

时 鸣, 竞 霞, 史晓亮. 基于高光谱和 GA-BP 神经网络模型的冬小麦叶绿素含量反演[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(20): 56-62.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.20.008

基于高光谱和 GA-BP 神经网络模型 的冬小麦叶绿素含量反演

时 鸣, 竞 霞, 史晓亮

(西安科技大学测绘科学与技术学院, 陕西西安 710054)

摘要:叶绿素是绿色植被进行光合作用的主要色素,是影响作物产量的重要因素之一,也是评价作物健康状况的重要生化指标。快速、准确、无损地监测作物叶片叶绿素含量,是实现作物长势和健康程度精准监测的关键。为提高作物叶绿素含量反演的精度,以冬小麦试验小区为基础,测量关中地区冬小麦叶片反射率及其对应的叶绿素含量。运用分数阶微分法计算 0~2 阶步长为 0.1 的分数阶光谱,通过灰色关联分析法提取出与叶绿素含量关联度大的特征,作为模型的输入参数。最终提取出 0.6 阶 751、760 nm,0.7 阶 744、751 nm,0.8 阶 738、747 nm,0.9 阶 738、750 nm,1.0 阶 731、750 nm 共 10 个与叶绿素含量关联度高的波段作为模型的特征波段。为解决 BP 神经网络(back propagation network)收敛速度慢、易陷入局部极小值的问题,使用遗传算法(genetic algorithm, GA)优化 BP 神经网络的权值和阈值,利用优化后的模型进行叶绿素含量的预测。结果表明,运用遗传算法优化 BP 神经网络模型反演精度较高, r^2 为 0.952,均方根误差(RMSE)为 3.647。GA-BP 神经网络模型无论是模型精度还是可靠性均优于 BP 神经网络模型,可为快速定量预测冬小麦叶片叶绿素含量提供技术支持。

关键词:冬小麦;叶绿素含量;遗传算法;BP 神经网络;高光谱特征参数

中图分类号:S512.1+10.1;TP183 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)20-0056-06

植物进行光合作用的主要场所是叶绿体^[1],其中包含了叶绿素这种主要的光合色素,而叶绿素含量是评价植物健康状况的重要生化指标。因此,快速准确地监测作物叶绿素含量,是实现作物长势和健康程度精准监测的关键。传统的监测叶绿素含量的方法一般都具有破坏性,难以进行大面积应用^[2]。而遥感技术为植物叶绿素含量的监测提供了不同尺度上的新方法^[3]。Sims 等通过构建绿光波段以及红边波段叶绿素指数进行叶绿素含量监测^[4]。姜海玲等通过对冬小麦冠层反射率与对应叶绿素含量的相关性进行分析,筛选出相关性高的波段构建 5 种光谱指数^[5]。崔小涛等通过分析油菜叶片的 SPAD 值与光谱参数的相关性,挑选出对 SPAD 值敏感的参数,构建并比较 3 种模型的反演精度^[6]。但以往的反演算法在特征选择时常采用

相关性作为判别依据,忽略了特征波段与叶绿素含量之间的非线性关系。另外,基于原始反射率数据及其波段运算得到的指数数据易受背景和噪声的影响。微分处理能够增强光谱的细微变化,消除部分背景和噪声。整数微分易造成信号缺失,影响探测精度。而分数阶微分处理能够突出光谱的渐变信息,被众多学者所应用。张文文等对铜含量进行分析时发现,分数阶微分能扩大特征空间^[7]。亚森江·喀哈尔采用分数阶微分优化光谱指数并建立模型^[8]。蒋明分析不同采样间隔下分数阶微分对土壤重金属含量反演的影响^[9]。赵慧等为实现土壤盐分含量的高精度反演,引入分数阶微分对土壤反射率进行处理^[10]。分数阶微分在一定程度上可以增强弱光谱的吸收特性,保留更多的有用信息。灰色关联分析(grey relational analysis, GRA)是通过分析特征变量与其他变量序列间几何形状的相似程度作为判别依据,曲线越相似,两序列间的关联性就越大。即考虑到参数间的线性关系,又对非线性关系有所体现。在建模时 BP 神经网络(back propagation network)是常见的建模方法,在数据拟合和函数逼近方面优势显著。孙焱鑫等利用 BP 神经网络进行植被叶绿素含量的反演研究^[11-12]。朱继

收稿日期:2021-11-09

基金项目:国家自然科学基金面上项目(编号:42171394、52079103);

