟岭杨桦次生林下幼树生物量模型

张梦弢¹, 亢新刚^{1*}, Rosli R H¹, 高祥², 徐光²

(1. 北京林业大学省部共建森林培育与保护教育部重点实验室, 北京 100083; 2. 吉林省汪清林业局, 延吉 133200)

摘要: 为了对杨桦次生林下生物量模型进行补充研究, 以长白山金沟岭林场杨桦次生林固定样地为研究对象, 采用样地抽样的方法对林下主要树种幼树进行抽样, 运用异速生长方程对幼树生物量模型进行拟合。结果表明, 林下主要树种幼树生物量模型呈异速生长关系, 自变量以地径 D_0 , 树高 H 最为紧密。其中, 仅以地径 D_0 作为单一自变量的模型精度明显低于以地径 D_0 和树高 H 为自变量的模型精度; 调整系数 R_{adj}^2 均在 0.9 以上, 平均预测误差 MPE 范围在 5%~49% 之间, 椴树的枝、叶、根和地上生物量, 色木的枝生物量模型相对较差, 平均预测误差均达到了 40% 以上; 其次, 根茎比与地径 D_0 呈明显负相关关系, 与树高 H 相关性不显著, 调整系数 R_{adj}^2 较低, 范围仅为 0.053~0.507 之间。最后, 主要树种幼树生物量随着郁闭度的增大, 表现依次下降的趋势, 即 $W(0.6) > W(0.8) > W(1.0)$ 。

关键词: 杨桦次生林; 生物量; 幼树; 根茎比

中图分类号: S718

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X(2013)03-0393-07

Biomass model for polar-birch secondary forest saplings in Jingouling forest farm of Changbai Mountain, Northeast China

ZHANG Meng-tao¹, KANG Xin-gang¹, Rosli R H¹, GAO Xiang², XU Guang²

(1. Key Laboratory for Silviculture and Conservation of Ministry of Education, Beijing Forestry University, Beijing 100083;

2. Wangqing Forestry Bureau of Jilin Province, Yanji 133200)

Abstract: In order to provide complementary information of biomass of polar-birch secondary forest sapling, plot sampling method was applied into the understory species saplings, and allometric equations were used to simulate the sapling biomass. Sapling biomass of the dominant species can be well simulated in allometric equations, and ground diameter (D_0) and tree height (H) were the optimal independent variables. The coefficient of determination was 0.9, and mean prediction error ranged from 5% to 49%; the precision of models using only ground diameter (D_0) were lower than that of ground diameter (D_0) and tree height (H). Negative association was observed between root-shoot ratio and ground diameter (D_0), and no relevant between root-shoot ratio and tree height (H); sapling biomass of dominant species decreased with canopy density increased.

Key words: polar-birch secondary forest; biomass; sapling; root-shoot ratio

杨桦次生林林下幼树幼苗是次生林生态系统的重要组成部分之一, 它包含着先锋树种和顶级耐荫树种, 对维持次生林生态系统有机物质的积累和循环, 生态系统的演替进程以及次生林未来的森林林分组成等具有重要的作用和意义^[1]。目前, 对于杨桦次生林林下植被的研究主要有林下幼苗更新的研究^[2], 林下土壤性质的研究^[3]等。林下植物生物量占地上部分总生物量的 0~27.4%, 因此, 林下植物

生物量是不能被忽视的^[4]。近年来, 对杨桦次生林下树种幼树幼苗的生物量研究相对较少, 仅有的对于林下生物量的研究, 也仅限于次生林下灌木、草本生物量的研究^[5]。大多数林业工作者往往只针对灌木、草本生物量进行研究, 并以此作为灌木层与草本层生物量, 难免以偏概全。根据全国立木生物量建模样本的构成, 建模样本的采集要兼顾胸径 5 cm 以下幼树幼苗的指示^[6], 对林下幼树生物量的研

