

基于水稻叶面积指数的根生物量预测模型研究^①

陈 龙^{1,2}, 史学正^{1,2}, 徐胜祥^{1*}, 于东升^{1,2}, 王轶虹^{1,2}, 宋正姍¹, 王美艳¹

(1 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008; 2 中国科学院大学, 北京 100049)

摘 要: 准确预测作物根生物量对评价农田生态系统碳源汇功能具有重要意义。本研究以江西省余江县为研究区, 以 2012 年晚稻季抛秧的黄花粘水稻为研究对象, 基于 26 个监测点的水稻生育期(分蘖期、抽穗期、灌浆期和完熟期)叶面积指数(LAI)以及完熟期地上和地下生物量数据, 分析了 LAI 与生物量的相关关系, 比较了利用 LAI 直接预测根生物量和利用根冠比法预测根生物量的优劣, 最终建立了基于多生育期 LAI 的水稻根生物量预测模型。结果表明: 灌浆期 LAI 与根生物量呈极显著相关关系, 相关系数为 0.775; 利用 LAI 直接预测根生物量精度高于根冠比法; 利用单一生育期 LAI 预测根生物量的精度较低; 多生育期 LAI 能显著提高根生物量预测精度, 其中基于抽穗期、灌浆期和完熟期 LAI 组合的根生物量预测模型最优。综上所述, 本研究区抛秧的黄花粘水稻的根生物量可以通过 LAI 快速、准确地预测。

关键词: 水稻; 叶面积指数; 根生物量; 根冠比; 预测模型

中图分类号: S181

作物根部残留物是形成土壤有机质的主要来源之一^[1-3], 准确预测作物根生物量对评价农田生态系统碳源汇功能具有重要意义。然而, 长期以来, 根生物量的测定缺乏简便有效的方法, 制约了作物地下部分的研究进展。随着全球碳循环研究的深入, 精确、高效的大区域根生物量预测方法亟待解决。

目前, 大区域的根生物量预测主要采用根冠比法。例如 Huang 等^[4]利用中国分省粮食产量统计数据, 结合文献总结的 13 种作物的根冠比, 计算了全国作物的根生物量。朴世龙等^[5]利用遥感技术估算我国草地地上生物量, 结合从文献中获取的 17 个不同草地类型的根冠比, 计算出我国草地根生物量。然而, 由于植被根冠比因管理措施、环境条件以及采样方法的不同而有明显差异, 即使同一区域根据不同研究得出的根冠比可能会有较大误差。Fan 等人^[6]报道的中国北方草地的根冠比均值为 24.6, 而方精云等人^[7]根据文献得到的仅为 7.7, 两者估算的根生物量相差 3 倍以上。因此, 为了更准确地估算根生物量, 就必须更准确地估计根冠比。同时, 探索其他易于获取的参数, 代替较为缺乏的根冠比, 进行大区域的根生物量预测具有重要意义。

叶面积指数 (leaf area index, LAI) 为单位土地面积上植物叶片总面积占土地面积的倍数^[8], 它不仅能反映植被的结构、分布密度和生物量信息^[9], 并且可以通过遥感植被指数来获取^[10], 为大区域作物生物量估算提供了新的技术手段。Koppe 等^[11]在三江平原的研究发现水稻拔节期 LAI 与地上生物量相关性最大, 据此选择拔节期的遥感数据预测了水稻地上生物量。薛利红等^[12]在江苏省农科院试验站的研究发现叶面积氮指数的变化趋势不仅能很好地反映水稻产量形成过程, 而且与光谱植被指数呈极显著正相关, 基于此建立了水稻估产模型, 本模型最大相对误差仅为 5% 左右。任建强等^[13]利用冬小麦开花期 LAI 和产量数据, 建立了黄淮海平原冬小麦估产最优模型, 该模型估产的平均相对误差为 1.21%。

由此可见, 在利用作物 LAI 估算地上生物量方面已经取得了较为明显的成效。然而, 利用 LAI 预测根生物量的研究尚未见报道, 能否利用 LAI 进行根生物量预测还有待研究。据此, 本文以江西省余江县为研究区, 以 2012 年晚稻季抛秧的黄花粘水稻为研究对象, 利用水稻 LAI 以及生物量数据结合交

