

## 論 文

# プロットレスサンプリングによるモニタリングデータで 天然生林動態予測モデルのパラメタリゼーションは可能なのか？<sup>\*1</sup>

光田 靖<sup>\*2</sup>・加治佐剛<sup>\*3</sup>・吉田茂二郎<sup>\*4</sup>

光田 靖・加治佐剛・吉田茂二郎：プロットレスサンプリングによるモニタリングデータで天然生林動態予測モデルのパラメタリゼーションは可能なのか？ 九州森林研究 68 : 21 – 23, 2015 天然生林の資源動態を予測するモデルを開発するという目的に対して、プロットレスサンプリングの一一種であるラインサンプリングによるモニタリングデータが利用可能であるのか、シミュレーションによって検証することを試みた。個体位置およびサイズをランダムに発生させた仮想林分に対して、仮想の個体成長モデルを適用して林分動態を表現し、期首および期末の仮想林分でラインサンプリングを行って擬似的なモニタリングデータを作成した。ラインサンプリングデータおよび仮想林分に含まれる全個体データを用いて、林分レベルのバイオマス動態予測モデルのパラメタリゼーションをそれぞれについて行った。推定されたパラメータを比較したところ、両者に大きな違いは生じなかった。

**キーワード：**ラインサンプリング、シミュレーション、ベイジアンキャリブレーション

## I. はじめに

IPCC 第 5 次報告書においてバイオマスのエネルギー利用が有効であると強調されているように、森林の地球温暖化緩和機能を活用する手段としてバイオマス発電に注目が集まっている。日本においてもバイオマス発電所の建設が進行しているが、これらのバイオマス発電所では人工林の間伐や皆伐に伴って生じる枝や梢端部といった未利用部分を利用することが想定されている。しかし、バイオマス発電への燃料供給を人工林施業に伴って生じる端材だけで持続的に賄うことは困難であることが予想される。

バイオマス発電のための持続的な燃料供給を考える上で、近年ではあまり活用されることがなくなった天然生林を利用することは考慮すべき選択肢である。日本では森林の約 60 % が天然生林であり、充実した資源があることが国家森林資源モニタリング調査によって明らかになってきており、天然生林の資源利用を考慮すべき状況にあるといえる。

森林資源の利用においてはその資源動態を予測することは不可欠であるが、構造の複雑な天然生林の動態を予測することは難しい。例えば、森林総合研究所が管理している天然林動態試験地のように、1ha を超えるような大規模な固定試験地による長期観測によって天然生林の動態を把握しようとする試みがなされているが、それでも天然林の動態を解明するまでにはさらなる観測が必要であるとされる（正木ほか, 2006）。

大規模な固定試験地調査からは林分動態に関して信頼性の高いデータを得ることができるが、一つの試験地にかかるコストは膨大なものであり、環境省モニタリングサイトのような大規模プロジェクトでないかぎり多点に展開することは難しい。一方、資源調査に利用されるプロットレスサンプリングは小面積のプロット

調査に比べても調査コストが低く、多点で調査を行うことが容易である。そのため天然生林における資源動態予測モデルのパラメタリゼーションに対してプロットレスサンプリングによるモニタリングデータが有効ではないかと考えられる。しかし、プロットレスサンプリングは観測点と樹木との距離およびそのサイズによって計測対象が変化するため、本当にモデル開発に利用できるのか検証する必要がある。

そこで本研究においてはプロットレスサンプリングによるモニタリングデータを用いて天然生林動態予測モデルのパラメタリゼーションを適切に行うことが可能であるかについて、シミュレーションによる数値実験から検証を試みた。

## II. 方法

本研究では 1) 仮想林分の生成、2) 個体レベルモデルによる林分動態シミュレーション、3) プロットレスサンプリングによるモニタリング、および 4) モニタリングデータによるモデルのパラメタリゼーションという手順で研究を進める。

### 1. 仮想林分の生成

本研究においては面積 1ha の林分を 500 林分生成した。九州大学福岡演習林で実施されている継続森林資源調査データを参考に、表-1 に示す指標に従い 3 つの直径階に分けて個体を発生させた。直径階別本数は一様分布を仮定して表-1 に示す上限値および下限値の間でランダムに決定した。各個体の直径は表-1 に示す平均値および分散に従う正規乱数より決定した。各個体の樹高は同調査で得られたデータによる拡張相対成長式を用いて直径をもとに与えた。各個体の位置はランダムに設定した。

<sup>\*1</sup> Mitsuda, Y., Kajisa, T., and Yoshida S.: Can natural forest dynamics models be parameterized using monitoring data sets derived from plotless sampling.