收稿日期: 2012-11-06

基金项目: “十二五”农村领域国家科技计划(2012BAD22B0203)资助。

作者简介: 张梦弢, 男, 硕士研究生。E-mail: zmt0411@163.com

* 通信作者: 亢新刚, 男, 教授, 博士生导师。E-mail: xingangk@163.com

究不仅是灌木层、草本层生物量的重要补充,而且计算幼树生物量也对研究林地生产力,测定抚育间伐时产量及薪炭林的收获,充分利用林地条件等具有重要意义^[7-8]。

通常,运用全收获法得到的生物量数值较为准确,但耗时费力,且对生态系统破坏严重,所以很少运用。而通过异速生长模型来估算幼树生物量则是现阶段广泛运用的方法。所谓异速生长方程(allometric function),就是描述材积或者生物量与林分易测变量如胸径(DBH)和树高(H)之间的数学关系^[9]。如 $Y=ax_1^{b_1}x_2^{b_2}x_3^{b_3}\cdots x_n^{b_n}$ 是最基本的异速生长关系模型,通过对系数的计算,可以知道生物体某两个特征间的相互关系^[10]。第一个应用于生物量的异速生长方程出现在20世纪60年代^[11],在这之后发表了很多关于异速生长方程论文^[12-15]。国内运用异速生长方程解决生物量的出现相对较晚,如陈传国和朱俊凤总结了我国东北主要森林树种的异速生长关系^[16],冯宗炜等对构成中国主要森林生态系统的常见树种的异速生长关系也有深入研究^[17]。但是,上述文献也仅仅针对成熟高大的乔木树种进行研究,对林下幼树的研究则鲜有报道。因此,本研究主要目标是通过建立次生林下主要树种幼树生物量的异速生长方程,对其生物量进行估测,并对所提出的方程模型精度进行分析,为该地区次生林下幼树生物量模型提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验研究地区位于吉林省汪清林业局境内东北部金沟岭林场,属长白山系老爷岭山脉雪岭支脉,经营面积16286 hm²。场部位于130°10'E,43°22'N,

林场地貌为低山丘陵,海拔300~1200 m,坡度5~25°,个别陡坡在35°以上。该区属季风型气候,全年平均气温3.9℃左右,≥10℃的积温为2144℃;1月份气温最低,平均-32℃左右;7月份气温最高,平均22℃左右。年降水量600~700 mm,且多集中在7月份;主要树种有白桦(*Betula platyphylla*)、山杨(*Populus davidiana*)、色木(*Acer mono*)、椴树(*Tilia amurensis*)、鱼鳞云杉(*Picea jezoensis*)、红皮云杉(*Pinus koraiensis*)和臭冷杉(*Abies nephrolepis*)、红松等;主要下木有忍冬(*Lonicera japonica*)、暴马丁香(*Syringa amurensis*)、毛榛子(*Corylus mandshurica*)等。主要地被物为禾本科草类及少数灌木,如珍珠梅(*Sorbaria sorbifolia*)、柳叶绣线菊(*Spiraea salicifolia*)等。

1.2 研究方法

于2011年7~8月进行野外调查,在5个杨桦次生林固定样地(40 m×50 m)中,并在抽样强度不小于5%的前提下,按照郁闭度的不同(0.6、0.8、1.0),随机抽取5 m×5 m的样方60个(每个郁闭度20个)。黄新峰^[18]认为,长白山次生林下幼树地径在5 cm以下的是可靠的,因此,本文以地径在5 cm以下为幼树,实测每个样方中的幼树的地径、树高和冠幅。在样方外,根据样地主要树种选取相似大小标准木若干株(由于山杨调查株数较少,因此全部选取),同样实测其地径、树高和冠幅。伐倒后,分干、枝、叶、根,分别称重,依据树干大小从每部分各取50~100 g样品(依据)放入信封中称重并带回实验室烘干,称重,并作相应的记录。根据干湿比推算整株树的生物量,最终选取6种主要树种进行分析,具体情况见表1。