基金项目: 国家自然科学基金项目(41301242)、中国科学院战略性先导科技专项课题项目(XDA05050503)和国家科技支撑计划课题项目(2013BAD11B00)资助。

* 通讯作者(sxxu@issas.ac.cn)

作者简介: 陈龙(1988—), 男, 江苏南京人, 硕士研究生, 研究方向为 GIS 在土壤学、农学以及生态环境方面的应用。E-mail: clgis2011@163.com

叉验证思想建立了根生物量回归模型并验证,从而探讨了利用 LAI 预测根生物量的可行性,以期为该地区水稻根生物量预测和土壤固碳潜力研究提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

余江县位于我国江西省东北部山区向鄱阳湖平原过渡地段(116°41'~117°09' E, 28°04'~28°37' N),总面积约为 936 km²(图 1)。该县属亚热带湿润季风气候,年平均温度 17.6℃,年降水量 1 758 mm。地形以低丘为主,南北多高丘,丘陵面积占 78%,平原占 22%^[14]。土地利用方式以水田、旱地、林地为主,3 种土地利用方式的面积分别为 39%、13% 和 38%^[15]。土壤类型以水稻土和红壤为主,潮土亦有零星分布。水稻土主要包括淹育型、潜育型、潜育型水

稻土 3 个亚类,总面积约 250 km²,占总耕地面积的 85% 左右。余江县是我国重要的商品粮生产基地,主要的粮食作物轮作方式是早稻和晚稻一年两熟,2012 年水稻种植面积 400 km²,全年水稻总产 2.29×10^6 kg,是典型的南方水稻种植区。

1.2 采样点布设

样点的布设通过室内布点、监测田块选择和重新校正 3 个步骤完成;基于 2008 年余江县耕地生产力评价结果,兼顾田块的代表性,共布设 26 个监测采样点,样点数目主要依据不同生产力耕地面积的大小折算确定,高产田 6 个、中产田 14 个、低产田 6 个。为准确建立水稻 LAI 和根生物量之间的关系,尽量避免其他影响因子的干扰作用(如水稻品种和种植方式),经过野外调查,本研究选择水稻品种为黄花粘和种植方式为抛秧的田块为监测田块,并用 GPS 记录监测田块的经纬度。

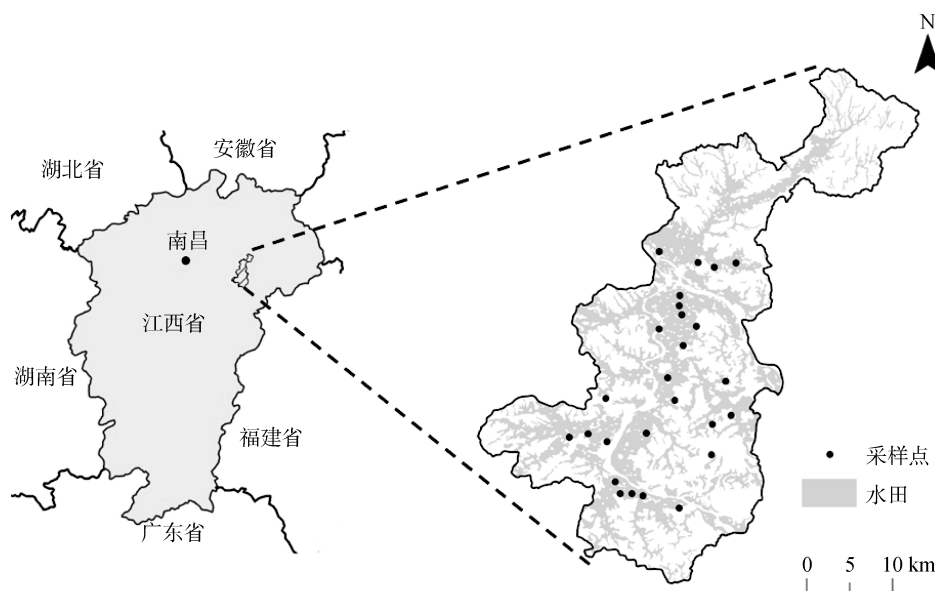


图 1 研究区位置及采样点分布
Fig. 1 Location of study area and distribution of sampling points

