

doi: 10.11838/sfsc.1673-6257.21090

# 宁夏覆膜滴灌玉米根系生物量模型构建与优选

兰 宇, 魏 雪, 贾 彪\*, 翟勇全, 王艺君, 运彬媛

(宁夏大学农学院, 宁夏 银川 750021)

**摘 要:** 为精准估测宁夏引黄灌区覆盖全生物降解膜滴灌玉米地下部根系生物量、提高玉米氮素积累量, 以“宁吉 198”和“天赐 19”为试验材料, 采用根系扫描仪获取玉米根系高清图像, 运用根系图像处理系统处理不同施氮量下玉米根系指标, 分析玉米根系生物量分布状况, 利用根径 (D) 和根长 (H) 构建根生物量 (W) 动态模型, 根据决定系数  $R^2$ 、平均绝对误差 (MAE)、估算值标准误差 (SEE) 和平均误差 (ME) 综合评价与优选。研究表明, 2 个品种玉米根系的生物量均集中在 0 ~ 30 cm 土层; 采用非线性回归模型拟合结果发现, 组合变量 ( $D^2H$ ) 作为自变量能显著提高 2 个品种玉米根系生物量的估算精度, 决定系数分别达 0.94 和 0.86; 残差分析结果发现模型存在异方差性, 利用对数转换法消除异方差后, 以组合变量 ( $D^2H$ ) 所构建的幂函数模型为最优模型, 且 2 个品种“宁吉 198”和“天赐 19”的决定系数最大, 分别为 0.97 和 0.96, 为消除不同品种间的误差, 将 2020 年 2 个品种的数据进行拟合, 所获得的根系生物量最优模型为:  $W=3.52 (D^2H)^{0.69}$ ,  $R^2$  达 0.89。模型验证结果根系生物量估计值和实测值决定系数达 0.92, MAE、SEE 和 ME 分别为 0.11、0.13 和 -0.09 kg。说明该模型能较好地模拟宁夏覆膜滴灌玉米根系形态指标和生物量分配动态, 可作为估测作物根系生物量的参考依据。

**关键词:** 玉米; 根系生物量; 根径; 根长; 估算模型

根系是作物器官中较为复杂的部位<sup>[1]</sup>。作物根系生长涉及根系生物量变化、根系水养资源吸收以及根系环境适应性等过程<sup>[2]</sup>。作物生长发育进程中, 根系生物量在整个作物生物量中占有极其重要的地位, 是评价作物生长能力的重要指标<sup>[3]</sup>。研究表明, 适量施氮可促使土壤上层作物根系毛根生长发育, 进而增加根系生物量, 提高籽粒产量<sup>[4-5]</sup>。量化分析作物根系生长过程、构建根系生物量模型等方法可精准判断氮肥施用情况<sup>[1]</sup>, 这对于提升作物群体结构功能、提高氮素积累及增产等起到了重要的作用<sup>[3]</sup>。而起初构建根系生物量模型多以林木、灌丛和草地为主, 均采用胸径、树高等模拟林木地下根系生物量<sup>[6-8]</sup>。农作物根系生物量模型的构建可解决农业生产实践中根系难以观测等问题。刘永霞等<sup>[1]</sup>通过盆栽试验获取水稻根干重等指标, 建立了基于水稻根系生物量的几何参数模型。丁红等<sup>[2]</sup>利用土

柱栽培法模拟花生根系生物量的垂直分布, 确定乘幂函数模拟根系生物量的精度较高。Guo 等<sup>[9]</sup>将生长单元内的生物量进行植株器官间分配, 并根据器官生物量与形态参数的关系分析作物器官形态特征。张吴平等<sup>[10]</sup>构建小麦根系的 GREENLAB 三维动态模拟模型, 对小麦根系形态结构和生物量分配进行动态模拟, 构建的模型能够从机理层次反映根系的生长发育过程。由此可见, 建立作物根系生物量模型是估算作物根系生物量较为有效的分析方法。但与作物地上部生物量模型相比, 地下根系生物量模型研究的深度和广度均比较滞后<sup>[11-12]</sup>。故本试验利用挖土法和根系扫描分析系统, 获取宁夏引黄灌区覆盖全生物降解膜的水肥一体化滴灌玉米根系根径 (D) 和根长 (H) 等形态指标, 构建玉米根系生物量模型, 提取模型参数, 检验模型精度, 为宁夏引黄灌区覆膜滴灌玉米根系生物量监测和评估提供理论指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验设计

试验 1: 于 2019 年 4 ~ 10 月在宁夏农垦平吉堡农场五队 (106°03' E, 38°43' N) 进行, 海拔高度为 1100 m。试验田土壤类型为淡灰钙土, 土壤质地为轻壤土, 试验地基础土壤理化性状见表 1。

收稿日期: 2021-02-18; 录用日期: 2021-03-24

基金项目: 宁夏自然基金项目 (2021AAC03025); 宁夏重点研发计划项目 (2021BEG03014); 国家自然科学基金项目 (31560339)。

作者简介: 兰宇 (1996-), 硕士研究生, 研究方向为作物高产优质高效栽培。E-mail: 1798024250@qq.com。

通讯作者: 贾彪, E-mail: jiabiao2008@nxu.edu.cn。

表 1 试验地基础土壤理化性状

| 年份   | pH   | 有机质<br>(g · kg <sup>-1</sup> ) | 全氮<br>(g · kg <sup>-1</sup> ) | 全磷<br>(g · kg <sup>-1</sup> ) | 碱解氮<br>(mg · kg <sup>-1</sup> ) | 有效磷<br>(mg · kg <sup>-1</sup> ) | 速效钾<br>(mg · kg <sup>-1</sup> ) |
|------|------|--------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|
| 2019 | 8.12 | 16.71                          | 0.78                          | 0.44                          | 36.64                           | 14.36                           | 115.32                          |
| 2020 | 7.81 | 15.06                          | 0.77                          | 0.56                          | 37.24                           | 16.83                           | 99.84                           |

供试玉米为当地主栽品种“宁吉 198”(NJ198), 前茬作物为玉米。2019 年 4 月 24 日播种, 小区面积为 112 m<sup>2</sup>, 采用随机区组排列, 3 个重复, 种植密度为 97500 株 · hm<sup>-2</sup>。本试验设置 5 个施 N 水平和 1 个对照处理, 分别为 N0: 0 kg · hm<sup>-2</sup>; N1: 90 kg · hm<sup>-2</sup>; N2: 180 kg · hm<sup>-2</sup>; N3: 270 kg · hm<sup>-2</sup>; N4: 360 kg · hm<sup>-2</sup>; 对照 (CK): 不施氮肥、不覆膜。除对照处理外各处理均覆盖全生物降解膜。试验采用水肥一体化技术, 氮肥为尿素 (N 46%), 磷肥为磷酸二铵 (N+P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> ≥ 64%), 钾肥为硫酸钾 (K<sub>2</sub>O 52%), 均为水溶性肥料, 随水滴施。玉米采用宽窄行种植, 宽行 70 cm, 窄行 40 cm, 株距为 20 cm, 区组间设 1 m 过道, 铺设支管道的过道 1.5 m, 每两行铺设一根滴灌带, 滴灌带铺设在窄行内, 各小区为独立的滴灌单元, 全生育期灌水总量为 400 mm (表 2)。