国家自然科学基金青年科学基金(编号:41601467)。

作者简介:时 鸣(1994—),男,陕西咸阳人,硕士,主要从事农业定量遥感研究。E-mail:787189231@qq.com。

通信作者:竞 霞,博士,副教授,主要从事农业定量遥感研究。E-mail:jingxiaxust@163.com。

文等运用 Hyperion 数据和 BP 神经网络模型对研究区土壤盐分含量进行反演^[13]。但 BP 神经网络算法也存在如收敛速度等方面的诸多缺点。因此,本研究利用步长为 0.1 的分数阶方法对反射率数据进行 0~2 阶的光谱处理,再利用灰色关联分析法对叶绿素含量敏感的分数阶光谱特征波段进行提取,并作为模型的输入特征,最后使用遗传算法 (genetic algorithm),优化 BP 神经网络模型进行叶绿素含量反演,并与未优化模型进行精度比较,评价联合 GA 的 BP 神经网络算法在小麦叶绿素含量反演中的有效性。

1 材料与方法

1.1 试验设计

研究区位于陕西省岐山县刘家河村 (34.45°N, 107.59°E),分别在 2021 年 5 月 11 日、18 日和 25 日进行试验测定。试验样地选取 22 块长势均衡、品种单一的区域,共标记 108 个位置,采集健康、完整、无损的叶片,将其装入密封袋中,放入遮光的便携式冰箱中,运回室内测定。

1.2 样品测定

1.2.1 叶片反射率光谱测定 光谱数据测量仪器为美国 ASD 公司 (Analytica Spectral Devices, Inc.) 生产的 Field Spec 便携式地物光谱仪,仪器的光谱范围为 350~2 500 nm。测试时将叶片擦拭干净,放置在自带卤钨灯光源的叶片夹上。在每张叶片的上、中、下(避开叶脉部分)区域各测定 10 条光谱,共 30 组光谱数据,取其每组平均值作为该叶片的光谱反射率。

1.2.2 叶片叶绿素含量测定 采用分光光度法测定叶绿素含量。首先,将样本叶片洗净、擦干、去除叶柄及叶脉;其次,将其剪碎、研磨、混匀,从中称取 0.4 g 样品放入装有 99% 丙酮 1:2 混合液的 50 mL 试瓶中,在密封后摇晃数次,避光静置 12 h;最后,通过分光光度计分别测定萃取液中 645、663 nm 处的吸光度,根据公式(1)计算叶绿素含量值 C 。

$$C = 20.29 \times D_{645 \text{ nm}} + 8.05 \times D_{663 \text{ nm}} \quad (1)$$

式中: $D_{645 \text{ nm}}$ 、 $D_{663 \text{ nm}}$ 分别表示 645、663 nm 波长处的吸光度。

1.3 数据处理与方法

1.3.1 分数阶微分光谱 分数阶微分扩展了整数阶微分的概念,能够细化高光谱数据的局部信息,可

有效去除部分背景和噪声,获取渐变的光谱信息。分数阶微分主要是基于一元函数差分实现的^[14]。

$$d^{\alpha} f(x) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{1}{h^{\alpha}} \sum_{m=0}^{\frac{t-a}{h}} (-1)^m \frac{\Gamma(\alpha+1)}{m! \Gamma(\alpha-m+1)} f(x-mh) \quad (2)$$

式中: x 表示高光谱波段; α 表示阶数; h 表示步长; t 、 a 分别表示微分上限和下限; Γ 表示 Gamma 函数。本研究将步长 h 设置为 1, t 与 a 分别为高光谱起始波长,因此,式(2)可被推导为:

$$\frac{d^{\alpha} f(x)}{dx^{\alpha}} \approx f(x) + (-\alpha)f(x-1) + \frac{(-\alpha)(-\alpha+1)}{2} f(x-2) + \frac{\Gamma(-\alpha+1)}{n!(-\alpha+n+1)} f(x-n) \quad (3)$$

由公式(3)可知,当阶次为 1 时, $x+1$ 处的微分值仅与 x 处的微分值相关,而阶次为分数时, $x+1$ 处的微分值则考虑到前面所有 x 的影响,因此,分数阶微分处理可保留原始光谱的细节特征^[15]。本研究利用分数阶微分对原始光谱进行 0~2 阶步长为 0.1 的处理。