1.3 LAI 监测与生物量测定

2012 年晚稻季,分别在水稻分蘖期(8 月 20 日)、抽穗期(9 月 15 日)、灌浆期(10 月 9 日)以及完熟期(11 月 5 日),采用美国 Decagon 公司的植物冠层分析仪 AccuPAR LP-80^[16]测定水稻叶面积指数(LAI),4 个时期的 LAI 分别记为 L_1 、 L_2 、 L_3 和 L_4 。测量选择在晴朗无云的天气进行,测量时间为 9:00—16:00。每个监测田块测量 6 次,取平均值作为该田块的 LAI。

水稻完全成熟前 2~3 天,在每个监测田块,选择 3 个 1 m² 的水稻样方,贴地收割每个样方水稻地

上部分植株;水稻地下根系生物量采用挖土块法^[17],即在每个 1 m² 采完水稻植株的样方内,挖取一个长宽深分别为 0.5 m、0.5 m 和 0.4 m 土块内的土壤,用水清洗,将泥土和根系分离。水稻地上植株和地下根系带回实验室烘干(80℃, 8 h)后称重,得到地上生物量(AW, g/m²)和根系生物量(RW, g/m²)。

1.4 研究方法

利用单一生育期 LAI 预测根生物量主要有两种方法,一种是直接预测法,即利用水稻某一生育期 LAI 建立与根生物量的一元线性回归模型,预测根生物量。另一种是根冠比法,即利用水稻某一生育期

LAI 建立与地上生物量的一元线性回归模型,预测地上生物量,再利用本研究实测的根冠比均值预测根生物量。

利用多生育期水稻 LAI 预测根生物量,首先用完全模型^[18]筛选自变量,以调整后决定系数为自变量筛选的标准,统计分析水稻每两期 LAI 变化量以及不同时期 LAI 组合对根生物量的解释能力大小;每两期 LAI 变化量计算公式如下: $L_{ij}=L_i-L_j$, L_{ij} 表示*i*期 LAI 与*j*期 LAI 之差。然后,通过方差膨胀因子(VIF)指标来判断变量组合的多重共线性;当 $0<VIF<10$,不存在多重共线性;不存在多重共线性的变量组合才可以用于建立回归模型^[19]。最后,通过回归分析建立基于多生育期 LAI 的根生物量预测模型。由于生物量数据本身存在着异方差性^[20],在建立生物量预测模型时,本文以生物量对数值作为因变量,来消除异方差的影响。统计分析采用 SAS9.1 进行,评价模型的拟合效果时以决定系数(R^2)为主要评价指标。

1.5 预测结果的准确性检验

由于根生物量采集困难,本研究的样本量较小,因此采用交叉验证法^[21]进行预测结果的准确性检验。在此方法中, $n-1$ 个样本用于模型的建立,剩下一个样本用于对该模型的检验,这个过程相继重复直到所有样本都被验证一次。以模型的平均绝对误差(MAE)为指标,评价模型的预测精度。MAE 的值越小,则预测精度越高,反之精度越低,其计算方法如下:

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n ABS(y_{oi} - y_{pi})$$

式中, y_{oi} 为水稻根生物量观测数据, y_{pi} 为预测数据, n 为验证点数量^[22]。

2 结果与分析

2.1 水稻 LAI 和根生物量特征

水稻 LAI 在整个生育期内呈现先增大后减小的趋势(图 2)。生育前期,水稻营养生长和生殖生长较为活跃,叶片快速生长,LAI 显著增大,且在抽穗期与灌浆期之间达到峰值;生育后期,叶片逐渐枯萎甚至脱落,LAI 逐渐减小。这与徐英等^[23]研究得到的水稻 LAI 生长曲线有所差异,其 LAI 峰值出现在水稻抽穗期前几天。这主要是因为本研究 LAI 是使用 AccuPAR 仪器测量得到的,该仪器测定的是绿色叶面积指数,包含了叶片和稻穗信息,从而导致灌浆期测定值偏大。此外,LAI 的变异系数由 24.32% 逐渐减小到 11.02%(表 1),表明在完整的水稻生育期内,LAI 值域分布随着时间推移趋于集中,变异程度逐渐降低。