表 2 玉米不同生育期灌水和施肥

| 水肥情况     | 三叶期 | 拔节期 | 抽雄期 | 乳熟期 | 完熟期 |
|----------|-----|-----|-----|-----|-----|
| 灌水量 (mm) | 20  | 100 | 140 | 120 | 20  |
| 灌水次数     | 1   | 3   | 2   | 3   | 1   |
| 施肥次数     | 1   | 3   | 1   | 3   | 0   |
| 施肥量 (%)  | 10  | 45  | 20  | 25  | 0   |

试验 2: 2020 年 4 ~ 10 月在宁夏银川市平吉堡农场五队旁 (宁夏农垦农林牧业技术推广服务中心种植园区, 106°1'48" E, 38°25'77" N) 进行, 供试玉米品种为当地主栽品种“天赐 19”(TC19) 和“宁吉 198”(NJ198), 2020 年 4 月 19 日播种, 小区面积为 42 m<sup>2</sup>, 采用随机区组设计, 3 个重复, 种植密度为 9 万株 · hm<sup>-2</sup>。设置 4 个施氮水平和 1 个对照处理, 分别为: N0 (0 kg · hm<sup>-2</sup>)、N1 (120 kg · hm<sup>-2</sup>)、N2 (240 kg · hm<sup>-2</sup>)、N3 (360 kg · hm<sup>-2</sup>) 和对照 (CK, 不施氮、不覆膜) 处理, 除对照处理外各处理均覆盖全生物降解膜。其他滴灌、施肥技术和玉米种植模式、田间管理措施与试验 1 相同。

本研究试验 2 数据用于模型构建, 试验 1 数据进行模型验证。

## 1.2 根系采集与测定

于玉米成熟期 (每年 9 月末) 采用挖土法采集根系, 以取样玉米植株为中心, 进行四周破坏式取样, 取样样方为 50 cm × 40 cm, 每 10 cm 为一层, 取样深度为 50 cm, 3 次重复。所得玉米根系分层进行冲洗, 将清洗好的根系采用 Epson Perfection V700 型根系扫描仪获取玉米根系图片, 运用 WinRHIZO (Regent Instruments Inc., Canada) 图像处理系统分析玉米根系的根长和根径等指标<sup>[13]</sup>。再将玉米根系经 105℃ 杀青 30 min 后, 在 85℃ 下烘干 24 h 至恒重, 冷却 15 min 后每层根系用分析天平 (精度为 0.0001 g) 称重, 即玉米根系生物量。

## 1.3 模型描述

利用扫描及称重所获取的玉米根系相关形态指标根径、根长及生物量数据集进行分组, 根据根系形态指标和生物量的散点图以及前人的相关研究成果<sup>[14-15]</sup>, 分别选用根径、根长及二者的组合变量构建根系生物量的估算模型。表达式如下:

$$W = ae^{bD} \quad (1)$$

$$W = aD^b \quad (2)$$

$$W = aH^b \quad (3)$$

$$W = a(D^2H)^b \quad (4)$$

式中:  $W$  为根系生物量 (g);  $D$  为根径 (mm);  $H$  为根长 (cm);  $a$  和  $b$  为模型参数。

## 1.4 模型检验

根系生物量估算模型的验证选用决定系数 ( $R^2$ )、平均绝对误差 (MAE)、估算值的标准误差 (SEE)、平均误差 (ME) 4 个统计学指标进行衡量, 计算公式如下:

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

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

$$SEE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{(n - m)}} \quad (7)$$

$$ME = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i) \quad (8)$$

式中:  $n$  为样本单元数,  $m$  为参数个数,  $y_i$  为根系生物量实测值,  $\hat{y}_i$  为根系生物量估计值,  $\bar{y}$  为根系生物量实测值的平均值。一般情况下,  $R^2$  越接近于 1, MAE、SEE 越小, ME 正负数值越接近于 0, 说明该模型的模拟效果越好。并用估计值与实测值的 1:1 直方图来直观显示模型的拟合度和可靠性, 斜率  $>1$  表示高估,  $<1$  表示低估。

### 1.5 消除异方差

利用对数转换法<sup>[15]</sup>将非线性模型表达式(1)~(4)转换为相应的线性模型表达式(9)~(12)。

$$\ln W = \ln a + bD \quad (9)$$

$$\ln W = \ln a + b \ln D \quad (10)$$

$$\ln W = \ln a + b \ln H \quad (11)$$

$$\ln W = \ln a + b \ln (D^2 H) \quad (12)$$

式中: 将线性模型参数还原为非线性模型参数:  $\ln a$  为截距,  $b$  为斜率, 获得非线性模型参数  $a$ 、 $b$ 。

### 1.6 数据处理

采用 Excel 2016 进行数据整理与统计, 采用 SPSS 24.0 进行数据分析, 利用 Origin 2018 进行模型拟合与作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同施氮量下玉米根系生物量、根径与根长的垂直分布特征

由图 1 可知, 同一土层内, 两品种 NJ198 和

TC19 在不同施氮量处理间根系生物量均有显著性差异, 其中 N2 处理的玉米根系生物量呈最大值, CK 处理玉米根系生物量呈最小值, 除 N2 处理外均随着施氮量的增加而增大。NJ198 在 N2 处理中根系总生物量为 76.41 g, 占垂直分布总量的 29.81%, 比 N0、N1、N3 和 CK 处理根系总生物量分别高 16.07%、11.16%、2.44% 和 19.67%。TC19 在 N2 处理下根系总生物量为 76.67 g, 占垂直分布总量的 32.29%, 比 N0、N1、N3 和 CK 处理玉米根系总生物量分别高 19.37%、14.41%、5.33% 和 22.34%。不同施氮量下, 2 个品种玉米根系的生物量垂直分布随着土层深度增加而减小, 主要集中在土层深度 0 ~ 30 cm。30 cm 土层以下较 30 cm 土层以上玉米根系生物量骤降, 降幅达到 90% 以上, 50 cm 土层根系总生物量最低, 仅有 0.96 g。

