

龙腾, 李继宇, 龙拥兵, 等. 白粉病胁迫下小麦叶片光谱响应与智能分类识别 [J]. 华南农业大学学报, 2021, 42(3): 86-93.
LONG Teng, LI Jiyu, LONG Yongbing, et al. Spectral response and intelligent classification of wheat leaves under powdery mildew stress[J]. Journal of South China Agricultural University, 2021, 42(3): 86-93.

白粉病胁迫下小麦叶片光谱响应与智能分类识别

龙 腾¹, 李继宇^{2,3}, 龙拥兵^{1,2}, 闫晓静⁴, 赵 静^{1,2}

(1 华南农业大学 电子工程学院/人工智能学院, 广东 广州 510642; 2 岭南现代农业科学与技术广东省实验室, 广东 广州 510642; 3 华南农业大学 工程学院, 广东 广州 510642; 4 中国农业科学院 植物保护研究所, 北京 100193)

摘要:【目的】开展基于高光谱技术的白粉病胁迫下田间小麦光谱的响应研究, 实现小麦白粉病感染等级的快速确定。【方法】采用光纤光谱仪配合积分球和叶片夹采集大田活体小麦叶片可见-近红外光谱; 通过光谱数据拟合得到的 SF-SPAD (Spectrum fitting SPAD) 值来反映叶绿素含量, 对叶片感染白粉病进行初步判定; 使用 PROSPECT 模型进行光谱敏感度分析确定敏感波段; 结合主成分分析 (Principal component analysis, PCA) 降维和支持向量机 (Support vector machine, SVM) 建模, 实现对光谱数据的二分类; 根据二分类模型判断的病点百分比对小麦病虫害感染程度进行分级。【结果】SF-SPAD 值随自下而上的叶序的增大而逐渐上升; SF-SPAD 值 ≤ 0.90 的全是病点, ≥ 1.05 的全是好点。光谱敏感度分析确定了敏感波段为可见光波段 440~500 和 540~780 nm, 降低了数据维度。确定了感染等级 (R) 与病点百分比 (%) 的关系为 R_1 : 0~30%、 R_2 : 30%~50%、 R_3 : 50%~70%、 R_4 : 70%~100%。本研究所建模型适用的检测株数最少为 20 株。【结论】结合 SF-SPAD 值和光谱 PCA-SVM 二分类建立的监测模型可以准确、快速地判定小麦白粉病感染与否及感染等级, 同时可以降低采样数量、减少地面检测工作量、提高检测效率, 是一项实用性强、简单、易推广的智能化监测技术。

关键词: 小麦白粉病; 高光谱; SF-SPAD 值; PCA-SVM; 智能分类
中图分类号: S431.11 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-411X(2021)03-0086-08

Spectral response and intelligent classification of wheat leaves under powdery mildew stress

LONG Teng¹, LI Jiyu^{2,3}, LONG Yongbing^{1,2}, YAN Xiaojing⁴, ZHAO Jing^{1,2}

(1 College of Electronic Engineering/College of Artificial Intelligence, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 2 Guangdong Provincial Laboratory of Lingnan Modern Agricultural Science and Technology, Guangzhou 510642, China; 3 College of Engineering, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 4 Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China)

Abstract: 【Objective】The response of wheat spectrum to powdery mildew stress based on hyperspectral technique was studied in order to determine the infection grade of powdery mildew quickly. 【Method】The visible-near infrared spectra of wheat leaves were collected by fiber optic spectrometer combined with a integrating sphere and a leaf clip. The spectrum fitting SPAD (SF-SPAD) value was used to reflect the chlorophyll content, so as to preliminarily determine the infection of powdery mildew. Spectral sensitivity

analysis was performed using PROSPECT model to identify sensitive bands. We combined dimension reduction by principal component analysis (PCA) and support vector machine (SVM) modeling to realize binary classification of spectral data. The infection degree of wheat was graded according to the percentage of disease spots determined by the PCA-SVM binary classification model. 【Result】 The SF-SPAD value increased with the increase of leaf order from bottom to top. Spots with SF-SPAD values less than 0.90 were disease spots, while spots with SF-SPAD values above 1.05 were good spots. The spectral sensitivity analysis identified the sensitive bands as 440–500 and 540–780 nm in the visible region, and therefore reduced the data dimension. The relationship between the infection grade (R) and the percentage of disease spots was determined as R_1 : 0–30%, R_2 : 30%–50%, R_3 : 50%–70%, R_4 : 70%–100%. The model established in this assay was suitable when the number of tested plants was above 20. 【Conclusion】 The monitoring model based on SF-SPAD and spectral PCA-SVM binary classification can accurately and rapidly determine the infection of wheat powdery mildew and the infection grade, reduce the number of samples, reduce the workload of detection on the ground, and improve the detection efficiency. The monitoring model is an intelligent monitoring technology which is practical, simple and easy to popularize.