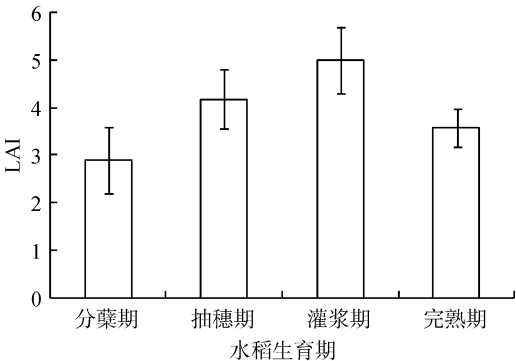


图 2 水稻生育期内 LAI 的变化
Fig. 2 Change trend of rice LAI with growth stages

表 1 水稻叶面积指数和生物量的统计特征($n=26$)
Table 1 The statistic characteristics of rice biomass and LAI

变量	最小值	最大值	平均值	标准差	变异系数(%)
分蘖期 LAI	1.76	4.52	2.90	0.70	24.32
抽穗期 LAI	3.05	5.17	4.18	0.62	14.85
灌浆期 LAI	3.71	6.54	4.99	0.70	14.02
完熟期 LAI	2.74	4.52	3.59	0.40	11.02
根系生物量(g/m ²)	87	379	206	78	38.10
地上生物量(g/m ²)	1 242	2 154	1 635	230	14.07
根冠比	0.07	0.25	0.13	0.05	36.76

对余江县 26 个样点实测的水稻生物量数据进行统计分析,结果表明根生物量变化在 87 ~ 379 g/m² 之间,最大值为最小值的 4 倍,变异系数为 38.10%;地上生物量均值为 1 635 g/m²,变异系数为 14.07%。地上生物量变异仅为根生物量的 40%,这主要是因为根系相对于地上部分植株对土壤及水

肥状况的变化反应更为敏感。本研究区黄花粘水稻的根冠比变化在 0.07 ~ 0.25 之间,均值为 0.13,变异系数 36.76%,属于中等程度变异。表明,同一区域同一作物品种,根冠比仍然存在较大的差异。因此,利用根冠比法预测根生物量可能会导致较大误差。

2.2 单一生育期 LAI 的根生物量预测模型

利用 4 个生育期水稻 LAI 和完熟期生物量(RW 和 AW),通过 Pearson 相关分析,确定与生物量呈极显著相关的生育期,结果见表 2。在根生物量方面,抽穗期 LAI、灌浆期 LAI 均与其呈极显著相关关系,其中灌浆期 LAI 与根生物量之间的相关系数最大($r = 0.775$)。在地上生物量方面,抽穗期 LAI、灌浆期 LAI、完熟期 LAI 均与其呈极显著相关关系,其中灌浆期 LAI 与地上生物量之间的相关系数最大($r = 0.785$)。

表 2 LAI 与生物量之间的相关系数
Table 2 Correlation coefficients of biomass and LAI at different growth stages

	分蘖期 LAI	抽穗期 LAI	灌浆期 LAI	完熟期 LAI
根生物量	0.324	0.755**	0.775**	0.066
地上生物量	0.357	0.681**	0.785**	0.587**

注：* 表示相关性达到 $P < 0.05$ 显著水平,** 表示相关性达到 $P < 0.01$ 显著水平。

根据相关分析的结果,选择灌浆期 LAI 为自变量,分别建立根生物量和地上生物量的一元线性回归模型(图 3)。直接预测法,即利用根生物量预测模型 $\ln RW = 0.420L_3 + 3.160$ ($R^2 = 0.606$),预测各样点的根生物量。根冠比法,即通过地上生物量预测模型 $\ln AW = 0.158L_3 + 6.561$ ($R^2 = 0.617$),预测各样点的地上生物量,再结合本研究实测的该地区水稻根冠比均值 0.13 计算各样点的根生物量。