由图 2 可知, 品种 TC19 在不同施 N 处理间根系根径均有显著性差异。品种 NJ198 除 20 ~ 30 cm 土层外, 在同一土层内, 不同施氮处理间根系根径有显著性差异。其中 N2 处理的玉米根系根径呈最大值, CK 处理玉米根系根径呈最小值, 除 N2 处理外随着施氮量的增加而增大。不同施氮量下, 两品种玉米根系根径垂直分布随着土层深度增加而减小, 呈缓慢下降的趋势, 根径大于 1 mm 的部分主要集中在 0 ~ 30 cm 土层, 占垂直分布的 39%。由图 3 可知, 同一土层内, 两品种 NJ198 和 TC19 在不同施氮处理间根系根长有显著性差异。其中 N2 处理的玉米根系根长最大, CK 处理玉米根系根长

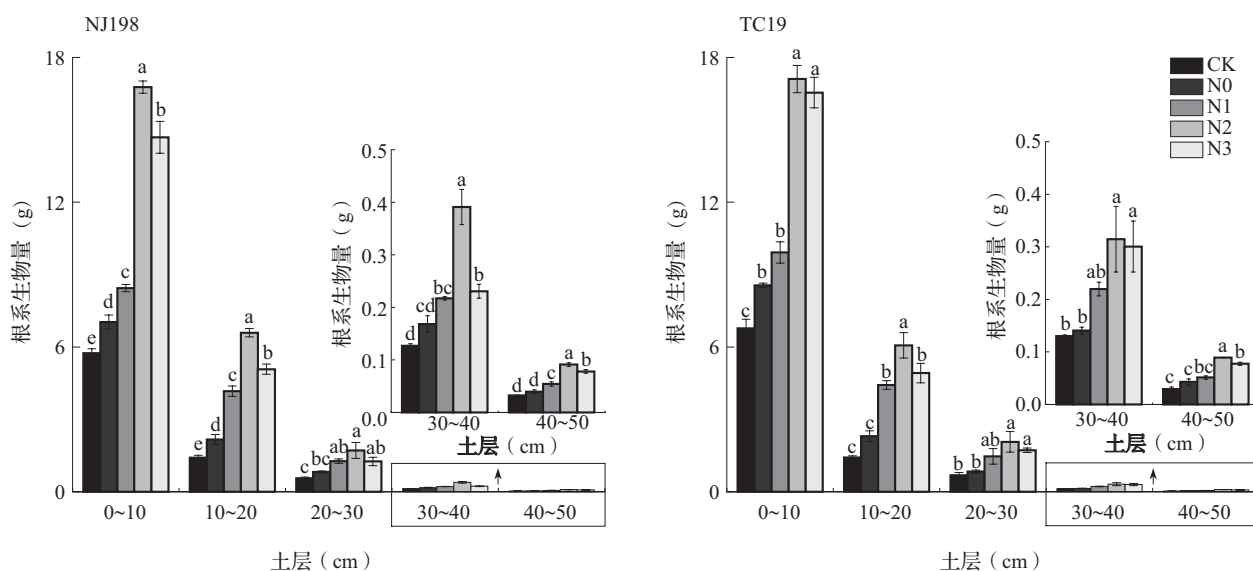


图 1 不同品种玉米根系生物量的垂直分布

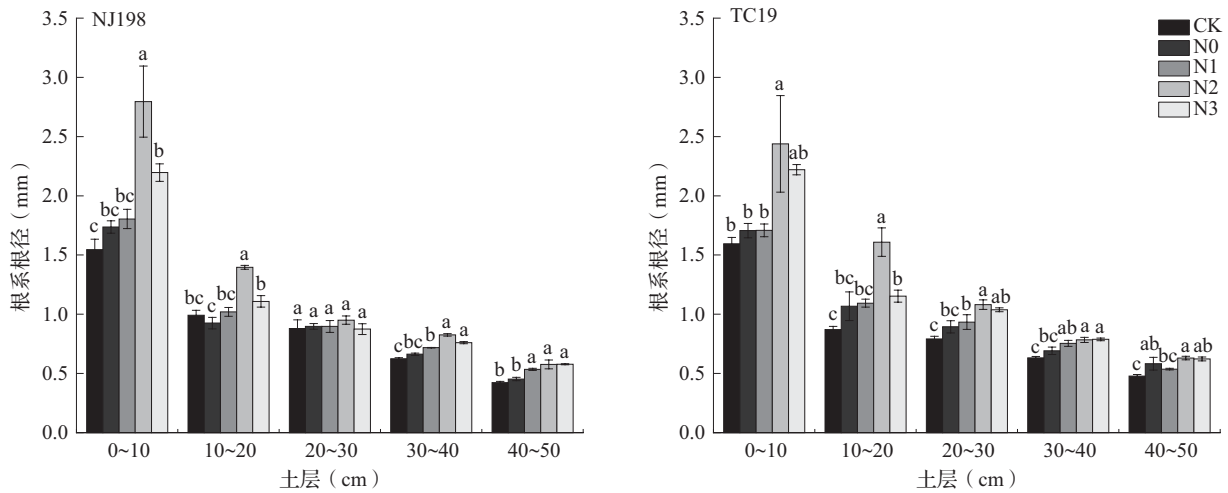


图2 不同品种玉米根系根径的垂直分布

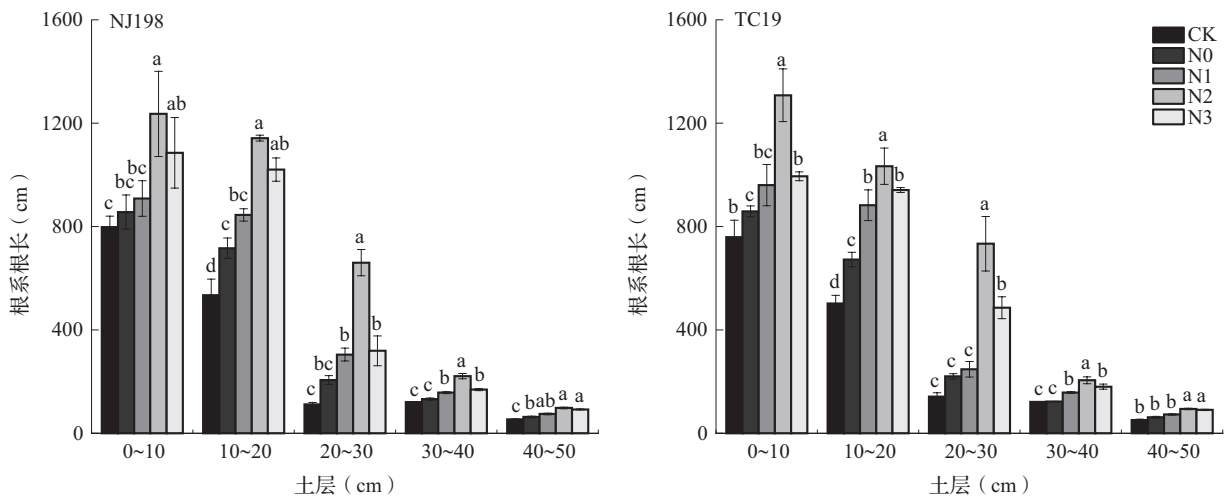


图3 不同品种玉米根系根长的垂直分布

最小,除N2处理外均随着施氮量的增加而增大。不同施氮量下,2个品种玉米根系根长垂直分布随着土层深度增加而减小,30 cm土层以下较30 cm土层以上玉米根系根长骤降,降幅达到57%。