Key words: wheat powdery mildew; hyperspectra; SF-SPAD value; PCA-SVM; intelligent classification

小麦白粉病是由白粉菌 *Blumeria graminis* f.sp. *tritici* 引起的气传性真菌病害, 在世界各小麦种植区均有发生, 20 世纪 70 年代以前国内主要在西南以及山东沿海局部小麦种植地区发病严重, 随后发生范围不断扩大, 危害程度加重^[1]。在田间, 最早能够看到苗期染病叶片出现非常小的白点, 之后染病部位短期内快速扩大, 形成大的白色霉层, 最后各个病斑相互融合, 形成圆形和不规则的大霉斑。霉层上面有一层白色粉状物(分生孢子), 稍有外力作用, 就会发散, 成为再次侵染的来源。感染后期, 霉层颜色逐步加深, 由白色转变为灰白色、灰色和浅褐色等, 病斑上分散着针头大小的黑色小颗粒(闭囊壳); 霉层下面的叶片及其周围颜色变浅, 最终导致叶片退绿发黄、卷曲、枯死; 叶绿素含量降低, 严重影响小麦的光合作用^[2]。因此, 对小麦植株进行实时监测, 及早发现病害并喷洒农药对控制病害扩散具有重要的意义。

田间监测目前主要依靠植保人员田间调查、田间取样等传统方式, 并通过“网格法”计算感染区域的占比确定单片小麦叶片的感染程度, 分为少数病斑(0~25%): 叶片上有少数病斑, 白点随机分布; 轻度发病(25%~50%): 白点联结成一块; 中度发病(50%~75%): 叶片局部变黄; 严重发病(75%~100%): 叶片大面积黄化。结合 5 片小麦叶片的感染程度确定植株的发病情况^[3], 不仅耗时、费力, 而且存在代表性差、主观性强、时效性差等问题^[4], 难以满足大范围病虫害实时监测的需求。

发展快速、无损和实时监测技术对于精确防控病害具有重要意义。高光谱技术能够获得从可见光

至红外波段范围内的许多连续窄波段(<10 nm)数据^[5-6], 广泛应用于小麦病害监测。在小麦条锈病监测方面, 黄木易等^[7]研究表明遥感监测条锈病的敏感波段为 630~687、740~890 和 976~1 350 nm。在小麦蚜虫监测方面, Riedell 等^[8]明确了蚜虫敏感的光谱波段范围为 625~635 和 680~695 nm。在小麦白粉病的光谱监测方面, 由于叶片被白粉病菌覆盖使叶片细胞光合作用降低、叶绿素含量降低^[9], 因此学者们逐步明确了小麦病虫害光谱识别的敏感波段主要位于可见光和近红外波段^[10-12]。沈文颖等^[3]研究认为 415、485~495 和 620~640 nm 为小麦白粉病的敏感波段, 并且能通过敏感波段反演小麦叶片白粉病。梁栋等^[13]利用成像高光谱提取病斑区域并筛选出小麦白粉病和条锈病的敏感波段, 以此建立白粉病和条锈病的判别模型, 分类精度可以达到 92%。研究在冠层和叶片尺度上确立了小麦白粉病敏感波段分别为 580~710 nm^[4]以及 400~500 和 610~690 nm^[14]。姚志凤等^[11]在平滑和降维后对患小麦白粉病、条锈病植株和健康植株进行分类, 最终得出主成分分析(Principal component analysis, PCA)结合极限学习机 ELM 的校正集和测试集正确率分别达到 99.18% 和 100%。总的来说, 基于小麦冠层的高光谱监测模型研究较为深入, 但感染白粉病后, 植株是下部最先出现症状^[15], 检测冠层的时效性相对较差。因此, 采用地面光谱检测方法对白粉病及早发现并干预更有优势。但地面光谱检测受采样量和光谱判别方法的限制, 不仅费时费力, 而且精准度有限。为解决上述问题, 本文借鉴网格法的检测思想, 使用“区域法”代替“网格

法”，建立 SF-SPAD 值结合光谱 PCA-SVM 的智能二分类模型，在保障检测精确度的前提下，减少采样数量，实现小麦白粉病感染与否以及感染等级的判别，为快速确定小麦白粉病感染等级提供一种新的统计学方法。

1 材料与方法

1.1 材料

试验选用‘京双 16 号’小麦，人工接种小麦白粉菌，试验设对照组 (0 级)、少数病斑 (I 级)、轻度发病 (II 级)、中度发病 (III 级)、严重发病 (IV 级) 共 5 个区域。

试验在中国农业科学院植物保护研究所综合试验基地 (河南新乡，东经 119.19°、北纬 31.61°) 小麦试验田中开展。

1.2 数据获取方法

小麦叶片光谱测定时，光源采用海洋光学公司生产的海洋光学辐射定标光源 (海洋光学，HL-2000-CAL，光谱范围 300~1 050 nm)，光纤光谱仪采用海洋光学微型光纤光谱仪 (海洋光学，FLAME-S，光谱范围 200~1 000 nm，700 nm 的光谱分辨率 0.335 nm)，探测器采用线阵硅基检测器 (索尼，ILX511B)。

小麦光谱采集系统如图 1 所示。光源输出的光通过光纤从积分球顶部射入，积分球底部通过叶片夹固定叶片。被叶片反射的光携带有被测叶片的特征信息，经积分球多次漫反射，从侧方输出，经光纤传输至海洋光谱仪内，转化为电信号，以灰度值的数据形式存储于计算机中。设置采集参数为积分时间 200 ms，平均次数 5 次，平滑度为 5，包含 2 048 个波段。