<sup>\*2</sup> 宮崎大学農学部 Fac. Agr., Univ. Miyazaki, Miyazaki 889-2192, Japan.

<sup>\*3</sup> 鹿児島大学農学部 Fac. Agr., Kagoshima Univ., Kagoshima 890-8580, Japan.

<sup>\*4</sup> 九州大学農学部 Fac. Agr., Kyushu Univ., Fukuoka 812-8581, Japan.

表-1. 仮想林分生成の設定

直径階	本数 (本/ha)	直径 (cm)	
	一様分布	正規分布	
	上限 - 下限	平均	標準偏差
1	300-350	25	0.2
2	350-500	15	0.2
3	500-800	6	0.2
更新木	10-20	5	0.2

## 2. 個体レベルモデルによる林分動態シミュレーション

個体レベルの成長モデルを用いて、各個体について10年間の成長予測を行った。個体レベル成長モデルは個体の炭素収支に基づく成長モデルと個体間競争に基づく光獲得モデルを組み合わせたものである。炭素収支成長モデルは日射の吸収、光合成による生産、気温による光合成の律速、呼吸、葉・枝・根のつけ替え、および余剰光合成生産物の各器官への配分というプロセスのサブモデルからなる。各サブモデルは次式によって表現される。モデルの詳細については既報（光田ほか、2013）を参照されたい。

## 1) 日射吸収サブモデル

$$APAR=PAR \cdot (1 - \exp(K \cdot B_F)) \quad (1)$$

ここで、APARは光合成有効日射の吸収量 ([MJ/month])、PARは個体が獲得した光合成有効日射量 ([MJ/month]) および  $B_F$  は個体の葉バイオマス ([Mg]) を示す。また、Kはモデルパラメータである。

## 2) 光合成サブモデル

$$P = \frac{\varphi APAR + P_{max} - \sqrt{(\varphi APAR + P_{max})^2 + 4 \varphi APAR \theta P_{max}}}{2 \theta} \quad (2)$$

ここで、Pは光合成速度 ([Mg/month]) を示す。また、 $P_{max}$ 、 $\varphi$  および  $\theta$  はモデルパラメータである。なお、 $P_{max}$  は最大光合成速度 ([Mg/month]) を意味するパラメータである。

## 3) 気温律速サブモデル

$$M_T = \frac{1}{1 + \exp(-\beta_1(T - \beta_2))} \quad (3)$$

ここで、 $M_T$  は気温による光合成速度の律速係数、Tは月平均気温 ([°C]) を示す。また、 $\beta_1$  および  $\beta_2$  はモデルパラメータである。

## 4) 生産サブモデル

$$GPP = P \cdot M_T \quad (4)$$

ここで、GPPは月間の総一次生産量 ([Mg/month]) を示す。

## 5) 呼吸サブモデル

$$R_j = rr_j \cdot B_j^{rs_j} \quad (5)$$

ここで、 $R_j$  は部位jにおける月間呼吸量 ([Mg/month]) および  $B_j$  は部位jのバイオマス ([Mg]) を表す。なお、添え字jについては幹をS、枝をB、根をRおよび葉をFとする。 $rr_j$  は月平均気温によって次式のように変化する呼吸速度係数である。

$$rr_j = \beta_3 \exp(\beta_4 \cdot T) \quad (6)$$

ここで、 $\beta_3$  および  $\beta_4$  はモデルパラメータである。また、 $rs_j$  はスケーリングパラメータであり、葉については1とし、その他の部位については  $2/3$  とした。

## 6) 付け替えサブモデル

$$L_j = lr_j \cdot B_j \quad (7)$$

ここで、 $L_j$  は部位jにおける月間付け替え量 ([Mg/month]) を示す。また、 $lr_j$  はモデルパラメータである。なお、幹について樹皮の付け替えがあるが、本研究では考慮していない。