## 2.2 玉米根系生物量估算模型构建与残差分析

将2个品种TC19和NJ198的根系形态指标D、H和生物量W分别进行非线性方程拟合,获得相应参数估计值a、b,结果见表3。NJ198和TC19以D为自变量建立的指数函数模型决定系数 $R^2$ 分别为0.70和0.61,以H为自变量建立的幂函数模型决定系数 $R^2$ 分别为0.65和0.60,以D为自变量建立的幂函数模型决定系数 $R^2$ 分别为0.87、0.80,以组合变量( $D^2H$ )为自变量建立的幂函数模型决定系数 $R^2$ 分别为0.94、0.86。相比而言,组合变量( $D^2H$ )建立的幂函数模型模拟效果最好。由表3拟

合优度评价指标进一步比较发现,NJ198和TC19以组合变量( $D^2H$ )构建的 $W=a(D^2H)^b$ 模型不仅 $R^2$ 最大,同时MAE、SEE最小,分别为0.07、0.12和0.08、0.15 kg,ME较小,分别为-0.033和0.010 kg。说明该模型拟合精确度最高,能很好地模拟宁夏引黄灌区覆盖全生物降解膜玉米TC19和NJ198根系的生物量。

对拟合方程进行残差分析,发现随着解析变量的增加,生物量残差也逐渐增大,并呈喇叭口形状分布(图4)。说明玉米根系生物量数据存在异方差性,用该回归模型参数估算根系生物量已失去意义,其模型参数的显著性检验也已失效<sup>[16]</sup>。虽然组合变量( $D^2H$ )所构建模型的 $R^2$ 比较大,而且拟合优度评价指标较低,但是由于异方差性的存在,模型仍然不能稳定地模拟根系生物量<sup>[17]</sup>。

表 3 不同品种玉米根系生物量回归模型及其拟合优度评价  
(基于生物量乘以 100 后计算)

| 品种    | 回归模型          | 参数估计值  |      | 拟合优度评价指标 |          |          |         |
|-------|---------------|--------|------|----------|----------|----------|---------|
|       |               | a      | b    | $R^2$    | MAE (kg) | SEE (kg) | ME (kg) |
| NJ198 | $W=ae^{bD}$   | 118.74 | 0.90 | 0.70     | 0.21     | 0.25     | -0.048  |
|       | $W=aD^b$      | 272.36 | 1.77 | 0.87     | 0.13     | 0.17     | -0.036  |
|       | $W=aH^b$      | 0.05   | 1.40 | 0.65     | 0.15     | 0.27     | -0.020  |
|       | $W=a(D^2H)^b$ | 3.71   | 0.68 | 0.94     | 0.07     | 0.12     | -0.033  |
| TC19  | $W=ae^{bD}$   | 129.81 | 0.92 | 0.61     | 0.21     | 0.26     | -0.423  |
|       | $W=aD^b$      | 297.05 | 1.80 | 0.80     | 0.14     | 0.18     | -0.097  |
|       | $W=aH^b$      | 0.10   | 1.30 | 0.60     | 0.15     | 0.27     | 0.068   |
|       | $W=a(D^2H)^b$ | 2.74   | 0.73 | 0.86     | 0.08     | 0.15     | 0.010   |

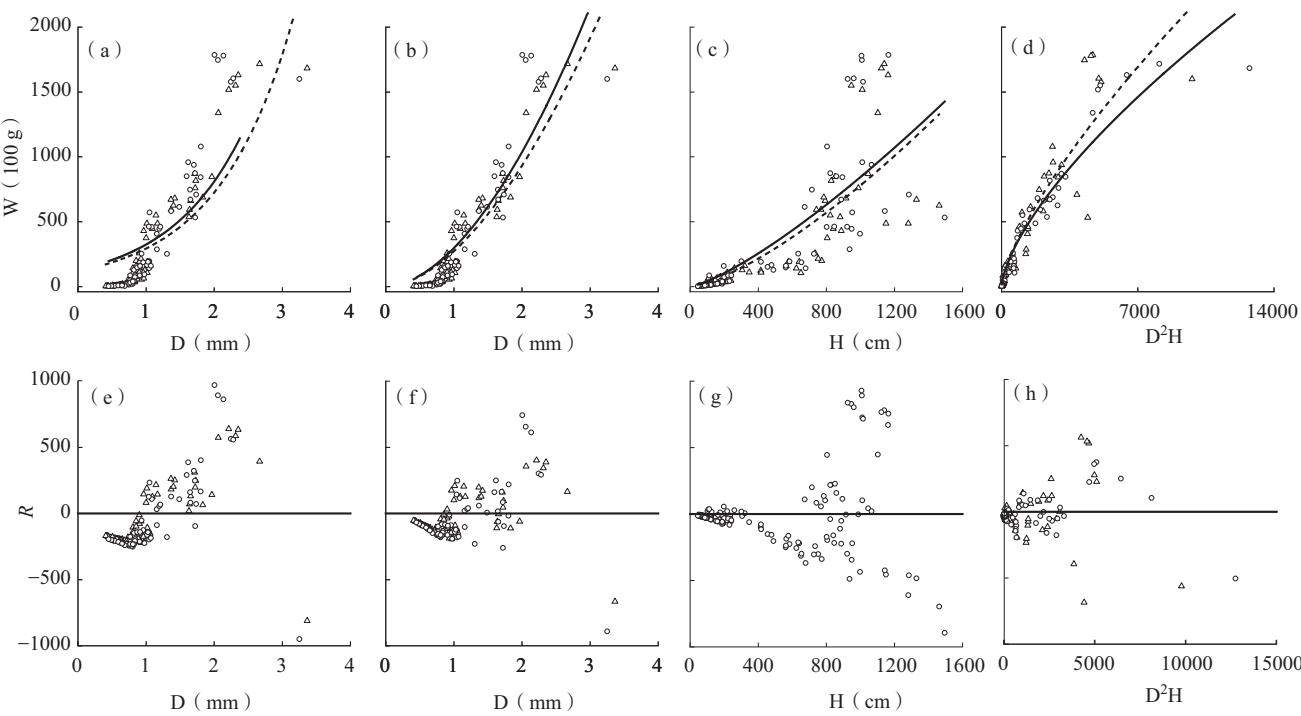


图 4 不同品种玉米根系生物量模型的构建及残差分析

注:  $\Delta$  -NJ198,  $\circ$  -TC19。(a) 和 (e)、(b) 和 (f)、(c) 和 (g)、(d) 和 (h) 分别用式 (1) ~ (4) 拟合。