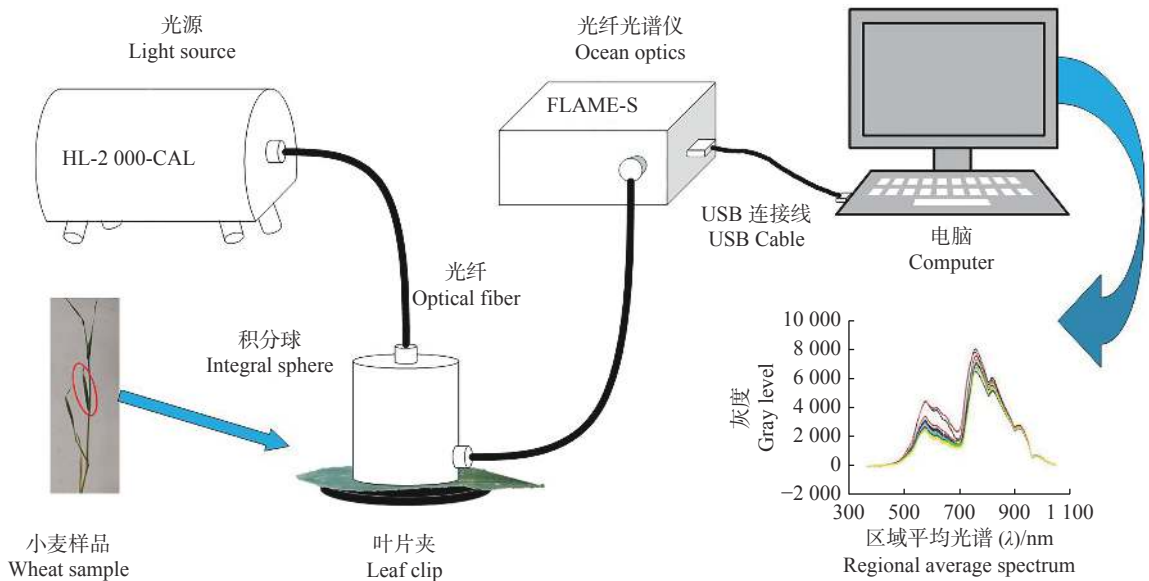


图 1 小麦光谱采集系统
Fig. 1 Wheat spectrum collection system

本文将由光纤光谱仪采集的叶片中受白粉病侵染的点称为病点，未受侵染的点称为好点。采集对照组好点、病点光谱各 50 条，用于判断病点建模。确定是否感染和感染等级时，在小麦田中随机选取植株，测定每株植株的每片叶片叶尖、中部和基部 3 个部位的光谱，每株小麦共 5 片叶片、15 条光谱数据。

1.3 SF-SPAD 值以及临界值

小麦感染白粉病会直接改变叶片中的叶绿素含量，而叶绿素含量与叶片 SPAD 值呈极显著正相关^[16]。因此本文通过光谱获取的 SF-SPAD 值来初步判断植株是否被白粉病侵染，SF-SPAD 值的计算

公式如下：

SF-SPAD = Klg (IR_r/IR₀ / R_r/R₀), (1)

式中，K 为常数，数值受传感器影响，本文中设 K = 1.0，IR_r 为接收到的经过叶片反射的 940 nm 红外光强度，IR₀ 为发射的红外光强度，R_r 为接收到的经过叶片反射的 650 nm 红光强度，R₀ 为发射的红光强度。

将 SF-SPAD 值由小到大排列，假设 SF-SPAD 值取 a 时，a 前面有 n 个小于 a 的值，则排序方式 t₁(i) 和好点百分比 T₁(SF-SPAD = a) 可由式 (2) 和 (3) 表示：

t₁(i) = sort(SF-SPAD), (i = 1, ⋯, n), (2)

$$T_1(\text{SF-SPAD} = a) = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}, \begin{cases} x_i = 0, \text{病点} \\ x_i = 1, \text{好点} \end{cases} \quad (3)$$

类似的, 将 SF-SPAD 值由大到小排列, b 前面有 m 个大于 b 的值, 则排序方式 $t_2(i)$ 和病点百分比 $T_2(\text{SF-SPAD} = b)$ 可由式 (4) 和 (5) 表示:

$$t_2(i) = \text{sort}(\text{SF-SPAD}, 'descend'), (i = 1, \cdots, n), \quad (4)$$

$$T_2(\text{SF-SPAD} = b) = \frac{\sum_{i=1}^m y_i}{m}, \begin{cases} y_i = 0, \text{病点} \\ y_i = 1, \text{好点} \end{cases} \quad (5)$$

式 (2) 中 $t_1(i)$ 将 SF-SPAD 值从小到大排列, sort 是排序算法, 式 (4) 中的 'descend' 将 SF-SPAD 值从大到小排列。式 (3) 中当选取的点为好点时, $x_i = 1$, 反之, $x_i = 0$ 。式 (5) 中当选取的点为好点时, $y_i = 1$, 反之, $y_i = 0$ 。

1.4 光谱响应模型

1.4.1 光谱预处理 为消除响应度不高以及暗噪声太大的波段, 计算反射率, 去除反射率不符合实际的波段。根据公式 (6) 得到植株反射率光谱。

$$I = \frac{R_{\text{raw}} - R_{\text{black}}}{R_{\text{white}} - R_{\text{black}}}, \quad (6)$$

式中, I 是某一波长下的光谱反射率, R_{raw} 是原始灰度值, R_{white} 是标准板灰度值, R_{black} 是暗光谱灰度值。

1.4.2 PROSPECT 模型敏感度分析 PROSPECT 模型是一个基于“平板模型”的辐射传输模型。它通过模拟叶片在 400~2 500 nm 的上行和下行辐射通量得到叶片的反射率和透射率, 本研究采用 PROSPECT-5 拟合植物的反射率光谱, 该模型定量描述了植物叶片反射率光谱、透过率光谱与结构参数 (Ns)、叶绿素含量 (C_{a+b})、胡萝卜素含量 (C_{car}) 等模型参数之间的关系^[17-18]。

