doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2021.06.024

基于高光谱成像的油菜苗期温度胁迫检测方法

张小敏[1,2]　张延宁[1,2]　姜海益[3]　王怡田[1,2]　林洋洋[1,2]　饶秀勤[1,2]

(1. 浙江大学生物系统工程与食品科学学院, 杭州 310058; 2. 农业农村部农产品产地处理装备重点实验室, 杭州 310058;
3. 浙江大学数学科学学院, 杭州 310058)

摘要: 为了保证育苗质量和提供适栽壮苗,满足新一代油菜产业规模化、标准化的需求,以浙油 50 为研究对象,进行了为期 21 d 的温度胁迫实验,利用高光谱成像技术研究油菜受温度胁迫的健壮苗识别方法。首先通过光谱反射率和连续小波变换提取温度胁迫敏感波段;然后,分别采用连续投影算法和连续小波变换-逐步判别分析法在温度胁迫敏感波段处提取特征波长;分析了油菜苗波段特征和光谱特征随时间的演化规律,筛选出 554 ~ 714 nm 波段 *MA* 曲线面积、正切特征值 tanθ、1 213 nm 和 1 567 nm 处反射率以及小波特征 $w(9,967)$、$w(13,1\,213)$、$w(7,1\,567)$ 共 7 个特征,建立了多特征融合的温度胁迫 Fisher 判别模型。结果表明:模型平均分类准确率为 88.68%,在三叶期达到最佳检测准确率,为 95.56%,能够较好地区分受温度胁迫的油菜幼苗。本研究为基于高光谱成像技术的油菜健壮苗快速检测提供了参考。

关键词: 油菜; 温度胁迫; 特征融合; 高光谱成像

中图分类号: O657.3; S24　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2021)06-0232-10　　**OSID**:

Temperature Stress Detection Method of Rapeseed Seedling Based on Hyperspectral Imaging

ZHANG Xiaomin[1,2]　ZHANG Yanning[1,2]　JIANG Haiyi[3]　WANG Yitian[1,2]　LIN Yangyang[1,2]　RAO Xiuqin[1,2]

(1. *College of Biosystems Engineering and Food Science*, *Zhejiang University*, *Hangzhou* 310058, *China*
2. *Key Laboratory of on Site Processing Equipment for Agricultural Products*,
Ministry of Agriculture and Rural Affairs, *Hangzhou* 310058, *China*
3. *School of Mathematical Sciences*, *Zhejiang University*, *Hangzhou* 310058, *China*)

Abstract: In order to ensure the quality of seedlings and provide healthy and robust seedlings to meet the needs of large-scale and standardization of modern rapeseed industry, a 21 d temperature stress experiment of rapeseed seedling was carried out. The aim was to study the identification of robust seedlings of rape under temperature stress using hyperspectral imaging technology. Firstly, the sensitive bands of temperature stress were extracted by spectral reflectance and continuous wavelet transform. And then the continuous projection algorithm and continuous wavelet transform - stepwise discriminant analysis were respectively used to extract characteristic wavelengths from sensitive bands of temperature stress. The waveband features and spectral features of rapeseed seedlings were analyzed with time. A total of seven features were selected, including the curve area at band *MA* and tangent eigenvalue tanθ of 554 ~ 714 nm, the reflectance value at 1 213 nm and 1 567 nm, wavelet feature $w(9, 967)$, $w(13, 1\,213)$ and $w(7, 1\,567)$ to establish a multi-feature fusion Fisher discriminant model. The results showed that the average classification accuracy of the model was 88.68%, and the best detection accuracy reached 95.56% at the three-leaf stage, which could better distinguish the temperature stressed rape seedlings and provide a reference for the rapid detection of robust rape seedlings based on hyperspectral technology.

Key words: rapeseed; temperature stress; feature fusion; hyperspectral imaging

收稿日期: 2020-12-27　修回日期: 2021-03-29

基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFD0700801)

作者简介: 张小敏(1996—),女,博士生,主要从事智能农业装备研究,E-mail: 11813014@zju.edu.cn

通信作者: 饶秀勤(1968—),男,教授,主要从事智能农业装备研究,E-mail: xqrao@zju.edu.cn

0　引言

油菜是我国大宗油料作物之一，长江中下游地区为我国重要的冬油菜生产基地，常年种植面积和产量均占 80% 以上的份额[1]。在 10 月中下旬适宜移栽期内，气温下降，容易出现持续寡照天气，低温胁迫会造成油菜种子发芽时间延长，容易对幼苗造成不可逆的破坏，这是油菜苗不健壮的主要原因之一[2-4]。因此，研究温度胁迫对油菜苗期生长的影响以及胁迫检测方法非常必要。

温度胁迫会诱发油菜苗外部形态、生化组分含量、酶活性[5-7]等发生相应变化。在众多胁迫检测方法中，实验室生化检测是目前最为客观准确的方法，但存在采样复杂、时效性差、专业性强、成本过高等问题，不利于规模化、标准化作业[8]。机器视觉技术能够快速、稳定地采集高精度的作物图像信息，可节省人力和降低人为判断的主观性[9]。但由于传统图像数据大多只能反映作物外观特征，故构建的胁迫检测模型也存在局限性[10-12]。高光谱成像技术能够提供待测作物更为详细和全面的信息，基于光谱信息既可以获取待测作物的外形，还可以反映作物生化组分含量和内部结构的变化[13-16]。