为评价直接预测法和根冠比法预测根生物量的精度,进而对比两种方法的优劣,本研究利用交叉验证法,得到根生物量预测值对数值与实测值对数值的散点分布图(图 4)。利用直接预测法和根冠比法得到的根生物量实测值对数值与预测值对数值的 MAE 分别为 0.203 和 0.262。研究表明,直接预测法对根生物量的预测精度高于根冠比法。

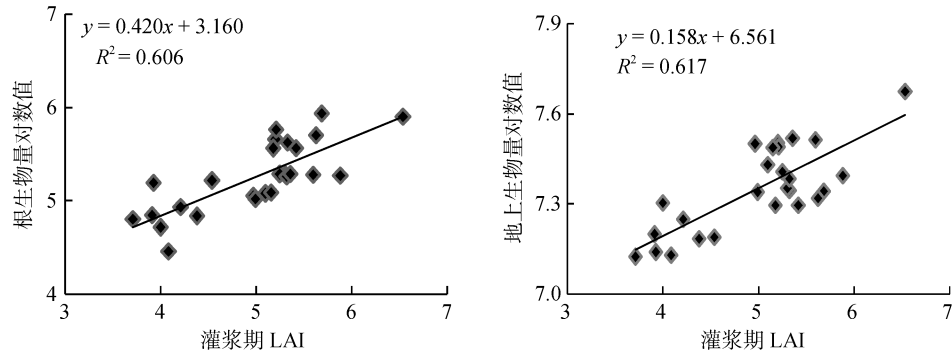


图 3 灌浆期 LAI 与根生物量以及地上生物量的回归模型
Fig. 3 The relationship between LAI at filling stage and rice biomass

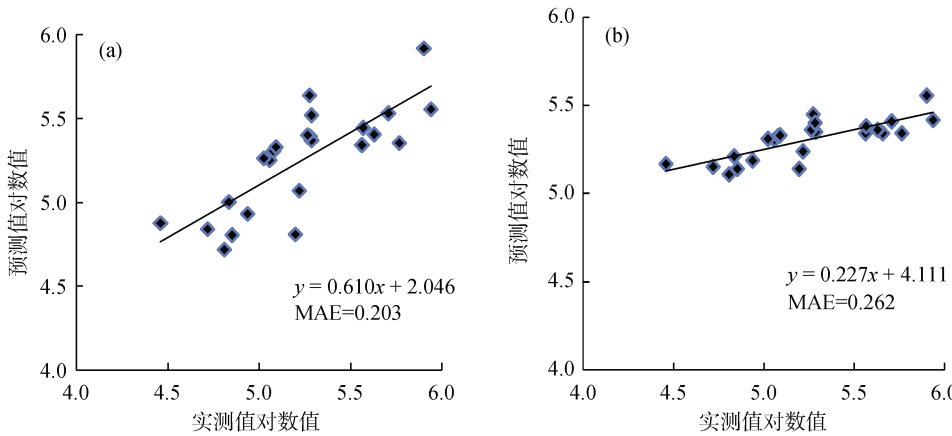


图 4 两种方法预测根生物量的准确性检验(a. 直接预测法; b.根冠比法)
Fig. 4 Validation of accuracy of the prediction of rice root biomass with two methods

2.3 多生育期 LAI 的根生物量预测模型

作物根系的生长是多个生育期共同作用的结果,仅用单期 LAI 预测根生物量的精度和稳定性均不高。本文试图通过统计分析每两期 LAI 变化量以及

不同时期 LAI 组合对根生物量影响,建立多生育期 LAI 的根生物量预测模型,以期提高根生物量的预测精度。

利用 4 个生育期 LAI、每两期 LAI 变化量以及根

生物量数据,采用完全模型方法,根据调整后决定系数,筛选出可用于建立根生物量预测模型的自变量(表 3)。当模型中只有一个变量 L_{34} (即灌浆期与完熟期 LAI 的差值)时,不存在多重共线性问题;当模型中有两个或三个变量组合时,由判定多重共线性的指标 VIF 都小于 10,可知变量组合均通过多重共线性检验。因此,通过筛选得到的 3 组 LAI 组合均可用于建立根生物量预测模型。