敏感度可以描述某一变量以相同步长变化的过程中对模型输出结果的影响程度。本文通过 PROSPECT 模型参数的敏感性计算分析各种生化参数对叶片光谱的影响程度, 同时结合模型参数参考范围确定光谱分类的波段范围。

LOPEX93 (Leaf optical properties experiment 93) 是经典的植物叶片高光谱和生理生化参数数据集, 包含了 50 多种植物的 70 多个叶片样本高光谱数据及对应的生化参数值, 是研究高光谱反演生化参数的重要数据库。通过改变 PROSPECT 模型 3 个敏感度分析参数 (Ns、 C_{a+b} 、 C_{car}), 观察植株光谱的变化, 参数变化范围为 Ns: 1~4, C_{a+b} : 10.00~100.00, C_{car} : 2.00~40.00, 以此确定对叶绿素含量以及 SPAD 值贡献最大的波长范围。

1.4.3 光谱降维 PCA 降维将所有维度投影到低维空间内, 使每个数据在这个空间的方差 (D_1) 最大, 如式 (7) 和式 (8) 所示:

$$Z(m * k) = X(m * n) \times W(n * k), \quad (7)$$

$$D_1 = \sum_{m=1}^{36} \omega^T x_m, \quad (8)$$

式中, m 是样例数; n 是波段数; k 是降维后的维数; $X(m * n)$ 是训练样本集; $W(n * k)$ 是 $X(m * n)$ 按特征值排序后选取的前 k 个协方差矩阵的特征向量; $Z(m * k)$ 是 $X(m * n)$ 在由 $W(n * k)$ 形成的新的正交子空间上的投影, 也是降维后的新矩阵; ω^T 是 $W(n * k)$ 的转置矩阵; $\omega^T x_m$ 是每个光谱投影到低维空间上的值。

1.4.4 光谱分类 SVM 的基本思想是寻找一个分类的最优超平面, 使得离最优超平面比较近的点与最优超平面能有更大的间距, 进而能够很好地分开训练样本中的 2 类样本。核函数主要有线性核、多项式核、径向基核 (Radial basis function, RBF) 以及 Sigmoid 核。这 4 种核函数中, RBF 核函数可以应用到低维、高维、小样本、大样本等情况^[19]。本文选用径向基核函数, 其核函数公式如下:

$$K(a, a') = e^{\left(-\frac{|a-a'|^2}{b^2}\right)}, \quad (9)$$

式中, a 为空间中的任意一点, a' 为核函数的中心, b 为函数的宽度参数。

采用 PCA 对数据集进行降维处理, 当方差贡献率大于 95% 时, 得到 d 个特征值, 将这 d 个特征值对应的特征向量作为 SVM 算法的输入矩阵, 选择 RBF 作为核函数, 通过遍历法找到最优惩罚系数。将惩罚系数从 0.001~100 以 10 倍步进逐步增加, 以校正集和测试集的准确率为标准, 选择其中效果最好的惩罚系数跨度, 再将效果最好的跨度等分为 10 份重复上述过程确定惩罚系数。最后使用十折交叉验证将每个维度训练 10 次取平均值以获得最佳预测模型。建立模型后应用于测试集, 循环上述过程 50 次, 对一个点是否有病虫害症状进行 50 次判断, 使用“投票法”来确定测试集数据的标签。

1.4.5 感染等级确定 本文通过病点百分比进行感染等级确定。在不同感染等级试验地采集样品, 在每株样本的 5 片叶片叶尖、中部和基部 3 个部位取点, 采用 SF-SPAD 值粗选结合 PCA-SVM 二分类精选的方法判别病点, 计算病点百分比。对于同一感染等级, 随着检测点数量的增加病点占全部检测点的百分比先增加后逐步达到稳定。将该稳定的百分比作为感染等级的判别依据, 所检测的株数即为模型适用的最少检测株数。本文分别从不同感染

等级麦田中随机选取 n 株植株, 观察这 n 株小麦株数(i)增大时病点百分比平均值的变化情况。光谱百分比的平均值以及植株选择可分别由式 (10)、(11) 和 (12) 来表示:

$$\text{MEAN}(j) = \text{sort}\left(\frac{\sum_{k=1}^i P_{m_k}}{i}\right), (i = 1, \cdots, n), \quad (10)$$

$$j = \sum_k^{i-1} (m_k - k) C_{n-(i-2+k)}^{i-k} + (m_i - 2 + q) C_{n-(2i-2)}^0, \quad (11)$$

$$q = \text{RoundDown}\left(\frac{j}{n-1}\right), \quad (12)$$

本文随机在试验田中取 n 株小麦编号并赋值为 $m_k = k, (k = 1, \cdots, n)$ 。式 (10) 中, P_{m_k} 是第 m_k 株小麦的光谱百分比, 然后对选取的 i 株小麦的光谱百分比取平均值; j 是病点百分比平均值向量 **MEAN** 的第 j ($j = 1, \cdots, C_n^i$) 个元素; **sort** 将向量元素从大到小重新排列。式 (11) 中, 选取植株的方法一共有 C_n^i 种, 将

m_k 的取值代入式 (11), 得到使等式成立的 i 个值, 从而定位这 i 株小麦的序号。式 (12) 中, q 为对 $j/(n-1)$ 向下取整的结果, 是式 (11) 中的补偿项。最后, 向量 **MEAN** 的最小值到最大值为选择的 i 株植株病点百分比平均值的波动范围, 它的中位数为总平均值的变化情况。