2.3 玉米根系生物量估算模型的优选

采用对数转换法<sup>[15]</sup>可以解决根系生物量模型存在的异方差问题。将非线性模型转换为相应的线性模型,再将线性模型参数估计值转换为相应的非线性模型的参数估计值即可<sup>[18]</sup>。如图 5 所示,非线性模型经过对数转换法后,玉米根系生物量对数值的残差基本随机地分布在零水平线上下两侧,说

明玉米根系生物量模型中存在的异方差问题得到明显改善。

异方差消除后,对玉米根系生物量模型 $R^2$ 及其拟合优度评价指标再次进行比较。如表 4 所示,4 种模型的 $R^2$ 均呈不同程度的增加,其中 2 个品种 NJ198 和 TC19 以 H 为自变量所建立的幂函数模型决定系数 $R^2$ 增加最为明显, $R^2$ 分别为 0.92 和 0.93,比

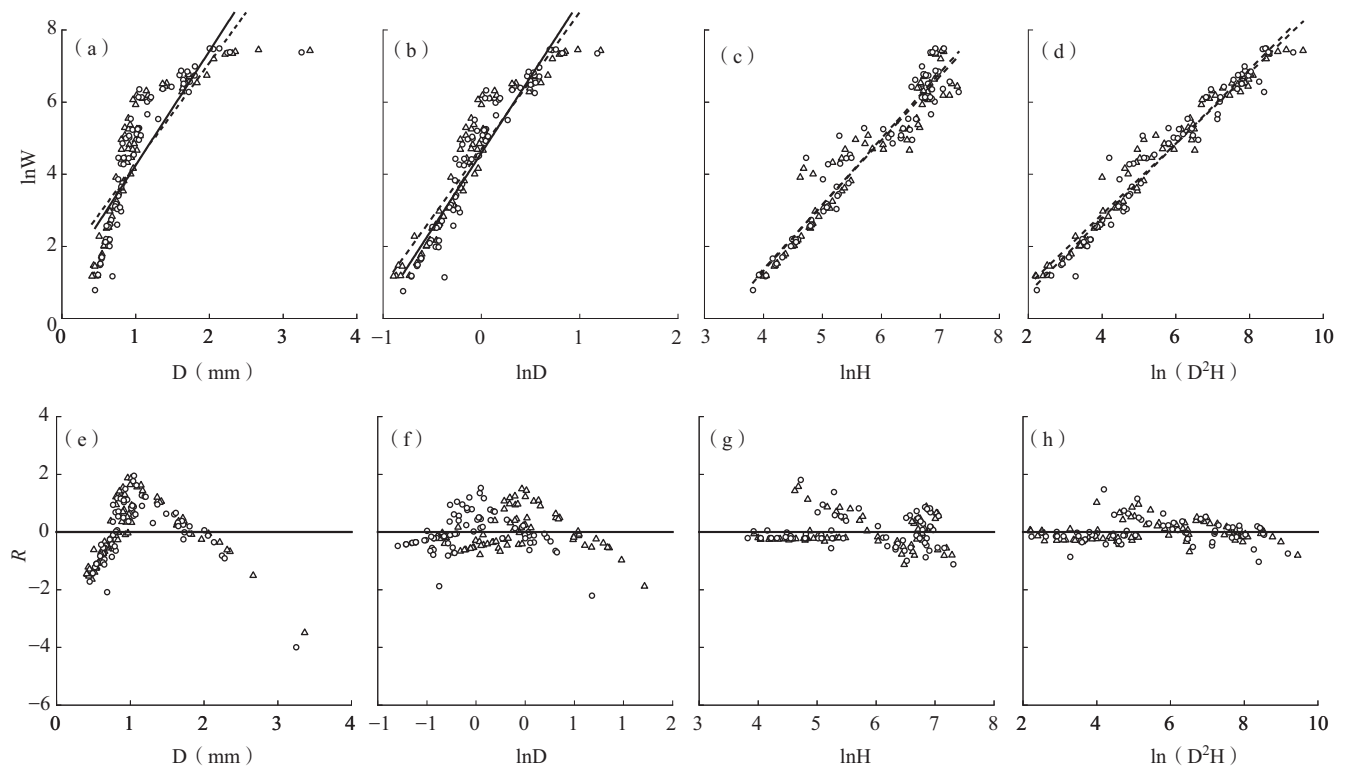


图5 消除异方差后不同品种玉米根系生物量模型的构建及残差分析

注: △ -NJ198, ○ -TC19。(a) 和 (e)、(b) 和 (f)、(c) 和 (g)、(d) 和 (h) 分别用式 (9) ~ (12) 拟合。

表4 消除异方差后不同品种玉米根系生物量回归模型及其拟合优度评价

(基于生物量乘以 100 后计算)

| 品种    | 回归模型          | 参数估计值  |      | 拟合优度评价指标 |          |          |         |
|-------|---------------|--------|------|----------|----------|----------|---------|
|       |               | a      | b    | $R^2$    | MAE (kg) | SEE (kg) | ME (kg) |
| NJ198 | $W=ae^{bD}$   | 4.38   | 2.80 | 0.70     | 0.65     | 4.45     | -0.095  |
|       | $W=aD^b$      | 109.72 | 3.80 | 0.88     | 0.21     | 0.97     | -0.074  |
|       | $W=aH^b$      | 0.003  | 1.79 | 0.92     | 0.17     | 0.33     | -0.024  |
|       | $W=a(D^2H)^b$ | 0.35   | 0.98 | 0.97     | 0.10     | 0.21     | -0.060  |
| TC19  | $W=ae^{bD}$   | 2.94   | 3.17 | 0.73     | 1.33     | 10.17    | -1.154  |
|       | $W=aD^b$      | 101.51 | 4.21 | 0.89     | 0.44     | 1.68     | -0.091  |
|       | $W=aH^b$      | 0.002  | 1.84 | 0.93     | 0.17     | 0.34     | 0.086   |
|       | $W=a(D^2H)^b$ | 0.26   | 1.03 | 0.96     | 0.10     | 0.26     | -0.025  |