表1 样地树种基本因子
Table 1 Basic factors of sampling tree species

物种 Tree species	株数/抽样 Plant/sampling	地径范围/mm Range of ground diameter	树高范围/m Range of tree height	冠幅范围/m Range of crown	单株生物量/kg Biomass per plant
椴树 Linden	89/35	3.66~44.50	0.28~5.00	0.06~2.65	0.004~2.637
红松 Korean pine	76/54	5.87~42.89	0.40~4.20	0.15~2.40	0.007~1.951
冷杉 Fir	109/56	2.75~49.70	0.15~5.30	0.09~2.45	0.001~2.171
色木 Acer mono	114/64	0.96~49.29	0.35~5.00	0.10~3.20	0.037~1.300
云杉 Fir	100/77	2.57~48.24	0.18~4.10	0.05~1.70	0.001~1.936
山杨 Populus	33/33	2.79~48.23	0.50~4.10	0.08~2.20	0.002~2.250

1.3 数据分析

1.3.1 异速生长方程的形式 最常见的生物量异速生长方程的形式为:

$$y=a_0x_1^{a_1}x_2^{a_2}x_3^{a_3}\cdots x_n^{a_n}e \quad (1)$$

式中: y 是树种不同器官生物量(g); x 为独立变量,主要有胸径(DBH)、树高(H)等, a_0, a_1, a_2, \dots

a_n 为模型参数, ε 为误差项。通常增加自变量的个数常可使生物量的估测精度更高^[19-20], 但也不能一概而论^[21], 有时, 自变量过多不仅会增加林分调查获取基本数据时的工作量, 而且会降低异速生长方程的实用性和可靠性^[10]。本研究以地径 (D_0)、树高 (H) 等为自变量, 以树种干、枝、叶、根、地上生物量 (干、枝、叶之和) 的干重为应变量, 拟合不同树种生物量模型。

1.3.2 异速生长方程的对数转换 为了保证回归参数估计量具有良好的统计性质, 经典线性回归模型的一个重要假定是: 总体回归函数中的随机误差满足同方差性, 即它们都有相同的方差。但是, 通常运用上述异速生长方程计算树种生物量具有异方差性 (heteroscedasticity), 因此, 对方程 (1) 进行对数转化, 经过对数转化后的方程为:

$$\ln y = p + a_1 \ln x_1 + a_2 \ln x_2 + a_3 \ln x_3 + \cdots + a_n \ln x_n + \beta \quad (2)$$

其中: y 是树种各部分生物量, $p = \ln a_0$, $\beta = \ln \varepsilon$, D_0 是地径, H 是树高。通常, 采用对数转化后, 校正系数 θ 生物量无偏估计值根据 Marklund (1987) 公式如下:

$$\lambda = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{y_i}{e \ln \hat{y}_i} \quad (3)$$

引进校正系数 λ 后, 生物量无偏估计值为:

$$\hat{y} = \lambda \times \exp(p + a_1 \ln x_1 + a_2 \ln x_2 + a_3 \ln x_3 + \cdots + a_n \ln x_n) \quad (4)$$

根据原始数据拟合的生物量模型必须经过统计学检验, 拟合精度高的才能被运用于生物量估测之中。本文根据标准估计的误差 SEE, 平均预测误差 MPE 检验模型精度, 具体拟合优度参数公式如下:

$$MPE = \frac{100}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i| / y_i \quad (5)$$

上式(5)中, y 是生物量实测值, \hat{y} 是模型预测值。回归方程均进行 t 检验 ($P < 0.05$), 运用 SPSS18.0 统计软件模拟分析, 选取最优模型。