2 结果与分析

2.1 SF-SPAD 值及临界值

本文使用 SF-SPAD 值初步判断小麦白粉病感染等级。图 2 为随机选取的 4 个感染等级共 20 株具有代表性的感染程度逐渐增加的小麦的 SF-SPAD 值。从图 2 可以看出, 相同植株的一叶、二叶的 SF-SPAD 值比其他叶片低; 对不同植株的同一叶序, 随感染程度的增加, SF-SPAD 值降低。比较 SF-SPAD 值可以得出, 小麦白粉病感染首先出现在叶序小的叶片上, 感染程度越大、叶片序数越小, SF-SPAD 值越低。

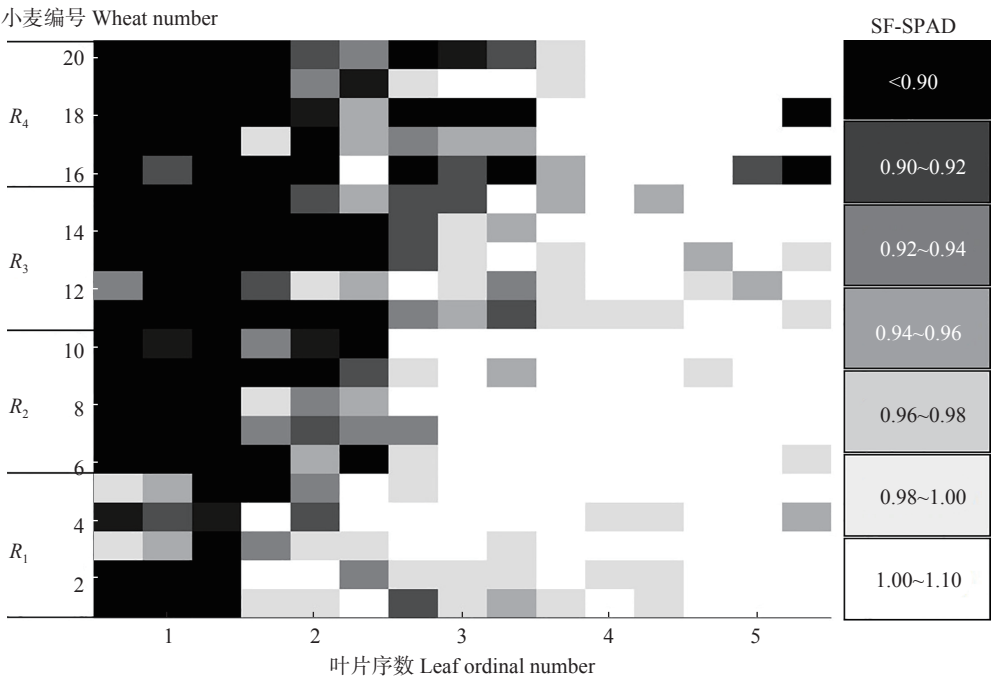


图 2 不同感染等级 (R) 不同叶序叶片的 SF-SPAD 值规律
Fig. 2 The law of SF-SPAD value in different ordinal leaves with different infection grades (R)

通过对比不同感染级别、不同叶序小麦叶片的 SF-SPAD 值 (图 3), 得到规律: SF-SPAD 值随叶序的增大而逐渐上升。其原因主要是小麦叶面感染白粉病, 叶绿素含量降低, 导致叶片对红光的吸收减弱而形成“红谷”(600~680 nm), 即公式 (1) 中的 R_r 升高, 而叶绿素对近红外光 940 nm 影响不大, 所以 IR_r 变化不大, 而公式中的 IR_0 和 R_0 不变, 分母增大, 分子不变, 导致 SF-SPAD 值变小。

图 4a、4b 分别为好点和病点百分比随 SPAD 值变大和变小时的规律。当 SF-SPAD 值 ≥ 1.05 , 好点百分率开始逐渐下降, 当 $SF-SPAD \leq 0.90$, 病点百分率开始逐渐下降, 即:

$$\begin{aligned} T_1(SF-SPAD \geq 1.05) &= 100\%, \\ T_2(SF-SPAD \leq 0.90) &= 100\%. \end{aligned}$$