以 D 为自变量建立的指数函数模型和幂函数模型  $R^2$  大, 分别为 0.70、0.73 和 0.88、0.89, 可见, 玉米根系生物量受形态指标 D 影响较小。NJ198 和 TC19 由根系组合变量 ( $D^2H$ ) 构建的  $[W=a(D^2H)^b]$  模型  $R^2$  最大, 分别为 0.97 和 0.96, 同时 MAE 和 SEE 最低, 分别为 0.10、0.10 和 0.21、0.26 kg, ME

较低, 分别为 -0.060 和 -0.025 kg。说明其精确度最高, 是模拟玉米根系生物量的最优模型。因此, 为消除不同品种之间的误差, 将 2020 年两品种数据进行拟合 (图 6), 所获得的根系生物量最优模型为:  $W=3.52(D^2H)^{0.69}$ ,  $R^2$  达 0.89, MAE、SEE 和 ME 分别为 0.09、0.21 和 -0.04 kg。

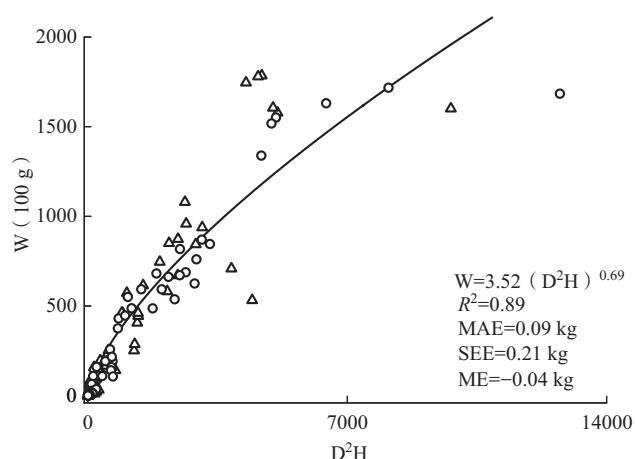


图6 玉米根系生物量最优模型

#### 2.4 玉米根系生物量模型验证

选取根系组合变量 ( $D^2H$ ) 构建的最优根系生物量模型  $W=3.52 (D^2H)^{0.69}$  进行验证。利用2019年的根系形态指标  $H$ 、 $D$  数据计算根系生物量估计值, 将估计值与实测值进行相关性分析, 结果显示, 估计值与实测值比较接近 (图7), 决定系数均达0.92, 达极显著水平 ( $P<0.01$ ),  $MAE$ 、 $SEE$  和  $ME$  分别为0.11、0.13和-0.09 kg。进一步证明此模型在本试验条件下模拟玉米根系生物量具有较高的精度。

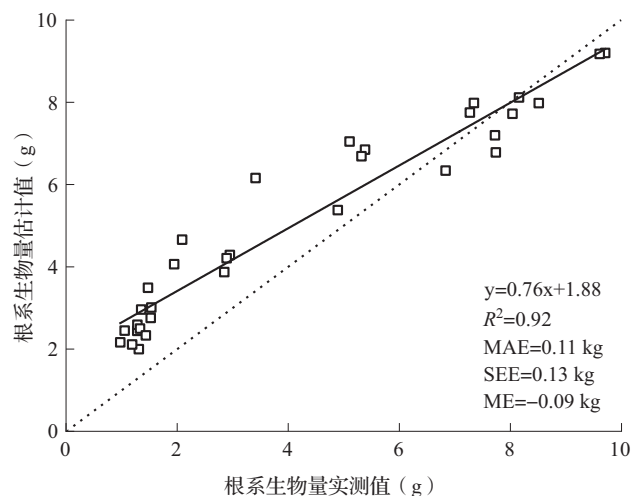


图7 玉米根系生物量的实测值和模型估计值

### 3 讨论

#### 3.1 覆膜滴灌玉米根系生物量分布特征

玉米根系生物量分布特征与根系分布和根系构型特性有关<sup>[19]</sup>。玉米根是由轴根和侧根构成, 主

体部分是轴根, 轴根决定了玉米根系生物量的数量多少<sup>[20]</sup>。前人研究表明, 在覆膜滴灌条件下, 随着施氮量的增加, 促进了玉米根系代谢和生物量积累<sup>[21]</sup>。适量氮肥可以促进根系的生长发育, 提高玉米主根和次生根等数量, 进而提高玉米根系生物量。本研究表明, 宁夏覆盖全生物降解膜的滴灌玉米根系生物量随着土层深度的加深而减少, 玉米根系生物量主要集中在0~30 cm土层内 (图1), 主要是由于0~30 cm土层区域内玉米主根分布量较多, 覆膜滴灌会导致滴头下方的玉米根系密度增大, 根系扎根较浅<sup>[22-23]</sup>, 粗根部分 (直径>1 mm) 集中在40 cm土层以上<sup>[24]</sup>。这与方怡向等<sup>[25]</sup>、吕国红等<sup>[26]</sup>和李扬等<sup>[27]</sup>研究结果基本一致。由此可见, 本研究采用的覆盖生物降解膜和滴灌水肥一体化技术对玉米根系在土壤中的分布特征也有显著影响, 玉米根系的集中会增加土壤上层根系生物量, 导致土壤下层根系生物量明显减少。然而, 玉米根系构型与特点决定了其根系生物量在土壤中的具体分布, 虽然不同地区光照、温度和水分等环境因素不同, 田块土壤的养分含量以及田间管理措施也不同, 但玉米根系生物量总体变化规律基本保持一致<sup>[28]</sup>, 这进一步说明本研究得出的玉米根系生物量分布在0~30 cm土层是玉米根系结构本身决定的。

#### 3.2 覆膜滴灌玉米根系生物量模型构建与优选

构建作物根系生物量模型的关键点在于回归模型中自变量的选取<sup>[29]</sup>, 所选择的自变量直接影响模型的精确度与推广应用前景<sup>[29-30]</sup>。国内外众多研究通常采用根径、根长和根体积等相关因子构建作物根系生物量模型<sup>[14-15, 22, 31]</sup>, 即选用根径、根长和根体积作为作物生物量模型的自变量, 得到相对作物生长模型方程表达式为  $W=aX^b$ , 简称CAR模型<sup>[32]</sup>, 其模型精度较高<sup>[31-32]</sup>。但一些研究发现, 利用该通用模型模拟作物根系生物量过程中单一变量的模拟效果, 远不如多变量和组合变量的模拟效果, 需采用多项式模型或形式更为复杂的回归模型表达式, 以提高模型精度<sup>[33]</sup>, 如肖义发等<sup>[34]</sup>以根径和株高为组合变量拟合的幂函数根系生物量模型效果较好, 吕国红等<sup>[26]</sup>以根径和根长为组合变量模拟根系生物量模型精度较高。本研究结果与肖义发等<sup>[34]</sup>研究结果相类似。由此可见, 组合变