表 3 自变量的筛选以及多重共线性检验
Table 3 Screening of the independent variables and Multicollinearity test

变量组合	调整后决定系数	膨胀系数
L_{34}	0.711	—
L_2/L_{34}	0.746	2.6, 2.6
$L_1/L_2/L_{34}$	0.758	2.8, 2.6, 1.2

以筛选所得的 3 组 LAI 组合为自变量,根生物量对数值为因变量,通过回归分析结合交叉验证法进行模型参数系数的估计和精度检验,得到根生物量预测模型(表 4)。从各模型的拟合效果来看,利用 L_{34} 、 L_2/L_{34} 、 $L_1/L_2/L_{34}$ 模拟根生物量的决定系数 R^2 分别为 0.752、0.791 和 0.796,说明 $L_1/L_2/L_{34}$ 的拟合效果最好,略高于 L_2/L_{34} , L_{34} 的拟合效果相对较差。从各模型的预测效果来看,基于 L_{34} 、 L_2/L_{34} 、 $L_1/L_2/L_{34}$ 模型的实测值和预测值的 MAE 分别为 0.158、0.136 和 0.135,说明 $L_1/L_2/L_{34}$ 的预测效果最好,略高于 L_2/L_{34} 的预测效果, L_{34} 的预测效果相对较差。综合考虑拟合效果和预测效果,选择 L_2/L_{34} 建立的根生物量预测模型最优。

表 4 根生物量的预测模型及精度检验
Table 4 Regression equations of rice root biomass and validation of accuracy

生育期数	模型	决定系数	平均绝对误差
2	$\ln RW = 0.552L_{34} + 4.496$	0.752	0.158
3	$\ln RW = 0.198L_2 + 0.393L_{34} + 3.892$	0.791	0.136
4	$\ln RW = 0.042L_1 + 0.181L_2 + 0.391L_{34} + 3.845$	0.796	0.135

3 讨论

本文对水稻 LAI 与生物量关系的研究表明, L_2 、 L_3 与根生物量呈极显著相关关系, L_2 、 L_3 、 L_4 与地上生物量呈极显著相关关系,这为大区域根生物量预测提供了可能。基于此建立了根生物量一元线性回归模型,模型的 R^2 仅为 60% 左右,这就说明利用单一生育期的 LAI 直接预测根生物量还存在着一定的困难。同时,建立地上生物量一元线性回归模型,结合实测

的根冠比均值 0.13,预测根生物量。通过交叉验证发现,直接预测法对根生物量的预测精度高于根冠比法。这主要是因为根冠比变异系数较大,利用根冠比均值进行地下生物量预测会产生较大误差;同时,根冠比法需要先预测地上生物量再预测地下生物量,两个过程的误差累积使得预测精度降低。因此,在进行根生物量预测时,选用直接预测法建立的根生物量预测模型较优。

此外,研究还发现多生育期 LAI 组合相比于单一生育期 LAI 对根生物量的拟合效果和预测精度有显著提高。从拟合效果来看, L_{34} 对根生物量的解释能力较高, R^2 超过 75%,这说明水稻生长后期 LAI 的变化对根生物量影响最为显著; L_2/L_{34} 组合对根生物量的解释能力约为 80%,说明抽穗期 LAI 对水稻根生物量有一定影响; $L_1/L_2/L_{34}$ 组合对根生物量的解释能力相对于 3 期基本没有变化,说明分蘖期 LAI 对根生物量影响较小。通过模型的拟合效果,可以为今后研究中 LAI 监测时期的选择提供科学依据。从预测效果来看,基于 L_{34} 、 L_2/L_{34} 、 $L_1/L_2/L_{34}$ 模型的实测值和预测值的 MAE 分别为 0.158、0.136 和 0.135,表明随着 LAI 的期数增多根生物量预测模型的精度在不断提高,然而 4 期 LAI 对根生物量的预测精度相对于 3 期 LAI 提高幅度很小。实际的研究工作中, LAI 野外监测需要耗费大量的人力物力,在保证预测精度较好的前提下,尽量减少 LAI 监测时期有重要意义。因此,综合考虑拟合效果和预测效果,选择 L_2/L_{34} 建立的根生物量预测模型最优。本研究得到 LAI 与根生物量之间较好的关系,为用遥感技术预测大区域根生物量奠定了基础。