因此, 本文将 0.90 和 1.05 分别作为判断病点与好点的临界值。

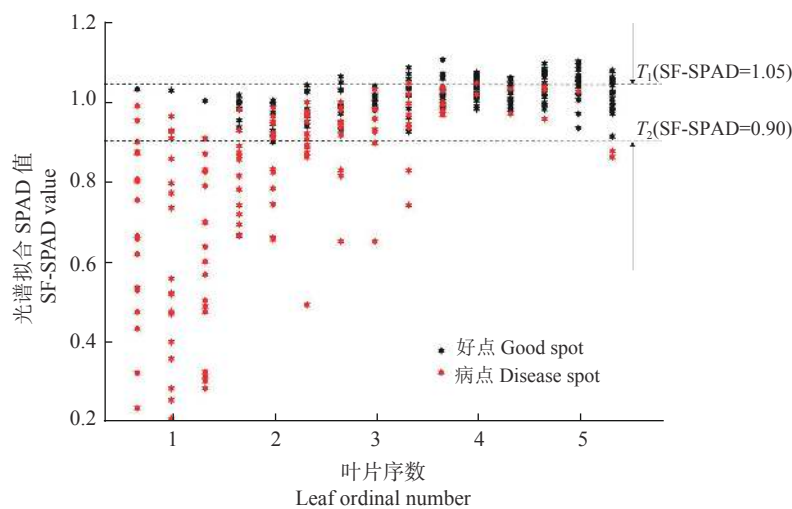


图3 好点、病点 SF-SPAD 临界值判别

Fig. 3 Judgment of SF-SPAD critical value for good spots and disease spots

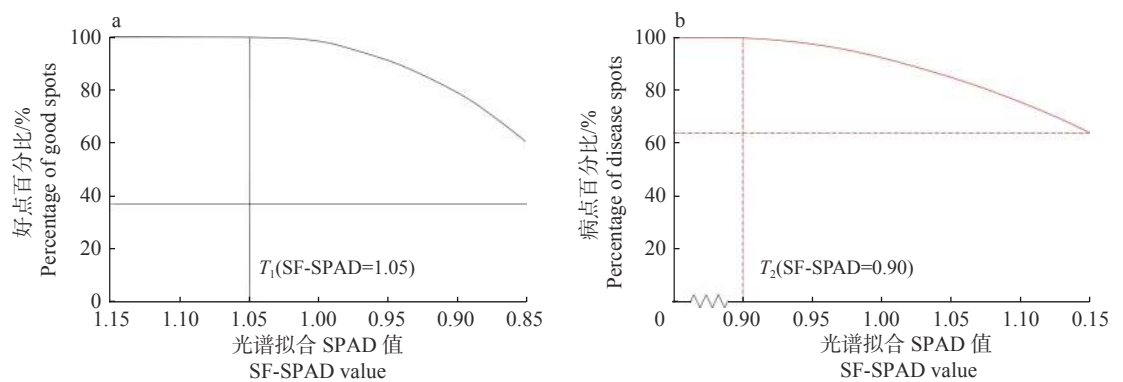


图4 好/病点百分比变化规律

Fig. 4 Change law of good and disease spot percentage

由图3、4可以看出,将SF-SPAD值用于小麦白粉病初步判断,具有迅速、准确率高、工作量小的优势,能够根据650和940nm的反射率数据初步判定植株感染与否。

2.2 光谱预处理以及敏感度分析

为了确定小麦白粉病光谱响应的敏感波段,本

文对LOPEX93数据集的小麦光谱进行了敏感度分析,该数据集提供了小麦结构参数、叶绿素含量、胡萝卜素含量等不同参数的400~1000nm的高光谱数据。通过改变小麦植株的各种生化参数,分析生化参数对叶片光谱的影响程度,同时结合模型参数范围确定光谱分类的波段范围,结果如图5所示。

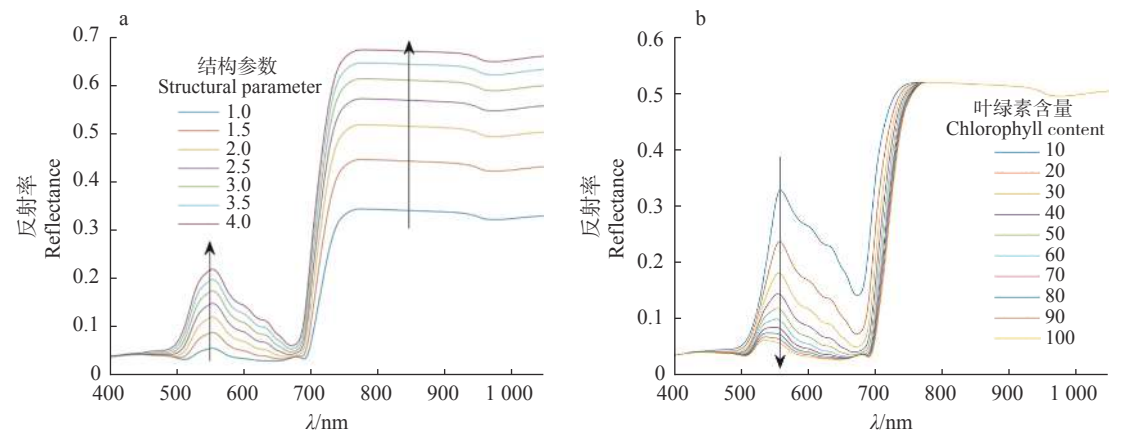


图5 植株生化参数的敏感度分析

Fig. 5 Sensitivity analysis of plant biochemical parameters

在敏感度分析中, 结构参数、叶绿素含量对可见光波段 (400 ~ 780 nm) 光谱的影响较大, 而对胡萝卜素和干物质含量的影响较小。这是由于叶绿素对红光的强烈吸收而形成“绿峰”和“红谷”(450、680 nm), 以及由植被红光波段叶绿素的强烈吸收和近红外波段光在叶片内多次散射形成的强反射所构成的“红边”(680 ~ 780 nm), 这 2 个区域内蕴含了丰富的植被光谱信息, 均被广泛用于叶绿素含量反演^[20-21]。而植株结构参数包括了植株平均密度、

平均高度、叶冠平均半径等, 对植株叶绿素含量、干物质含量影响较大, 而植株叶绿素含量影响叶片 400~780 nm 的光谱。因此, 本文敏感波段提取了对叶绿素含量以及 SPAD 值贡献率大的可见光波段 (400~780 nm)。

在此基础上, 对 400~780 nm 波段进行平滑, 将平滑后波动范围大于此平滑值 10% 的波段作为噪声去除, 最终确定 440~780 nm 波段为建模数据集, 如图 6 所示。