量显著提高了作物根系生物量模型的精度,然而,在提高模型精度的同时,仍需结合其他拟合优度评价指标才能判断模型模拟的精度是否准确,故本研究采用 MAE、SEE 以及 ME 等对宁夏覆膜滴灌玉米根系生物量模型的精度进行了评价。

本研究利用非线性拟合方程获取相应的模型参数  $a$  和  $b$ , 采用决定系数  $R^2$  和拟合优度评价指标对模型精度进行评价 (表 3), 由 2 个品种 NJ198 和 TC19 拟合结果发现, 以  $D$  为自变量的指数函数模型  $R^2$  分别为 0.70 及 0.61, MAE、SEE 和 ME 分别为 0.21、0.21 和 0.25 以及 0.26、-0.048 和 -0.423 kg, 以  $H$  为自变量的幂函数模型  $R^2$  分别为 0.65 和 0.60, MAE、SEE 和 ME 分别为 0.15、0.15 和 -0.020 以及 0.27、0.27 和 0.068 kg。由于  $R^2$  偏低, 拟合评价指标数值偏大, 说明其未能较好估测玉米根系生物量, 模型模拟精度低。以组合变量 ( $D^2H$ ) 所构建的  $W=a(D^2H)^b$  模型,  $R^2$  达 0.90, MAE 和 SEE 最小, 可筛选为根系生物量模拟最优模型。但通过残差进一步分析发现其存在异方差性, 生物量残差随着解析变量的增加而逐渐增大, 呈喇叭口形 (图 4), 说明该模型精度不足, 不能很好地估算根系生物量, 故需要采用消除异方差进行加权或对数转换<sup>[15]</sup>。本研究采用对数转换法<sup>[15]</sup>消除异方差后, 所建回归模型异方差问题得到明显改善, 生物量残差值可以均匀地散布在零水平线两侧 (图 5)。所构建的 2 个品种模型表达式为  $\ln W = \ln a + b \ln (D^2H)$ , 其  $R^2$  分别达 0.97 和 0.96, MAE 和 SEE 拟合优度评价指标最低, 分别为 0.10、0.21 和 0.10、0.26 kg, 说明模型表达式 (12) 可以较好地模拟根系生物量。将 2020 年 2 个品种数据进行拟合 (图 6), 所获得的根系生物量最优模型为:  $W=3.52(D^2H)^{0.69}$ ,  $R^2$  达 0.89, MAE、SEE 和 ME 分别为 0.11、0.13 和 -0.09 kg。后经模型验证表明, 玉米根系生物量估计值与实测值相关系数达 0.92 (图 7), 说明以组合变量 ( $D^2H$ ) 为自变量的幂函数模型消除异方差后可作为覆膜滴灌玉米根系生物量的最优模型, 模拟精度最高。

本研究所建玉米根系生物量模型所需根径、根长参数的获取仍靠破坏性取样获得, 且只在成熟期取一次, 建议今后可在玉米不同生育时期进行采样, 以探索根系生物量与根径、根长的动态变

化规律及关联, 建立可对玉米不同生育时期根系生物量动态模拟模型, 并逐步和地上部其他形态特征相结合, 找到合适的地面观测指标, 最终实现不用破坏性取样即可估测根系生物量。由于不同地区温度、土壤类型和降雨量等多种自然环境因素不同, 尤其是宁夏位于半干旱及干旱地区, 水资源紧缺, 对玉米根系生长发育和生物量积累均会产生影响。因此, 本研究所构建根系生物量模型在进行外推时, 其估测精度需进一步验证与优化。

#### 4 结论

宁夏引黄灌区覆盖生物降解地膜的滴灌水肥一体化玉米根系生物量随着土层的加深而减少, 主要集中在土层 0 ~ 30 cm 区域内。

利用非线性拟合构建 NJ198 和 TC19 玉米根系生物量模型, 以  $D$  和  $H$  为自变量建立的回归模型精度较低。以组合变量 ( $D^2H$ ) 建立的  $W=a(D^2H)^b$  模型模拟效果最优, 但是由于存在异方差问题, 模型不能准确估算出玉米根系生物量。

采用对数转换法消除异方差后,  $W=a(D^2H)^b$  模型可较好的模拟玉米根系生物量。进一步验证发现, 玉米根系生物量估计值与实测值相关系数为 0.92, 达极显著水平 ( $P<0.01$ ), 可以用于玉米根系生物量模拟。

#### 参考文献:

- [1] 刘永霞, 岳延滨, 刘岩, 等. 不同品种和氮肥条件下水稻根系主要几何参数动态量化 [J]. 中国农业科学, 2010, 43 (9): 1782-1790.
- [2] 丁红, 张智猛, 戴良香, 等. 不同水分条件下氮肥对花生根系生长及产量的影响 [J]. 花生学报, 2016, 45 (1): 8-14.
- [3] Kohyama T S, Potts M D, Kohyama T I, et al. Trade-off between standing biomass and productivity in species-rich tropical forest: evidence [J]. Explanations and Implications, 2020, 108 (6): 2571-2583.
- [4] 李尚中, 樊廷录, 赵晖, 等. 不同地膜覆盖栽培模式对玉米产量、水分利用效率和品质的影响 [J]. 草业学报, 2020, 29 (10): 182-191.
- [5] 程乙, 王洪章, 刘鹏, 等. 品种和氮素供应对玉米根系特征及氮素吸收利用的影响 [J]. 中国农业科学, 2017, 50 (12): 2259-2269.
- [6] Litton C M, Ryan M G, Tinker D B, et al. Belowground and