应当指出,限于方法、数据和技术等方面的原因,本研究仅针对抛秧的黄花粘晚稻,范围较窄,还需进一步探究不同品种和不同种植方式的水稻 LAI 与根生物量的关系。同时,由于根生物量的获取较为困难,且费时费力,因此本研究样本量不大,需要进一步增大研究样本的数量来确保研究结果的可重复性和模型的外延性。

4 结论

本研究以江西省余江县为研究区,以 2012 年晚稻季抛秧的黄花粘水稻为研究对象,利用水稻 LAI 以及生物量数据结合交叉验证思想建立了根生物量的预测模型。研究得出,针对研究区抛秧的黄花粘水稻,利用 LAI 预测根生物量是可行的。利用 LAI 直接预测根生物量的精度高于根冠比法;仅用单一生育期 LAI 预测根生物量的精度较低;多生育期 LAI

可以提高根生物量的预测精度,其中基于抽穗期、灌浆期和完熟期的 LAI 组合所得的根生物量预测模型最优。

参考文献：

- [1] Gregorich EG, Drury CF, Baldock JA. Changes in soil carbon under long-term maize in monoculture and legume-based rotation[J]. *Canadian Journal of Soil Science*, 2001, 81(1): 21–31
- [2] Johnson JMF, Allmaras RR, Reicosky DC. Estimating source carbon from crop residues, roots and rhizodeposits using the national grain-yield database[J]. *Agronomy Journal*, 2006, 98(3): 622–636
- [3] Gale WJ, Cambardella CA. Carbon dynamics of surface residue- and root-derived organic matter under simulated no-till[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2000, 64(1): 190–195
- [4] Huang Y, Zhang W, Sun WJ, Zheng XH. Net primary production of Chinese croplands from 1950 to 1999[J]. *Ecological Application*, 2007, 17(3): 692–701
- [5] 朴世龙, 方精云, 贺金生, 肖玉. 中国草地植被生物量及其空间分布格局[J]. *植物生态学报*, 2004, 28(4): 491–498
- [6] Fan JW, Zhong HP, Harris W, Yu GR, Wang SQ, Hu ZM, Yue YZ. Carbon storage in the grasslands of China based on field measurements of above- and below-ground biomass. *Climatic Change*, 2008, 86: 375–396
- [7] 方精云, 杨元合, 马文红, 安尼瓦尔, 沈海花. 中国草地生态系统碳库及其变化[J]. *中国科学: 生命科学*, 2010, 40(7): 566–576
- [8] Ryu Y, Sonnentag O, Nilson T, Vargas R, Kobayashi H, Wenk R, Baldocchi DD. How to quantify tree leaf area index in an open savanna ecosystem: A multi-instrument and multi-model approach[J]. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2010, 150: 63–76
- [9] Herrmann I, Pimstein A, Karnieli A, Cohen Y, Alchanatis V, Bonfil DJ. LAI assessment of wheat and potato crops by VENUS and Sentinel-2 bands[J]. *Remote Sensing of Environment*, 2011, 115: 2 141–2 151
- [10] 孙佳佳, 于东升, 史学正, 顾祝军, 张文太, 杨浩. 植被叶面积指数与覆盖度定量表征红壤区土壤侵蚀关系的对比研究[J]. *土壤学报*, 2010, 47(6): 1 060–1 066
- [11] Koppe W, Gnyp ML, Hütt C, Yao YK, Miao YX, Chen XP, Bareth G. Rice monitoring with multi-temporal and dual-polarimetric TerraSAR-X data[J]. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 2013, 21: 568–576
- [12] 薛利红, 曹卫星, 罗卫红. 基于冠层反射光谱的水稻产量预测模型[J]. *遥感学报*, 2005, 9(1): 100–105
- [13] 任建强, 陈仲新, 周清波, 唐华俊. 基于叶面积指数反演的区域冬小麦单产遥感估测[J]. *应用生态学报*, 2010(11): 2 883–2 888
- [14] Zhang ZQ, Yu DS, Shi XZ, Weindorf DC, Wang XX, Tan MZ. Effect of sampling classification patterns on SOC variability in the red soil region, China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2010, 110(1): 2–7
- [15] Zhang ZQ, Yu DS, Shi XZ, Warner E, Ren HY, Sun WX, Tan MZ, Wang HJ. Application of categorical information in the spatial prediction of soil organic carbon in the red soil area of China[J]. *Soil Science and Plant Nutrition*, 2010, 56(2): 307–318
- [16] Garrigues S, Shabanov NV, Swanson K, Morissette JT, Baret F, Myneni RB. Intercomparison and sensitivity analysis of Leaf Area Index retrievals from LAI-2000, AccuPAR, and digital hemispherical photography over croplands[J]. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2008, 148: 1 193–1 209
- [17] 朱桂林, 韦文珊, 张淑敏, 吴冬秀. 植物地下生物量测定方法概述及新技术介绍[J]. *中国草地学报*, 2008, 30(3): 94–99
- [18] 何晓群, 刘文卿. 应用回归分析. 2 版[M]. 北京: 中国人民大学出版社, 2007: 126–168
- [19] 陈红艳. 土壤主要养分含量的高光谱估测研究[D]. 山东泰安: 山东农业大学, 2012
- [20] 曾伟生, 唐守正. 东北落叶松和南方马尾松地下生物量模型研建[J]. *北京林业大学学报*, 2011(2): 1–6
- [21] 王昶, 黄驰超, 余光辉, 冉炜, 沈其荣. 近红外光谱结合偏最小二乘法快速评估土壤质量[J]. *土壤学报*, 2013, 50(5): 36–45
- [22] Zhao YC, Shi XZ, Yu DS, Pagella TF, Sun WX, Xu XH. Soil organic carbon density in Hebei Province, China: Estimates and uncertainty[J]. *Pedosphere*, 2005, 3: 293–300
- [23] 徐英, 周明耀, 薛亚锋. 水稻叶面积指数和产量的空间变异性及关系研究[J]. *农业工程学报*, 2006(5): 10–14

