

耕作栽培·生理生态

水稻蛋白质含量NIR模型适配范围的研究

吴金红, 张洪江, 梅捍卫, 李 荧, 杨 华, 王晓珊, 林榕辉, 罗利军

上海市农业生物基因中心

收稿日期 2005-7-3 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 【目的】比较不同类型样品建立水稻蛋白质近红外模型的效果和适配范围。【方法】通过对178份来自“11-32B/岳早粳6号”的重组自交系和496份水稻品种的近红外反射光谱的比较分析, 选择其中59个株系和76份品种作为建模样品, 采用偏最小二乘法建立基于品种、重组自交系和混合样品的3个蛋白质含量回归模型。【结果】经模型内部交叉验证和对模型外部重组自交系和品种样品的验证结果的分析, 发现基于分离群体的模型因蛋白质含量范围较窄, 样品来源较单一, 适应范围仅局限于本群体内样品蛋白质含量预测, 而品种和混合模型对群体和品种样品都表现出良好的适应能力, 交叉验证决定系数大于0.90, 外部验证决定系数大于0.89, 本试验可为近红外建模的样本集选择提供良好的指导意义。【结论】不同类型样品对建模效果有显著影响, 品种模型和混合模型的适配范围显著大于群体模型, 研究结果不能支持用背景变异较小的样品建立较高精度回归模型的设想。

关键词 [水稻](#) [蛋白质含量](#) [近红外反射光谱分析 \(NIRS\)](#) [群体](#) [品种](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

罗利军

作者个人主页: [吴金红](#); [张洪江](#); [梅捍卫](#); [李 荧](#); [杨 华](#); [王晓珊](#); [林榕辉](#); [罗利军](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(312KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“水稻”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [吴金红](#)

· [张洪江](#)

· [梅捍卫](#)

· [李 荧](#)

· [杨 华](#)

· [王晓珊](#)

· [林榕辉](#)

· [罗利军](#)