- aboveground biomass in young postfire lodgepole pine forests of contrasting tree density [J]. Canadian Journal of Forest Research, 2003, 33 (2): 351–363.
- [7] Bolte A, Rahmann T, Kuhr M, et al. Relationships between tree dimension and coarse root biomass in mixed stands of European beech (*Fagus sylvatica* L.) and Norway spruce (*Picea abies* L. Karst.) [J]. Plant and Soil, 2004, 264 (1–2): 1–11.
- [8] Johansson T. Biomass production and allometric above-and below-ground relations for young birch stands planted at four spacings on abandoned farmland [J]. Forestry, 2007, 80 (1): 41–52.
- [9] Guo Y, Ma Y T, Zhan Z G, et al. Parameter optimization and field validation of the functional-structural model GREENLAB for maize [J]. Annals of Botany, 2006, 97 (2): 217–230.
- [10] 张吴平, 郭焱, 李保国. 小麦苗期根系三维生长动态模型的建立与应用 [J]. 中国农业科学, 2006, 39 (11): 2261–2269.
- [11] 宋晓辉, 王悦骅, 王占文, 等. 不同放牧强度和水分处理下荒漠草原土壤呼吸与群落地下生物量的关系 [J]. 草地学报, 2019, 27 (4): 962–968.
- [12] 王群, 赵向阳, 刘东尧, 等. 淹水弱光复合胁迫对夏玉米根形态结构、生理特性和产量的影响 [J]. 中国农业科学, 2020, 53 (17): 3479–3495.
- [13] 贾彪, 李振洲, 王锐, 等. 不同施氮量下覆膜滴灌玉米相对根长密度模型研究 [J]. 农业机械学报, 2020, 51 (9): 266–273.
- [14] 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, 33 (2): 1–6.
- [15] 杨宪龙, 魏孝荣, 邵明安. 黄土高原北部典型灌丛枝条生物量估算模型 [J]. 应用生态学报, 2016, 27 (10): 3164–3172.
- [16] 张忠学, 陈鹏, 陈帅宏, 等. 黑土区节水灌溉对各期肥料氮素在土壤中残留的影响 [J]. 农业机械学报, 2018, 49 (11): 240–250.
- [17] 彭妮, 董利虎, 李凤日. 基于可加性生物量模型的大兴安岭东部主要林型森林植被碳储量及其分配 [J]. 应用生态学报, 2016, 27 (12): 3749–3758.
- [18] 董利虎, 李凤日. 三种林分生物量估算方法的比较 [J]. 应用生态学报, 2016, 27 (12): 3862–3870.
- [19] 朱亚琼, 郑伟, 王祥, 等. 混播方式对豆禾混播草地植物根系构型特征的影响 [J]. 草业学报, 2018, 27 (1): 73–85.
- [20] 李富春, 王琦, 张登奎, 等. 沟覆盖材料对垄沟集雨种植土壤水分和玉米根系分布的影响 [J]. 干旱地区农业研究, 2017, 35 (1): 33–40, 70.
- [21] 翟凤强, 蔡志全, 鲁建美. 施氮量对不同藜麦品种幼苗生长的影响 [J]. 应用生态学报, 2020, 31 (4): 1139–1145.
- [22] Lu G h, Song J, Bai W B, et al. Effects of different irrigation methods on micro-environments and root distribution in winter wheat fields [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2015, 14 (8): 1658–1672.
- [23] 刘世和, 曹红霞, 杨慧, 等. 灌水量和滴灌系统运行方式对番茄根系分布的影响 [J]. 灌溉排水学报, 2016, 35 (2): 77.
- [24] 马金平, 王卫锋, 朱宝才, 等. 灌水定额对覆膜滴灌玉米根系分布和籽粒产量的影响 [J]. 中国水土保持科学, 2018, 16 (6): 64–70.
- [25] 方怡向, 赵成义, 串志强, 等. 膜下滴灌条件下水分对棉花根系分布特征的影响 [J]. 水土保持学报, 2007, 21 (5): 96–100, 200.
- [26] 吕国红, 谢艳兵, 温日红, 等. 东北玉米根系生物量模型的构建 [J]. 中国生态农业学报 (中英文), 2019, 27 (4): 572–580.
- [27] 李扬, 孙洪仁, 沈月, 等. 紫花苜蓿根系生物量垂直分布规律 [J]. 草地学报, 2012, 20 (5): 793–799.
- [28] 杨峰, 娄莹, 刘沁林, 等. 玉米行距配置对套作大豆生物量、根系伤流及养分的影响 [J]. 中国农业科学, 2016, 49 (20): 4056–4064.
- [29] 李香云, 岳平, 程欢, 等. 乌拉特荒漠草原红砂生物量预测模型 [J]. 干旱区研究, 2020, 37 (2): 462–469.
- [30] 王文栋, 白志强, 阿里木·买买提, 等. 天山林区 6 种优势种灌木林生物量比较及估测模型 [J]. 生态学报, 2016, 36 (9): 1–10.
- [31] Mandal G, Joshi S P. Estimation of above-ground biomass and carbon stock of an invasive woody shrub in the subtropical deciduous forests of Doon Valley, Western Himalaya, India [J]. Journal of Forestry Research, 2015, 26 (2): 291–305.
- [32] 周华, 孟盛旺, 刘琪璟. 九连山 39 种灌木与幼树地上生物量模型研究 [J]. 南京林业大学学报 (自然科学版), 2017, 41 (2): 1–12.
- [33] 种培芳, 刘晟彤, 姬江丽, 等. 模拟 CO<sub>2</sub> 浓度升高和降雨量变化对红砂生物量分配及碳氮特征的影响 [J]. 生态学报, 2018, 38 (6): 2065–2073.
- [34] 肖义发, 欧光龙, 王俊峰, 等. 思茅松单木根系生物量的估算模型 [J]. 东北林业大学学报, 2014, 42 (1): 57–60.

**Establishment and optimization of maize root biomass model under mulching and drip irrigation in Ningxia**

LAN Yu, WEI Xue, JIA Biao\*, ZHAI Yong-quan, WANG Yi-jun, YUN Bin-yuan (School of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan Ningxia 750021)

**Abstract:** In order to accurately estimate the root biomass and improve the nitrogen accumulation of maize under drip irrigation with full biodegradable film in the Yellow Diversion Irrigation Zone of Ningxia. Using Ningji198 (NJ198) and Tianci19 (TC19) as experimental materials, root scanner was used to obtain high definition images of maize root system. The vertical distribution of maize root index and biomass under different nitrogen application were analyzed by root image processing system. Root diameter (D) and root length (H) were used to construct root biomass (W) model. The coefficient of determination ( $R^2$ ), average absolute error (MAE), standard error (SEE) and average error (ME) of the evaluation index of simulation equation and goodness of fit were evaluated synthetically. The results showed that the root biomass of maize was concentrated in 0 ~ 30 cm soil layer, the parameter estimation by nonlinear regression model and the combination variable ( $D^2H$ ) as independent variable significantly improved the accuracy of maize root biomass model, the determination coefficient was 0.94 and 0.86, respectively, and the residual analysis showed that the model had heteroscedasticity. After eliminating heteroscedasticity using logarithmic transformation, the power function model which was constructed by the combined variable ( $D^2H$ ) was the optimal model, the  $R^2$  of NJ198 and TC19 was the greatest, which was 0.97 and 0.96, respectively. In order to eliminate the error between different varieties, the data of two varieties in 2020 were fitted, and the optimal root biomass model obtained was:  $W=3.52 (D^2H)^{0.69}$ ,  $R^2$  was 0.89. The results of model verification showed that the correlation coefficient between root biomass estimation and measured value was 0.92, with MAE, SEE and ME of 0.11, 0.13 and -0.09 kg, respectively. It indicated that the model can better simulate the root morphology indicators and biomass distribution dynamics of maize under drip irrigation with full biodegradable film in Ningxia, which can be used as a reference for estimating crop root biomass.

**Key words:** maize; root biomass; root diameter; root length; estimation model