1.3.2 灰色关联分析 灰色关联分析是通过关联度来确定各个因素之间的影响程度。本研究以分数阶微分处理后的光谱波段为特征序列,以对应的叶绿素含量值作为母序列进行灰色关联分析。关联系数计算见公式(4)。

$$\xi_i(k) = \frac{\min_i \min_k |x_0(k) - x_i(k)| + \rho \max_i \max_k |x_0(k) - x_i(k)|}{|x_0(k) - x_i(k)| + \rho \max_i \max_k |x_0(k) - x_i(k)|} \quad (4)$$

式中: $i=1,2,3,\dots,n$ (样本数); $k=1,2,3,\dots,m$ (特征数); $|x_0(k) - x_i(k)|$ 表示第 i 个样品第 k 个特征的归一化值与最优值的绝对差值; ρ 表示分辨系数,取值为 $[0,1]$,使用灰色关联分析时,分辨系数一般设置为 0.5。

关联度计算为

$$\gamma_i = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \xi_{0,i}(k) \quad (5)$$

由公式(5)可知,分辨系数对关联度的结果有影响。分辨系数的取值范围没有一定的参考标准。因此,在已有研究成果的基础上^[16],通过计算样本数据最大和最小标准差,分别用公式(6)和公式(7)确定分辨系数

$$p = \sigma_{\min} / (\sigma_{\min} + \sigma_{\max}); \quad (6)$$

$$q = \sigma_{\max} / (\sigma_{\min} + \sigma_{\max}) \quad (7)$$

式中: σ_{\min} 表示最小标准差; σ_{\max} 表示最大标准差。

则关联系数计算公式为

$$\xi_i(k) = \frac{p \times \min_i \min_k |x_0(k) - x_i(k)| + q \times \max_i \max_k |x_0(k) - x_i(k)|}{|x_0(k) - x_i(k)| + q \times \max_i \max_k |x_0(k) - x_i(k)|} \quad (8)$$

1.3.3 反演建模方法 神经网络包含信号正向传

播和误差反向传递 2 种主要的学习过程^[17],其网络结构分为输入层、隐含层和输出层^[18]。但其存在收敛速度慢、易陷入局部极小值等缺点^[19]。因此,本研究采用遗传算法优化 BP 神经网络(图 1)。

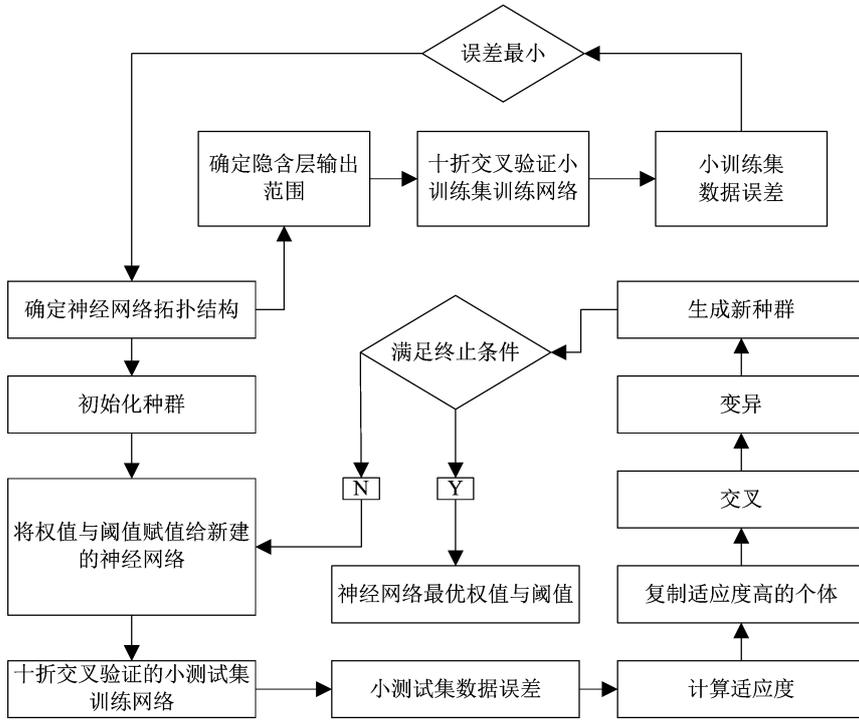


图1 遗传算法优化 BP 神经网络流程

第一,根据输入数据确定神经网络结构,由隐含层节点数的经验计算公式计算得到其取值范围,第二,在不同隐含层节点条件下训练数据,通过使 10 次十折交叉验证小训练集训练数据误差均值最小化得到最优隐含层节点数。第三,生成初始化种群,采用实数编码方式,数值本身即为编码,即不存在解码步骤。其各基因组合为神经网络的权值与阈值的组合。第四,将其赋值给神经网络进行训练。根据小测试集数据误差计算适应度,经选择、交叉和变异操作不断调整权值与阈值,直至达到终止条件。第五,利用优化后的权值和阈值及最佳隐含层节点数对网络重新训练,利用训练好的网络进行测试集仿真,并得到反演结果。