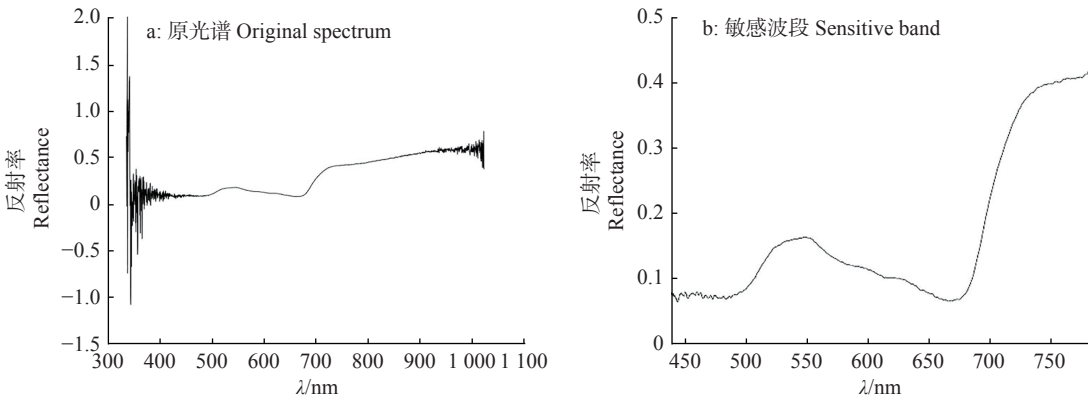


图 6 敏感波段确定结果
Fig. 6 Determination results of sensitive band

2.3 光谱分类模型的建立

本文使用 PCA 结合 SVM 算法, 对反射率数据训练分类网络。图 7 是 PCA 降维后取前 3 维得到的好点与病点的分类情况, 其中, 红点代表病点, 黑点代表好点。从图 7 可以看出, 仅使用 PCA 第一至第三个主成分已能初步取得较好的效果, 再使用 SVM 构建非线性超平面, 就可以达到理想的分类效果, 当 PCA 降维至 10 维时, 特征贡献率大于 99%, 且 SVM 二分类的结果趋于稳定, 因此确定使用 10 维数据进行建模。除此之外, 图 7 中显示好点相对病点更加集中, 这种情况的原因可能是未感染病

害的小麦光谱差异较小, 而感染病虫害的植株因在各个感染时期的生理状态和病菌的形态不同导致光谱的差异较大。

2.4 病点百分比结果和感染等级确定

图 8 为 PCA-SVM 光谱分类模型判别的病点百分比分布与感染等级 (R) 的关系。从各感染等级内随机选取 i 株小麦进行检测, 根据公式 (10)、(11)、(12) 计算这 i 株病点百分比的平均值及波动范围。从图 8 可以看出, 随着检测株数的增加, 病点百分比逐渐稳定, 且病点百分比的波动范围逐渐缩小。由

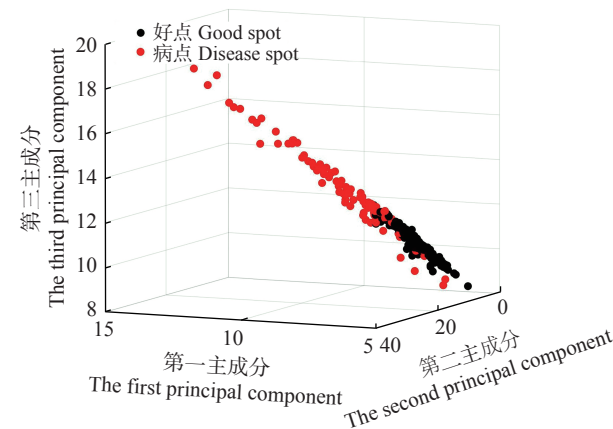


图 7 光谱分类结果
Fig. 7 Spectral classification results

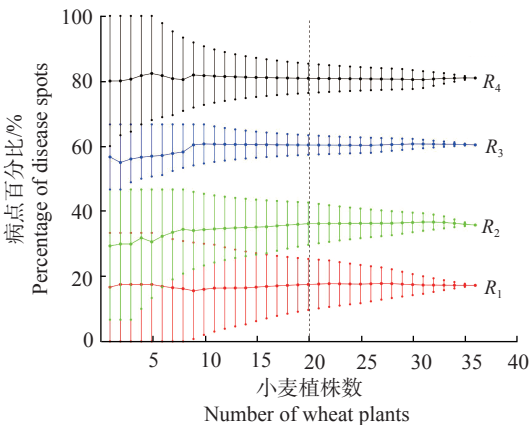


图 8 小麦植株病点百分比分布与感染等级 (R)
Fig. 8 Percentage distribution of disease spots in wheat plants and infection grade (R)

此得出结论: 在 4 个等级之中, R_2 , R_3 和 R_4 之间分界线较为清晰, 错判最多的是 R_1 和 R_2 级, 可能的原因是小麦感染初期, 一叶和二叶叶片并未像感染中期时黄化, 叶片只有白色孢子零星覆盖, 差异不大。感染等级可由病点百分比确定, 随着小麦株数达到 20 株以上 (如图 8 虚线所示), 4 个感染等级能够明显地分离, 且病点百分比平均变化率逐步趋于 0, 病点百分比趋于稳定。因此, 20 株小麦为本文所建模型适用的最少检测数量。感染等级与病点百分比之间的关系如下所示: R_1 : 0~30%, R_2 : 30%~50%, R_3 : 50%~70% 和 R_4 : 70%~100%。