2 结果与分析

2.1 树种不同器官生物量最优模型

由表 2 可知, 次生林下幼树树种生物量器官模型以地径 D_0 、树高 H 为自变量关系最为密切, 建立植株水平上的生物量器官异速生长模型 $\hat{y} = \lambda \times \exp(p + a_1 \ln D_0 + a_2 \ln H)$, 利用逐步线性回归法采用 2 个变量 (地径 D_0 、树高 H), 建立杨桦次生林下幼树器官生物量模型。相比于单变量 (地径 D_0), 增加树高 H 后, 拟合度有了明显的提升, 平均预测误差也相应减小。模型调整系数 R_{adj}^2 均在 0.9 以上, 平均预测误差 MPE 范围在 5%~49% 之间, 其中椴树的枝、叶、根和地上生物量, 色木的枝生物量模型相对较差, 平均预测误差均达到了 40% 以上。究其原因, 可能是椴树在幼树幼苗时期, 大多以萌生的形态出现, 在大植株的萌蔽条件下, 生长受到一定影响, 而且采伐时, 往往挖出来的是较大幼树的根, 对应的却是萌生的小苗, 因此造成样本量较其他树种较小; 由于该地区色木幼树以小苗居多, 所选取的标准木的大多枝、干不甚明显, 有些枝条被一并算入干、叶生物量器官中, 因此, 对枝条生物量造成一定影响。

表 2 树种不同器官生物量最优模型

Table 2 Optimal model for tree species biomass of different organs

树种 Variety of tree	器官 Organ	系数 Coefficients			R_{adj}^2	SEE	λ	MPE
		p	a_1	a_2				
椴树 Linden	干 Trunk	8.837*	2.901*		0.929	0.409	1.079	47.71
	枝 Branch	5.480*	2.136*	0.764*	0.951	0.339	1.054	26.24
	叶 Leaf	7.006*	2.703*	-0.153 ^{ns}	0.943	0.465	1.104	44.62
	根 Root	7.682*	2.853*		0.941	0.470	1.103	44.42
	地上 Aboveground	6.611*	2.557*		0.936	0.465	1.098	43.65
		5.171*	2.238*	0.326 ^{ns}	0.937	0.461	1.094	41.97
		7.629*	2.651*		0.938	0.471	1.090	42.21
		6.871*	2.483*	0.172*	0.946	0.442	1.088	41.20
		8.820*	2.715*		0.932	0.509	1.117	49.51
		7.334*	2.385*	0.337 ^{ns}	0.933	0.506	1.109	47.69
红松 Korean pine	干 Trunk	9.058*	2.943*		0.961	0.307	1.046	26.69
	枝 Branch	4.247*	1.783*	0.987*	0.996	0.790	1.006	8.95
		7.874*	2.867*		0.963	0.289	1.040	24.70