其中,在设置适应度函数时,以十折交叉验证小测试集误差平方和的均值作为目标函数,由于目标函数为极小值问题,因此在适应度函数构建时采用倒数形式。同时考虑到分母为 0 的情况,通过分母上目标函数加 1,最终构成本研究的适应度函数。

$$F = 1/1 + mean_error \quad (9)$$

式中: F 表示适应度值; $mean_error$ 表示小测试集十折交叉验证的误差平方和的均值,误差值越小,其适应度值越高,当误差为 0 时,适应度值达到最大值 1。

本研究利用轮盘赌法进行个体优选。

$$P_i = \frac{F_i}{\sum_{i=1}^n F_i} \quad (10)$$

式中: P_i 表示选择概率,其值越大,则被选择的概率越大; F_i 表示每个个体的适应度值。适应性更好的个体更易被选中,模拟优胜劣汰。选中的个体组成新的种群,再根据公式(11)随机交换不同个体的基因,接着根据公式(12)和公式(13)进行基因变异,产生新的个体。

$$\begin{cases} a_{kj} = a_{kj}(1 - b) + a_{ij}b \\ a_{ij} = a_{ij}(1 - b) + a_{kj}b \end{cases} \quad (11)$$

$$a_{ij} = \begin{cases} a_{ij} + (a_{ij} - a_{\max}) \times f(g) & r > 0.5 \\ a_{ij} + (a_{\min} - a_{ij}) \times f(g) & r \leq 0.5 \end{cases} \quad (12)$$

$$f(g) = r_1 \left(1 - \frac{g}{G_{\max}} \right)^2 \quad (13)$$

式中: b, r, r_1 皆为 0 ~ 1 之间的随机数; G 表示当前遗传代数; G_{\max} 表示最大迭代次数。重复上述操作 100 次,得到最优个体,即最优权值与阈值组合,将其作为初始参数来训练。

2 结果与分析

2.1 高光谱特征参数筛选

统计原始光谱数据和各分数阶微分光谱数据与叶绿素含量的显著相关与极显著相关的波段数量,结果如表 1 所示。

由表 1 可知,随着分数阶阶数的增加,反射率与叶绿素含量相关性达到显著与极显著水平的波段数量整体呈现先增加后减少的趋势,无论是 0.05 显著性水平还是 0.01 显著性水平,分数阶光谱在各个阶次整体多于原始光谱。统计达到 0.05 显著水平的波段数为 18 782 个,达到 0.01 极显著水平的波段数为 14 422 个。表明分数阶微分处理能突出光谱的细微变化,保留更多的有用信息。

对叶片光谱反射率数据进行 0 ~ 2 阶步长为 0.1 的分数阶微分处理,并将处理结果与叶绿素含量进行灰色关联分析,筛选出排序前 30 位的分数阶光谱数据(表 2)。

表 1 显著性检验波段数量

阶数	不同显著性水平下的波段数量	
	0.05	0.01
0	564	486
0.1	929	682
0.2	1 169	933
0.3	1 242	1 015
0.4	1 278	1 065
0.5	1 300	1 099
0.6	1 262	1 067
0.7	1 200	994
0.8	1 125	905
0.9	1 084	831
1.0	926	680
1.1	884	651
1.2	894	660
1.3	858	622
1.4	811	579
1.5	743	548
1.6	701	500
1.7	652	459
1.8	622	404
1.9	574	382
2.0	528	346

表 2 分数阶微分光谱灰色关联分析($N=108$)