3 结论

本文通过 SF-SPAD 值结合 PCA-SVM 模型对小麦植株上的光谱数据进行二分类, 实现小麦白粉病的判断, 通过确定病点百分比来确定小麦白粉病的感染等级。结果表明 SF-SPAD 值随叶片序数的增加逐渐上升, 病点和好点的 SF-SPAD 临界值分别为 0.90 和 1.05。使用 PROSPECT 模型进行光谱敏感度分析, 确定叶绿素的敏感波段在可见光波段 440~500 和 540~780 nm, 将光谱范围缩小为 440~780 nm。结合 PCA 降维和 SVM 建模, 当总贡献率大于 99% 时, 确定维度降至 10 维, 能实现对光谱数据精确地二分类。根据二分类模型结果判断病点和好点, 计算出单株小麦的病点百分比, 根据病点百分比的分布情况以及收敛关系, 最终确定感染等级以及病点百分比关系为 R_1 : 0~30%、 R_2 : 30%~50%、 R_3 : 50%~70%、 R_4 : 70%~100%, 以及模型适用的最少检测植株数为 20。本方法可以降低采样数量、减少地面检测工作量、提高检测准确率, 是一项实用性强、简单、易推广的智能化监测技术。

参考文献:

[1] 冯伟, 王晓宇, 宋晓, 等. 白粉病胁迫下小麦冠层叶绿素密度的高光谱估测[J]. 农业工程学报, 2013, 29(13): 114-123.

[2] 杜世州. 基于多源数据小麦白粉病遥感监测研究[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2013.

[3] 沈文颖, 李映雪, 冯伟, 等. 基于因子分析-BP 神经网络的小麦叶片白粉病反演模型[J]. 农业工程学报, 2015, 31(22): 183-190.

[4] 张竞成, 袁琳, 王纪华, 等. 作物病虫害遥感监测研究进展[J]. 农业工程学报, 2012, 28(20): 1-11.

[5] 冯伟, 王晓宇, 宋晓, 等. 基于冠层反射光谱的小麦白粉

病严重度估测[J]. 作物学报, 2013, 39(8): 1469-1477.

[6] 刘鹏. 基于高光谱技术的植物分类及状态监测方法研究[D]. 杭州: 杭州电子科技大学, 2019.

[7] 黄木易, 王纪华, 黄文江, 等. 冬小麦条锈病的光谱特征及遥感监测[J]. 农业工程学报, 2003, 19(6): 154-158.

[8] RIEDELL W E, BLACKMER T M. Leaf reflectance spectra of cereal aphid-damaged wheat[J]. Crop Science, 1999, 39(6): 1835-1840.

[9] GRAEFF S, LINK J, CLAUPEIN W. Identification of powdery mildew (*Erysiphe graminis* sp. *tritici*) and take-all disease (*Gaeumannomyces graminis* sp. *tritici*) in wheat (*Triticum aestivum* L.) by means of leaf reflectance measurements[J]. Central European Journal of Biology, 2006, 1(2): 275-288.

[10] FRANKE J, MENZ G. Multi-temporal wheat disease detection by multi-spectral remote sensing[J]. Precision Agriculture, 2007, 8(3): 161-172.

[11] 姚志凤, 雷雨, 何东健. 基于高光谱成像的小麦白粉病与条锈病识别[J]. 光谱学与光谱分析, 2019, 39(3): 969-976.

[12] 袁琳, 张竞成, 赵晋陵, 等. 基于叶片光谱分析的小麦白粉病与条锈病区分及病情反演研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2013, 33(6): 1608-1614.

[13] 梁栋, 刘娜, 张东彦, 等. 利用成像高光谱区分冬小麦白粉病与条锈病[J]. 红外与激光工程, 2017, 46(1): 50-58.

[14] 沈文颖, 冯伟, 李晓, 等. 基于叶片高光谱特征的小麦白粉病严重度估算模式[J]. 麦类作物学报, 2015, 35(1): 129-137.

[15] 王晓宇, 冯伟, 王永华, 等. 小麦白粉病严重度与植株生理性状及产量损失的关系[J]. 麦类作物学报, 2012, 32(6): 1192-1198.

[16] 雷祥祥, 赵静, 刘厚诚, 等. 基于 PROSPECT 模型的蔬菜叶片叶绿素含量和 SPAD 值反演[J]. 光谱学与光谱分析, 2019, 39(10): 3256-3260.

[17] 吴伶, 刘湘南, 周博天, 等. 利用 PROSPECT+SAIL 模型反演植物生化参数的植被指数优化模拟[J]. 应用生态学报, 2012, 23(12): 3250-3256.

[18] 王洋, 肖文, 邹焕成, 等. 基于 PROSPECT 模型的植物叶片干物质估测建模研究[J]. 沈阳农业大学学报, 2018, 49(1): 121-127.

[19] 王鑫, 张鑫, 宁晨. 基于多特征降维和迁移学习的红外人体目标识别方法[J]. 计算机应用, 2019, 39(12): 3490-3495.

[20] 程术希, 邵咏妮, 吴迪, 等. 稻叶瘟染病程度的可见-近红外光谱检测方法[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2011, 37(3): 307-311.

[21] 竞霞, 黄文江, 王纪华, 等. 棉花单叶黄萎病病情严重度高光谱反演模型研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2009, 29(12): 3348-3352.

【责任编辑 霍 欢】