续表 2 Continued table 2

	叶	3.216*	1.744*	0.955*	0.998	0.676	1.003	5.43
	Leaf	7.404*	2.673*		0.946	0.328	1.053	28.87
	根	3.150*	1.647*	0.872*	0.979	0.206	1.020	17.19
	Root	8.000*	2.805*		0.960	0.296	1.040	26.28
	地上	3.880*	1.812*	0.845*	0.988	0.162	1.009	9.56
	Aboveground	9.448*	2.867*		0.963	0.288	1.037	24.50
		4.806*	1.748*	0.952*	0.998	0.657	1.001	5.37
冷杉 Fir	干 Trunk	9.003*	2.933*		0.986	0.292	1.042	25.11
	枝	4.553*	1.855*	1.031*	0.998	0.118	1.005	8.78
	Branch	5.947*	2.314*		0.973	0.319	1.047	27.49
	叶	2.482*	1.475*	0.803*	0.984	0.244	1.027	20.19
	Leaf	3.777*	1.833*		0.933	0.410	1.078	38.66
	根	1.24 ^{ns}	1.219*	0.588*	0.941	0.348	1.068	33.84
	Root	6.611*	2.443*		0.988	0.162	1.041	26.04
	地上	3.134*	1.601*	0.805*	0.989	0.215	1.018	15.63
	Aboveground	8.043*	2.498*		0.982	0.284	1.037	23.97
		4.269*	1.584*	0.874*	0.993	0.172	1.013	13.85
色木 Acer mono	干 Trunk	6.179*	2.386*		0.975	0.319	1.048	44.74
	枝	4.078*	1.81*	0.858*	0.994	0.157	1.012	12.9
	Branch	6.246*	2.663*		0.936	0.594	1.196	66.34
	叶	2.507*	1.897*	1.156*	0.969	0.411	1.082	40.09
	Leaf	4.809*	2.320*		0.954	0.433	1.094	42.70
	根	1.838*	1.712*	0.918*	0.983	0.266	1.036	24.56
	Root	5.703*	2.331*		0.967	0.369	1.070	33.25
	地上	3.016*	1.781*	0.831*	0.990	0.202	1.017	14.69
	Aboveground	7.361*	2.426*		0.969	0.369	1.069	33.63
		4.396*	1.819*	0.917*	0.996	0.140	1.008	11.27
云杉 Spruce	干 Trunk	7.550*	2.550*		0.964	0.321	1.053	27.79
	枝	4.709*	1.853*	0.855*	0.994	0.126	1.006	9.7
	Branch	6.536*	2.401*		0.943	0.385	1.071	35.67
	叶	4.126*	1.811*	0.725*	0.967	0.294	1.039	23.35
	Leaf	6.161*	2.345*		0.928	0.424	1.086	40.69
	根	3.857*	1.781*	0.693*	0.950	0.693	1.055	30.51
	Root	6.674*	2.438*		0.960	0.325	1.052	29.42
	地上	5.862*	2.239*	0.255*	0.963	0.313	1.036	23.05
	Aboveground	8.050*	2.471*		0.956	0.345	1.057	31.15
		7.675*	2.380*	0.096*	0.956	0.347	1.048	28.53
山杨 Populus	干 Trunk	7.547*	2.345*		0.964	0.414	1.092	35.57
	枝	1.591 ^{ns}	1.123*	1.418*	0.985	0.261	1.034	19.71
	Branch	7.473*	2.662*		0.973	0.402	1.078	37.87
	叶	1.765 ^{ns}	1.49*	1.359*	0.989	0.260	1.027	21.79
	Leaf	4.654*	2.022*		0.919	0.546	1.173	51.93
	根	-1.942 ^{ns}	0.699*	1.570*	0.952	0.418	1.239	35.94
	Root	6.447*	2.279*		0.942	0.512	1.093	36.79
	地上	0.794 ^{ns}	1.119*	1.346*	0.962	0.416	1.035	20.45
	Aboveground	7.972*	2.351*		0.964	0.411	1.092	35.58
		1.969*	1.119*	1.429*	0.986	0.254	1.031	18.95

注: *在 0.05 水平上差异显著; ns 在 0.05 水平上差异不显著。

Note: "*" and "ns" refer to significant difference at the 0.05 level and no significance, respectively.

表 3 树种根茎比与地径、树高相对关系

Table 3 The relative relationship between species root- shoot ratio and ground diameter and height

树种 Variety of tree	D_0			D_0, H		
	R_{adj}^2	SEE	Sig.	R_{adj}^2	SEE	Sig.
椴树 Linden	0.163	0.723	0.009	0.137	0.735	0.347/0.878
红松 Korean pine	0.053	0.117	0.050	0.065	0.116	0.770/0.202
冷杉 Fir	0.299	0.389	0.000	0.288	0.695	0.087/0.715
色木 Acer mono	0.507	0.801	0.000	0.528	0.783	0.000/0.016
云杉 Spruce	0.150	0.652	0.000	0.141	0.655	0.016/0.622
山杨 Populus	0.277	0.611	0.001	0.263	0.617	0.706/0.526