序列	阶数	波长 (nm)	关联度	序列	阶数	波长 (nm)	关联度	序列	阶数	波长 (nm)	关联度
1	0.7	744	0.986	11	0.6	754	0.948	21	0.9	741	0.920
2	0.8	744	0.985	12	0.8	741	0.945	22	0.7	740	0.918
3	0.7	747	0.975	13	0.6	747	0.941	23	0.6	746	0.910
4	0.8	738	0.963	14	0.9	738	0.940	24	0.9	731	0.894
5	0.7	751	0.961	15	0.7	738	0.932	25	0.6	760	0.890
6	0.8	747	0.959	16	0.7	741	0.930	26	0.8	746	0.788
7	0.7	746	0.955	17	0.8	751	0.928	27	0.8	742	0.771
8	0.7	754	0.953	18	0.6	744	0.925	28	0.7	742	0.762
9	1.0	731	0.952	19	0.7	750	0.924	29	0.8	736	0.754
10	0.6	751	0.950	20	0.7	760	0.922	30	0.8	733	0.750

由表 2 可知,与叶绿素含量灰色关联度高的波段主要集中在 0.6 ~ 0.9 分数阶微分光谱波段的 731 ~ 754 nm 范围内,对其与叶绿素含量进行相关性分析,其相关性均达到极显著相关水平。

为简化模型,提高 GA - BP 神经网络的预测精度,减小选择出的特征波段间信息冗余。通过灰色关联分析后的排序,逐次计算波段间的相关性,剔除波段间相关性高的波段,最终筛选出与叶绿素含

量关联度较高且波段间相关性较低的 10 个波段,分别为 0.6 阶的 751、760 nm,0.7 阶的 744、751 nm,0.8 阶的 738、747 nm,0.9 阶的 738、750 nm,1.0 阶的 731、750 nm,其与叶绿素含量的相关性均达到极显著相关水平。

2.2 遗传算法优化的 BP 神经网络模型

为更客观地评价模型精度、可靠性及稳定性,减少由于样本选择不同而引起的模型精度差异,本

研究利用十折交叉验证的方式扩充数据集。将 108 个数据点分为训练集 (80 个) 和测试集 (28 个)。又将训练集数据按照 8 : 2 的比例分为小训练集 (64 个) 和小测试集 (16 个), 用于模型参数的校正和建模, 测试集数据用于模型的精度评定。

由“2.1”节可知, 网络输入层神经元数为 10 个, 输出层神经元数为 1 个, 隐含层的神经元数 q 个, 根据经验公式“ $q = \sqrt{n + m + l}$ ”获取。其中: m 为输入层的神经元数目; n 为输出层的神经元数目; l 为 1 ~ 10 之间的任意常数^[20]。通过设置不同的隐含层神经元数目, 根据小训练集数据 10 次十折交叉验证平均误差值来确定最佳隐含层神经元节点数 (图 2)。当隐含层神经元节点数为 5 个时, 训练集误差最小。

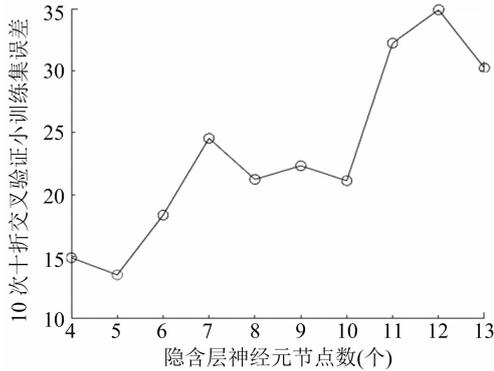


图2 隐含层最优神经元节点数

GA - BP 神经网络模型中另一个重要参数为种群规模的选择。本研究通过设置 10 ~ 60 间且步长为 10 的不同种群规模 (个), 以测试集数据的均方根误差 $RMSE$ 作为评判标准, 选择均方根误差 ($RMSE$) 值最小的种群规模作为模型的最优种群规模。不同种群规模下测试集数据均方根误差和运行时间见图 3。