Rice Root Biomass Forecasting Model Based on Leaf Area Index

CHEN Long^{1,2}, SHI Xue-zheng^{1,2}, XU Sheng-xiang^{1*}, YU Dong-sheng^{1,2},
WANG Yi-hong^{1,2}, SONG Zheng-shan¹, WANG Mei-yan¹

(1 *State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture(Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences)*, Nanjing 210008, China; 2 *University of Chinese Academy of Sciences, Beijing* 100049, China)

Abstract: It's very important to accurately predict crop root biomass for evaluation of carbon source/sink function in crop ecosystem. With the late rice of 2012, in Yujiang County, Jiangxi Province, the paper collected leaf area index (LAI) data in 4 different rice growth stages (tillering, heading, filling and full ripeness stage) and the above and below ground biomass data in full ripeness stage from 26 monitoring plots, explored the correlations between LAIs and rice root biomass, compared the LAI approach to the root shoot ratio method in the prediction of rice root biomass, and aimed to establish the prediction models of rice root biomass with multi-stage LAIs. The results showed that there was a strong correlation ($r = 0.775$, $P < 0.01$) between LAI and root biomass in rice filling stage; the prediction precision of root biomass with LAI approach was higher than that with root shoot ratio method; multi-stage LAIs could improve the prediction precision, esp. the LAIs combination in heading, filling, and full ripeness stages could build the robust prediction model of crop root biomass while the best prediction model with single stage LAI had lower prediction precision. In conclusion, the rice root biomass can be precisely predicted with LAI approach, which may make a foundation for direct prediction of crop root biomass with multi-stage LAIs in the future.

Key words: Rice, LAI, Root biomass, Root shoot ratio, Forecasting model