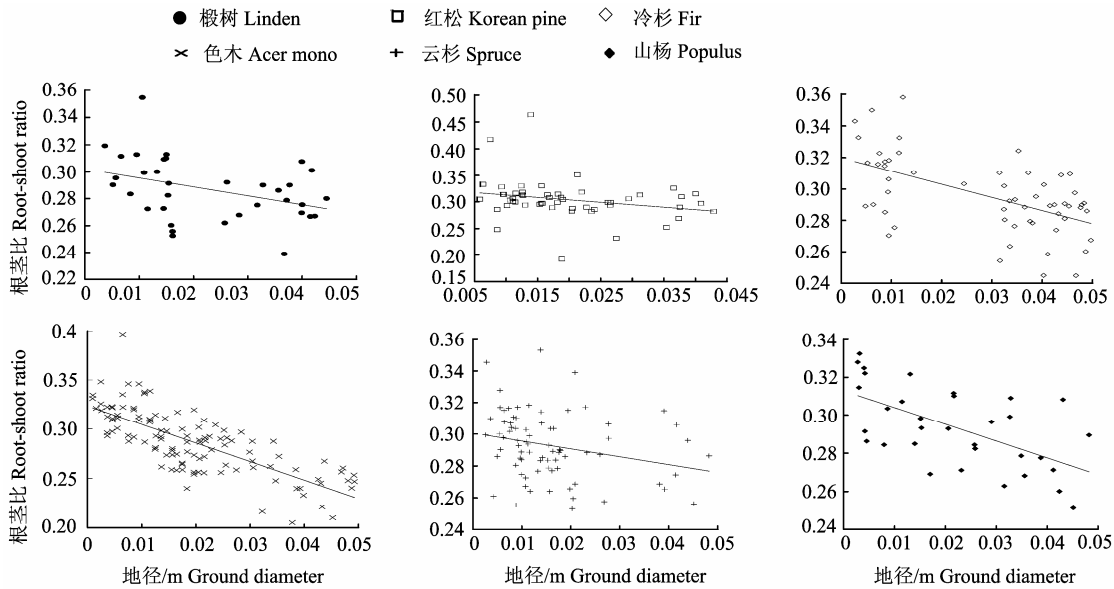


图 1 树种根茎比与地径的关系

Figure 1 The relationship between root-shoot ratio of species and ground diameter

表 4 不同郁闭度幼树地上、地下生物量

Table 4 Aboveground and underground biomass of saplings under different canopy densities

郁闭度 Canopy density	地上生物量 Aboveground biomass	地下生物量 Underground biomass	总生物量 Total biomass
0.6	683.542	176.710	860.252
0.8	687.737	166.868	854.605
1.0	351.142	91.845	442.986

2.2 树种地上、地下生物量的分配关系

拟合杨桦次生林下幼树根茎比与地径 D_0 、树高 H 关系发现, 根茎比与地径 D_0 关系呈显著负相关 (图 1), 拟合曲线的相关系数与显著性 (表 3) 显示: 树高 H 相关性不显著 ($P > 0.05$), 但是模型调整系数 R_{adj}^2 较低, 范围仅在 0.053~0.507 之间。因此, 异速生长方程并不适合表述该地区幼树幼苗根茎比 R 与地径 D_0 、树高 H 的关系。

2.3 不同郁闭度下主要树种地上、地下生物量分配比例

由表 4 可以看出, 杨桦次生林下主要树种幼树

生物量随着郁闭度不同差异显著, 幼树地上生物量明显大于地下生物量; 其中, 主要树种幼树生物量随着郁闭度的增大, 表现依次下降的趋势, 即 $W(0.6) > W(0.8) > W(1.0)$ 。其中郁闭度 0.6 与 0.8, 林下总生物量相差不大, 且都远大于郁闭度 1.0 时林下总生物量, 与郁闭度的增大, 林下植被多样性与生物量逐渐减小的这一林学规律相适应。