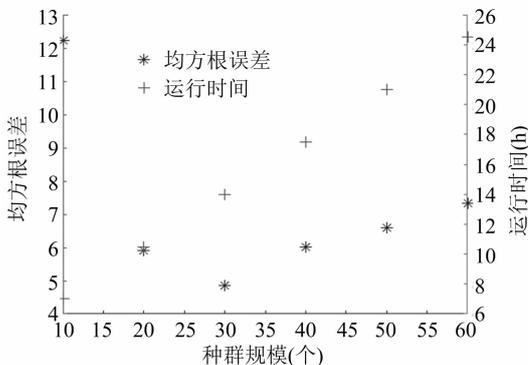


图3 不同种群规模下测试集均方根误差与运行时间

当种群规模设置为 30 个时, GA - BP 神经网络模型估算农作物叶片叶绿素含量与实测叶绿素含

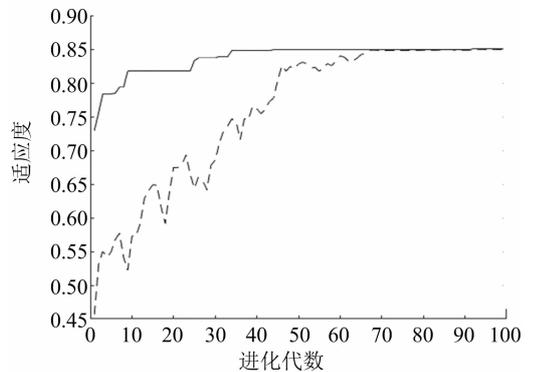
量之间的均方根误差最小, 且随着种群规模的增加, 模型运行时间也显著延长。

综上, 最终确定遗传算法和神经网络选择参数 (表 3)。

表 3 遗传算法和 BP 神经网络参数

模型	参数	取值
遗传算法	种群规模(个)	30
	最大遗传代数(代)	100
	交叉概率	0.7
	变异概率	0.01
BP 神经网络	隐含层节点数(个)	5
	训练函数	trainlm
	最大迭代次数(代)	1 000

由图 4 可知, 随着进化代数的逐渐增加, 小测试集数据每代的平均适应度和最佳适应度都呈现上升趋势, 即小测试集数据的误差值逐渐降低。在第 40 代时最佳适应度达到最佳, 往后波动幅度极小, 逐渐趋于稳定。



实线为遗传进化阶段每代的最佳适应度, 虚线为每代的平均适应度

图4 GA-BP 神经网络适应度变化

对验证集数据在 BP 神经网络模型和遗传算法优化的 BP 神经网络模型下对叶绿素含量的预测结果进行绘图分析 (图 5)。通过数据分析可知, BP 神经网络模型对叶绿素含量的预测结果普遍远低于实际值, 可能是由于 BP 神经网络模型易陷入局部极小值。对 BP 神经网络模型 (y_2) 和 GA - BP 神经网络模型 (y_1) 的验证集实测值与预测值的一元线性回归可知, BP 神经网络模型决定系数 r^2 为 0.952, 均方根误差 $RMSE$ 为 15.761, GA - BP 神经网络模型决定系数 r^2 为 0.952, 均方根误差 $RMSE$ 为 3.647, GA - BP 神经网络模型采用遗传算法优化网络的权值和阈值, 使叶绿素含量预测精度得到提

高。相比于BP神经网络模型反演精度更高,预测效果好。

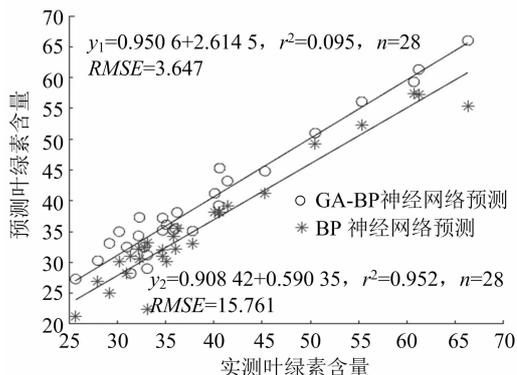


图5 测试集数据叶绿素含量预测值与实测值分布

遗传算法对BP神经网络的权值与阈值组合进行选择、交叉和变异操作,利用优化后的模型训练数据,使得模型的预测能力较好。

3 讨论

与原始光谱相比,分数阶微分光谱与叶绿素含量达到显著与极显著相关性的波段数量显著增加,说明基于分数阶微分处理原始光谱能够突出光谱的细微信息,描述光谱数据间的微小差异。

目前,刘润等在叶绿素含量预测领域应用了各种模型,其中对神经网络模型的优化与改进的模型反演精度优于原始模型^[21],这与本研究结果一致。叶绿素含量主要反映在可见光与近红外光谱波段,主要是由于不同叶绿素含量的植物叶片对光子的吸收与重吸收作用不同。但无论是基于原始光谱数据还是基于其数学变换的数据,皆受到数据采集条件等因素的限制,与基于物理的模型相比,得出的结论不适用于大面积宏观预测。但由于该类模型操作较简单便捷,因此得到了广泛应用。