## 7) 余剰光合成生産サブモデル

$$NPP = GPP - \sum_{j \in \{S,B,R,F\}} R_j \quad (8)$$

$$G = NPP - \sum_{j \in \{S,B,R,F\}} L_j \quad (9)$$

ここで、NPPは月間純一次生産量 ([Mg/month])、およびGは余剰光合成生産量 ([Mg/month]) を示す。

なお、光合成サブモデルについては光合成速度のパラメータに林分間差および個体間差を次式により導入した。

$$P_{max,plot} \sim N(P_{max}, \theta_{plot}) \quad (10)$$

$$P_{max,i} \sim N(P_{max,plot}, \theta_i) \quad (11)$$

ここで、 $P_{max,plot}$  はプロット平均および  $P_{max,i}$  は個体の光合成最大光合成速度パラメータ ( $P_{max}$ ) とプロットレベルの分散パラメータ ( $\theta_{plot}$ ) から、各プロットの平均的な光合成最大速度パラメータ ( $P_{max,plot}$ ) を正規乱数により与える。さらに、各プロットについてプロット平均パラメータと個体レベルの分散パラメータ ( $\theta_i$ ) から、各個体の光合成最大速度パラメータ ( $P_{max,i}$ ) を正規乱数により与える。このようなパラメータに設定によって、プロットによって立地条件が異なることによる成長の違い、樹種や遺伝的形質による個体成長の違いを表現した。このように与えられた  $P_{max,i}$  が各個体について光合成速度を計算する式(2)に代入される。

光獲得モデルは各個体について胸高断面積に比例した樹冠投影面積を設定し、一定範囲内の自個体よりも大きな個体の累積樹冠投影面積によって受光量が減少するというモデルとした。

$$CPA_i = \beta_5 \cdot BA_i \quad (12)$$

$$CI_i = \sum_{j \in k} CPA_i \quad (13)$$

$$PAR_i = PAR_{area} \cdot CPA_i \cdot (1 - \beta_6 \cdot \exp(1 - \beta_7 \cdot CI_i)) \quad (14)$$

ここで、 $BA_i$  および  $CPA_i$  は各個体の胸高断面積 ( $[m^2]$ ) および樹冠投影面積 ( $[m^2]$ ) を示す。CI<sub>i</sub> は個体の競争状態を示す指数であり、半径10m 円内における自個体よりも胸高直径の大きい個体（その集合をkとする）の樹冠投影面積合計で表現する。各個体の獲得光合成有効日射量 ( $PAR_i$  [MJ/month]) は単位面積あたり日射量 ( $PAR_{area}$  [MJ/m<sup>2</sup>/month]) を樹冠投影面積分だけ受け光し、さらに競争指数によって調整して計算した。なお、 $\beta_5$  および  $\beta_6$  はモデルパラメータである。ここで計算される  $PAR_i$  が各個体について日射量を計算する式(1)に代入される。

枯死については計算上マイナス成長となる状態が一定年数以上経過すると枯死とみなした。また、表-1の設定に従って毎年ランダムな本数が更新することにした。なお、これらのモデルについては試行錯誤して便利的なパラメータを与えた。月別の単位面積あたり日射量 ( $PAR_{area}$ ) および平均気温 (T) といった気象値は気象庁のメッシュ平年値2010を用い、宮崎県内のメッシュをランダムに選んでその気象値を入力値とした。

## 3. プロットレスサンプリングによるモニタリング

期首および期末の林分データについて、1haの林分中央に長さ20mのラインを設定し断面積定数4でラインサンプリングを行った。計測データから10年間のバイオマス成長量を計算した。

#### 4. モニタリングデータによるパラメタリゼーション

期首の状態を初期状態とし、バイオマス成長量を目的変数としてベイジアンキャリブレーションにより天然生林動態予測モデルのパラメタリゼーションを行った（山道・角谷, 2009）。モデルは炭素収支に基づく成長モデルであり、個体レベルのものを林分レベルにスケールアップしたものであり、式（1）から（9）までを利用し、入力値を個体から林分合計値に代えたものである。なお、更新は成長量に含めて考えるものとし、枯損量は各部位のバイオマスから一定割合で発生するものとして次式によりモデルに組み込んだ。

$$D_j = mr \cdot B_j \quad (15)$$

ここで、 $D_j$  は部位  $j$  における年間枯損量 ([Mg/year]) を示す。また、 $mr$  は枯損率を意味するモデルパラメータである。枯損量については1年間の成長を月単位で計算した後、年単位で計算した。