3 小结与讨论

3.1 树种不同器官生物量最优模型

为了探索林下幼树的生长特性, 对林下灌木、

草本层生物量进行补充,对长白山杨桦次生林下幼树生物量不同器官模型进行模拟。在生物量方程模型选取上,异速生长方程能够较好地解释物种和个体大小对生物量分配的影响并预测植物生物量如何在干、枝、叶、根的分配关系^[22]。在异速生长方程中,方程(1)是最常用的一种类型,在拟合不同器官生物量模型的过程中发现,无论是自变量单独选用地径 D_0 ,还是树高 H ,其效果均不如同时以 D_0 和 H 为自变量的精度高。这也符合杨昆的结论^[1],采用回归模拟的方法估算形态变化复杂的植物生物量时,选取多个易测因子作为回归自变量比采用单一因子好。同样, Farrah 等^[23]通过选取地径 D_0 和 H 为两自变量估测北方阔叶树不同器官生物量也比单一选用自变量 D_0 精度高,而本文与这一结果相一致。但是也有文献介绍到树高对于生物量的模型贡献作用不大^[24]。

3.2 树种地上、地下生物量的分配关系

生物量是植物积累有机物质的主要体现,其分配方式受多种因素的影响,表现为外界环境、植株年龄、大小等^[25-26]。幼树生长过程中,由于与相邻植株在光照、水分、空间等方面的竞争,生物量分配也会产生差异。通常,地下生物量占总生物量的20%左右,地上生物量占据了70%的总生物量,死体生物量占据10%^[27]。文本中,根茎比与地径 D_0 呈明显负相关关系,与树高 H 相关性不明显,这与 Wang 等^[28]研究结果相一致。

3.3 不同郁闭度下主要树种生物量分配比例

光照是影响林木生长发育的重要因素。通常低郁闭度下的幼树生长状态良好,而天窗下的幼树生长更好,范竹华等^[29]研究白河林业局黄松蒲林场次生林下红松幼树最佳生长条件发现,林下幼树天然更新的最佳郁闭度是0.5~0.6,而本文在此郁闭度下生物量也是最大的。研究不同郁闭度下幼树幼苗生物量的变化,对于幼树幼苗个体大小、树木生长、林下更新、形态调整、分布等,具有重要的意义。

本研究模拟生物量方程数据仅针对长白山次生林下幼树,是否同样适合其他地区树种林下幼树生物量,有待进一步验证。其次,本研究仅针对林下幼树生物量进行研究,并未结合灌木、草本生物量,对于林下灌木层、草本层生物量的变化,以及林下灌草对幼树的影响未做研究,有待于在今后进行补充验证。

参考文献:

[1] 杨昆,管东生.森林林下植被生物量收获的样方选择

和模型[J].生态学报,2007,27(2):705-714.