由于不同作物叶绿素含量不同,同种作物叶绿素含量也受种植条件、生育期、水肥胁迫等影响,导致无法确立统一的模型。本研究所建立的模型仅限于本研究区域。

4 结论

本研究以冬小麦试验小区为基础,测量关中地区冬小麦叶片反射率及其对应的叶绿素含量。为增强光谱曲线的细微变化,消除背景及噪声对光谱的影响,突出光谱的渐变信息,通过分数阶微分这一数学变换方法,对冬小麦叶片光谱数据进行0~1阶步长为0.1的分数阶光谱变换,再通过灰色关联

度分析,提取10种关联度高且波段间相关性低的分数阶光谱特征作为模型的输入参数。为克服BP神经网络模型收敛速度慢和易陷入局部极小值等缺点,运用遗传算法(GA)对BP神经网络的权值和阈值进行优化。结果表明,遗传算法优化的BP神经网络模型对叶绿素含量的预测精度更高,可为小麦叶绿素含量预测提供一定的理论和技术支持。

参考文献:

- [1] 苗妍秀. 黄瓜幼苗对红光光质响应的生理机制[D]. 北京:中国农业大学,2015.
- [2] 颜春燕. 遥感提取植被生化组分信息方法与模型研究[D]. 北京:中国科学院研究生院(遥感应用研究所),2003.
- [3] 梁顺林,白瑞,陈晓娜,等. 2019年中国陆表定量遥感发展综述[J]. 遥感学报,2020,24(6):618-671.
- [4] Sims D A, Gamon J A. Relationships between leaf pigment content and spectral reflectance across a wide range of species, leaf structures and developmental stages [J]. Remote Sensing of Environment, 2002, 81(2/3):337-354.
- [5] 姜海玲,李耀,赵艺源,等. 扬花期冬小麦冠层叶绿素含量高光谱遥感反演[J]. 吉林师范大学学报(自然科学版),2020,41(3):133-140.
- [6] 崔小涛,常庆瑞,屈春燕,等. 基于高光谱和MLSR-GA-BP神经网络模型油菜叶片SPAD值遥感估算[J]. 东北农业大学学报,2020,51(8):74-84.
- [7] 张文文,杨可明,夏天,等. 光谱分数阶微分与玉米叶片重金属铜含量的相关性分析[J]. 科学技术与工程,2017,17(25):33-38.
- [8] 亚森江·喀哈尔. 基于优化光谱指数的土壤盐渍化水、盐含量高光谱估算研究——以渭干河-库车河三角绿洲为例[D]. 乌鲁木齐:新疆大学,2019:1-69.
- [9] 蒋明. 高光谱分数阶微分变换法估算土壤Cu含量[D]. 长沙:长沙理工大学,2019.
- [10] 赵慧,李新国,靳万贵,等. 基于分数阶微分的博斯腾湖湖滨绿洲土壤电导率高光谱估算[J]. 甘肃农业大学学报,2021,56(1):118-125.
- [11] 孙焱鑫,王纪华,李保国,等. 基于BP和GRNN神经网络的冬小麦冠层叶绿素高光谱反演建模研究[J]. 遥感技术与应用,2007,22(4):492-496.
- [12] 许童羽,袁炜楠,周云成,等. 基于高光谱和BP神经网络的双子叶植物叶片叶绿素遥感估算[J]. 沈阳农业大学学报,2018,49(6):749-755.
- [13] 朱继文,刘丹丹. 基于高光谱数据的土壤含盐量BP神经网络模型研究[J]. 东北农业大学学报,2009,40(10):115-118.
- [14] Sierociuk D, Skovranek T, Macias M, et al. Diffusion process modeling by using fractional-order models [J]. Applied Mathematics and Computation, 2015, 257:2-11.
- [15] 张东. 分数阶微分在土壤盐渍化遥感监测中的应用研究[D]. 乌鲁木齐:新疆大学,2017.
- [16] 赵越,张晓琴. 基于谱效关系的灰色关联度分辨率确定

况胜剑,廖恒,姚单君,等.我国夏季绿肥的种植及利用现状研究进展[J].江苏农业科学,2022,50(20):62-68.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.20.009

我国夏季绿肥的种植及利用现状研究进展

况胜剑,廖恒,姚单君,张钦,秦松,张爱华

(贵州省农业科学院土壤肥料研究所/贵州省农业科学院农业资源与环境研究所/

农业农村部贵州耕地保育与农业环境科学观测试验站,贵州贵阳550006)