本研究においては最大光合成速度 ( $P_{max}$ ) および枯損率 ( $mr$ ) パラメータを推定対象とし、その他のパラメータについては固定した。なお、 $P_{max}$  の推定には林分間差を導入し、式（10）の形で平均的なパラメータとそれから派生される各林分のパラメータを階層的に推定した。また、比較対象として1haの林分に存在するすべての個体情報を用いて同様にパラメータを推定した。

### III. 結果と考察

仮想林分におけるラインサンプリングによるデータから推定した10年間のバイオマス成長量と、真値として1haすべての個体データから計算したものを比較した（図-1）。大きく過大推定している林分が多いが、これは更新木や肥大成長の結果としてあらたに測定木が加わった林分、もしくは林分では枯死が発生しているもののラインサンプリングの対象木では枯死が発生しなかった林分であった。このような結果はプロットレスサンプリングの特性として懸念されていた点である。このような誤差がモデルのパラメタリゼーションに与える影響について検証した。

ラインサンプリングデータおよび全個体データを用いて推定したパラメータを表-2に示す。平均的な光合成速度を表現するパラメータ  $P_{max}$  は 0.498 および 0.493 となり、推定値間に大きな差は生じなかった。さらに、期首の全個体データを入力値としてモデルから推定したバイオマス成長量を比較した結果、ラインサンプリングデータおよび全個体データによるモデル間で大きな差は生じなかった（図-2）。バイオマス成長量の推定に偏りがあるにもかかわらず、パラメータの推定値が大きく異なるかったのは階層ベイズモデルを採用して林分間変異を考慮した効果であると考えられる。

### IV. おわりに

本研究の結果、ラインサンプリングによるモニタリングデータを用いた天然生林動態予測モデルのパラメタリゼーションは、階層ベイズモデルを応用することで林分レベルのモデルであれば可能であることが示唆された。しかし、本研究はあくまでシミュレーションによる試行であり、多くの仮定に基づくものである。今後、現実のデータから仮定を検証し、より多様なシミュレー

ションを行って検討を重ねていく必要がある。

### 謝辞

本研究は農林水産省委託プロジェクト「森林及び林業分野における温暖化緩和技術の開発」によって行った。

### 引用文献

正木ほか (2006) 森林の生態学, 383 pp, 文一出版, 東京.

光田ほか (2013) 統計数理 61 : 307-322.

山道・角谷 (2009) 日本生態学会誌 59 : 207-216.

(2014年11月7日受付; 2015年1月26日受理)

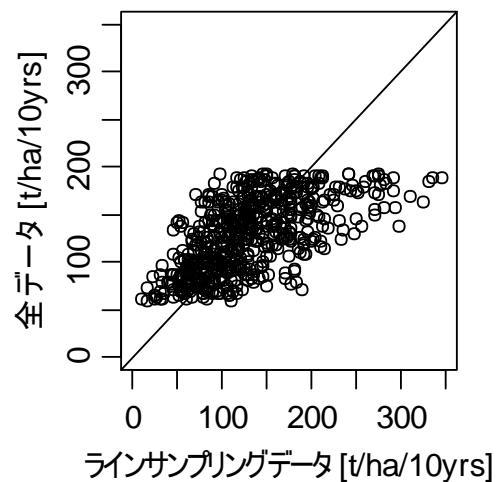


図-1. バイオマス成長量の比較

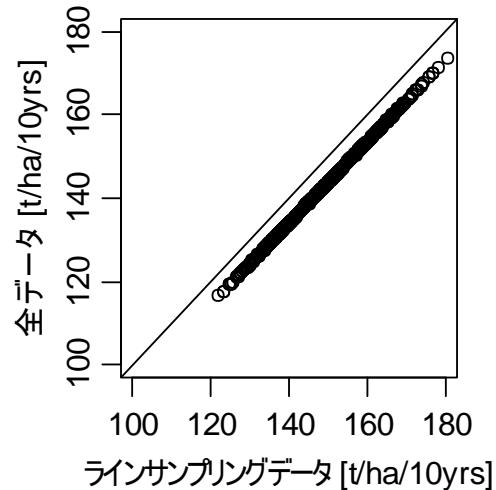


図-2. バイオマス成長量推定値の比較

表-2. パラメータ推定値

	ラインサンプリング データによるモデル	全データによる モデル
$P_{max}$	0.498	0.493
$mr$	$1.051 \times 10^{-3}$	$1.053 \times 10^{-3}$