- [2] 宋新章,张智婷,肖文发,等.长白山杨桦次生林采伐林隙幼苗更新动态[J].林业科学,2008,44(3):13-20.
- [3] 方伟东,亢新刚,赵浩彦,等.长白山地区不同林型土壤特性及水源涵养功能[J].北京林业大学学报.2011(4):40-47.
- [4] 孟宪宇.测树学[M].3版.北京:中国林业出版社,2006:299.
- [5] 何列艳,亢新刚,范小莉,等.长白山区林下主要灌木生物量估算与分析[J].南京林业大学学报:自然科学版,2011,35(5):45-50.
- [6] 曾伟生,肖前辉.幼树不同直径对立木材积和生物量解释能力研究[J].中南林业调查规划,2011,30(1):1-4.
- [7] 肖望振.下木在森林群落中的作用[J].江西林业科技,1981(1):37-38.
- [8] 董兆琪,池桂清,姚国清.幼龄柞树生物量的计算[J].辽宁林业科技,1982(3):6-8.
- [9] Bjarnadóttir B, Inghammar A C, Brinker M M. Single tree biomass and volume functions for young Siberian larch trees (*Larix sibirica*) in eastern Iceland[J]. Icel Agric. Sci, 2007, 20: 125-135.
- [10] 李春萍,李刚,肖春旺.异速生长关系在陆地生态系统生物量估测中的应用[J].世界科技研究与发展,2007,29(2):51-57.
- [11] Baskerville G. Estimation of dry weight of tree components and total standing crop in conifer stands[J]. Ecology, 1965, 46: 867-869.
- [12] Taylor A H, Shi W J, Lian J Z, et al. Regeneration patterns and tree species coexistence in old-growth Abies-Picea forests in southwestern China[J]. Forest Ecology and Management, 2006, 223(1/3): 303-317.
- [13] Marklund L G. Biomass functions for Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) in Sweden biomass determination, dry weight[D]. Umeaa: Swedish University of Agricultural Sciences, 1987: 127.
- [14] Johansson T. Biomass production of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) growing on abandoned farmland[J]. Silva Fennica, 1999, 33(4): 261-280.
- [15] Wirth C, Schumacher J, Schulze E D. Generic biomass functions for Norway spruce in Central Europe—a meta-analysis approach toward prediction and uncertainty estimation[J]. Tree Physiology, 2002, 24(2): 121-139.
- [16] 陈传国,朱俊凤.东北主要林木生物量手册[M].北京:中国林业出版社,1989:528.
- [17] 冯宗炜,王效科,吴刚.中国森林生态系统的生物量 and 生产力[M].北京:中国科学出版社,1999:241.
- [18] 黄新峰.长白山林区天然云冷杉林更新及幼树特征分析[D].北京:北京林业大学,2004.
- [19] Saint-Andre L, M Bou A T, Mabilia A, et al. Age-related equations for above- and below-ground biomass of a Eucalyptus hybrid in Congo[J]. Forest Ecology and Management, 2005, 205(1/3): 199-214.
- [20] Ter-Mikaelian M T, Korzukhin M D. Biomass equations for sixty-five North American tree species[J]. Forest Ecology and Management, 1997, 97(1): 1-24.
- [21] Chuankuan W. Biomass allometric equations for 10

- co-occurring tree species in Chinese temperate forests[J]. *Forest Ecology and Management*, 2006, 222(1/3): 9-16.
- [22] McConnaughay K D M, Coleman J S C. Biomass allocation in plants: ontogeny or optimality? A test along three resource gradients[J]. *Ecology*, 1999, 80(8): 2581-2593.
- [23] Farrah R, Ruth D, Steven P, et al. Allometric equations for young northern hardwoods: the importance of age-specific equations for estimating aboveground biomass[J]. *Can J For Res*, 2011(41): 881-891.
- [24] Parresol B R. Assessing tree and stand biomass: a review with examples and critical comparisons[J]. *Forest Science*, 1999, 45: 573-593.
- [25] Mokany K, Raison R, Prokushkin A S . Critical analysis of root: shoot ratios in terrestrial biomass[J]. *Global Change Biology*, 2006, 12(1): 84-96.
- [26] Iris S. The influence of soil type and interspecific competition on the fine root system of Norway spruce and European beech[J]. *Basic and Applied Ecology*, 2002, 3(4): 339-346.
- [27] Houghton R A, Lawrence K T, Hackler J L . The spatial distribution of forest biomass in the Brazilian Amazon: a comparison of estimates[J]. *Global Change Biology*, 2001,7(7): 731-746.
- [28] Wang X, Fang J, Zhu B. Forest biomass and root-shoot allocation in northeast China[J]. *Forest Ecology and Management*, 2008, 255(12): 4007-4020.
- [29] 范竹华, 郑泽玉, 崔乐玖, 等. 次生林下红松幼树的最佳生长条件[J]. *华东森林经理*, 2002, 16(2): 15-18.