摘要:绿肥是一种清洁的有机肥源,具有改良土壤、改善生态环境、促进作物生长、防控病虫害等作用。利用大量夏休休闲期土地和果茶园林下空间发展绿肥种植,对实现农业用地养地、提质增效、绿色发展具有重要意义。因此,夏季绿肥生产利用潜力巨大。然而当前我国夏季绿肥优良种质资源匮乏、栽培利用模式不成熟、综合效益不明显等问题已严重制约了夏季绿肥的推广利用及整个绿肥产业的复苏发展。通过查阅近年来我国有关夏季绿肥的相关文献,发现不同区域由于环境气候差异,主栽的夏季绿肥品种存在一定差异,但也有一些适应性较强的品种分布较广,指出应加强对地方优良品种的保护和开发利用;总结出夏季绿肥主要栽培模式为轮作和间套作,利用方式主要有翻压还田和地表覆盖;并重点分析夏季绿肥在改良土壤、促进作物及果茶树生长、生态控草、水土保持等方面的应用现状。进而对夏季绿肥种质资源开发利用、种植利用模式优化、综合效益评价提升等急需解决的问题进行展望,以期对夏季绿肥的研究利用和产业发展提供科学指导和理论参考。

关键词:夏季绿肥;种质资源;栽培利用模式;绿肥综合效益;农业绿色发展

中图分类号:S142 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)20-0062-07

近年来,我国提出加快农业全面绿色转型、耕地质量保护和提升等系列政策,人们对农产品的安全和品质要求也不断提高,农业生产除了提升产量,也应注重向高品质、多样化、安全性转变。长期偏施化肥、过度依赖农药会导致耕地质量退化,影响农产品质量安全^[1-2]。作为我国传统农业精华的绿肥,是一种清洁的有机肥源^[3-4],不仅能提高土壤肥力^[5-6]、改善土壤环境质量^[7-8]、防止水土流

失^[9-10]、改善生态环境^[11-12],还能提高作物产量^[13]和品质^[14],是化肥减施^[15]、病虫害绿色防控^[16]、加强耕地质量建设的重要措施。夏季绿肥主要指春夏播种,夏秋收割还田的绿肥。我国北方地区有大量夏休休闲期土地可用于夏季绿肥生产利用。此外,随着我国经果林面积,尤其是南方果茶园面积快速增加,对土壤质量改善、环境保护、杂草防控、农旅一体发展的需求越来越大,夏季绿肥是解决这些问题的重要手段。然而国内有关夏季绿肥的相关研究相对滞后,已无法满足生产需求。本研究主要从品种资源、栽培模式、效应分析3个方面对夏季绿肥种植利用现状进行阐述,并提出存在的问题,对今后研究和发展进行展望,以期对夏季绿肥的研究和利用提供参考。

1 夏季绿肥主要种质资源

我国地域辽阔,各区域环境气候、土壤类型差

收稿日期:2022-04-26

基金项目:贵州省农业科学院青年基金[编号:黔农科院青年基金项目(2019)21];国家绿肥产业技术体系建设专项(编号:CARS-22);贵州省科技支撑计划[编号:黔科合支撑(2020)1Y026;黔科合支撑(2020)1Y085]。

作者简介:况胜剑(1989—),女,贵州贵阳人,硕士,助理研究员,主要从事农业生态、绿肥研究。E-mail:1093539213@qq.com。

通信作者:张钦,硕士,助理研究员,主要从事土壤学与环境生态、绿肥研究。E-mail:1687947879@qq.com。

[J]. 太原师范学院学报(自然科学版),2013,12(4):1-3,35.

[17]刘天舒. BP神经网络的改进研究及应用[D]. 哈尔滨:东北农业大学,2011.

[18]卢志宏. 基于BP神经网络的荒漠啮齿动物群落对气候变化滞后响应[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学,2016.

[19]张国翊,胡铮. 改进BP神经网络模型及其稳定性分析[J].

中南大学学报(自然科学版),2011,42(1):115-124.

[20]程嘉蔚,徐佳,王艺玲,等. 基于BP神经网络的仓内稻谷温度预测模型[J]. 现代电子技术,2021,44(19):178-182.

[21]刘润,张绍良,侯湖平,等. 基于思维进化优化BP神经网络的大豆叶片叶绿素含量高光谱反演[J]. 江苏农业科学,2018,46(13):212-216.