文献[17]采集了小麦感染镰刀菌 400 ~ 1 000 nm 波长范围的高光谱图像，基于主成分分析提取光谱子范围特征，基于光谱角度匹配提取全谱特征，各染病时间平均检测准确率为 67%，不同感染程度的检测准确率差异较大。文献[18]采集了菠菜叶片冷藏过程中 400 ~ 1 000 nm 波长范围的高光谱图像，研究了冷藏条件下光谱特性的演化规律。文献[19]采用 400 ~ 900 nm 波长范围的高光谱来监测冷藏室和室温下不同时长的玉米叶片光谱反射率，研究发现，1 h 以后冷藏箱内的叶片反射率比正常室温下的叶片反射率大。文献[20]采集了番茄叶片早疫病、晚疫病 380 ~ 1 023 nm 波长范围的高光谱图像，基于连续投影算法（Successive projections algorithm，SPA）提取特征波长，建立了极限学习机分类器，对病害类别的多重分类准确率达 97.1%。文献[21]采集了玉米叶片干旱胁迫过程中 400 ~ 1 000 nm 波长范围的高光谱图像，提出一种基于聚类、监督波长选择以及光谱相似性度量的检测方法，研究表明，与传统图像相比，高光谱图像能满足更广泛的作物生物胁迫和非生物胁迫的检测需求[22-23]，通过观察作物生长期内光谱的演化规律，有助于判断胁迫类别、揭示胁迫过程、提高胁迫检测效果，从而分析得出作物不健壮的原因[24-26]。

综上，高光谱成像技术为胁迫检测提供了一种快速、准确的检测手段。本文以油菜为研究对象，以高光谱成像为技术手段，进行油菜苗温度胁迫实验。采用 SPA 和连续小波变换-逐步判别分析法（Continuous wavelet transform - stepwise discriminant analysis，CWT - SDA）在温度胁迫敏感波段处提取特征波长，并通过持续观测油菜苗期光谱特征的演化规律，研究分析温度胁迫对油菜叶片光谱特征的影响，并建立胁迫判别模型，以期实现正常幼苗与胁迫幼苗的准确区分。

1　材料和方法

1.1　实验材料与实验设计

实验时间为 2019 年 12 月 12 日至 2020 年 1 月 20 日，实验地点为浙江大学紫金港校区生物系统工程与食品科学学院实验室。以油菜品种浙油 50 作为实验材料，播种前晒种 4 h。配置基质含水率 70%，将基质装盘后，用压穴模板在每个穴孔上压出深 1.0 ~ 1.5 cm 的圆形播种穴，把颗粒饱满、颜色一致、大小均匀油菜种子播种于穴盘中，1 穴播种 1 粒种子，采用 72 穴的穴盘共播种 18 盘。播种完毕后均等置入智能人工气候箱中培养 40 d。

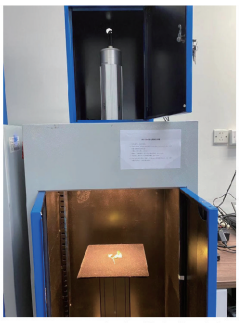
培养条件：昼温（25 ± 1）℃，夜温（15 ± 1）℃，相对湿度（70 ± 5）%，光周期白天 16 h、黑夜 8 h，光密度 350 μmol/（m^2·s）。

待幼苗长至两叶一心后，进入温度胁迫实验阶段。将幼苗的育苗温度分别设为 20℃（T1）、25℃（T2）和 30℃（T3），其中 T2 组为对照组。分别在第 1 天（d1）至第 21 天（d21），每天从每组幼苗中摘取 20 株油菜苗叶片，分别采用 Q285 型高光谱成像系统（德国 Cubert 公司）和 SOC710 SWIR 型高光谱成像系统（美国 SOC 公司）采集 450 ~ 998 nm 和 917 ~ 1 717 nm 的高光谱图像。以每株油菜苗所有冠层叶片的平均光谱作为冠层光谱，构建冠层光谱样本集，样本总数均为 1 260 个。其中，T1、T2、T3 组各 420 个。

1.2　高光谱数据采集

由于在可见光波段到近红外波段范围内，叶片光谱的反射特性与叶片生化组分的含量以及内部结构特性有关，不同波段能反映独特的理化性质。为了全面地获取油菜叶片光谱信息，本实验采用 Q285 型和 SOC710 SWIR 型两台高光谱成像系统分别采集油菜叶片 450 ~ 998 nm 和 917 ~ 1 717 nm 的高光谱图像。采集示意图如图 1 所示，叶片放置于黑色背景的载物台上，采集时关闭暗箱门，单个样本的总采集时间在 1 min 内。

其中，Q285 型高光谱成像系统的光谱范围为


(a) Q285型高光谱成像采集

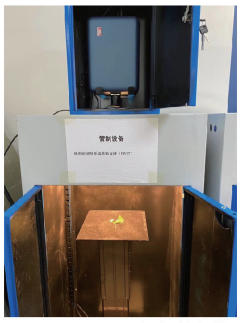

(b) SOC710 SWIR型高光谱成像采集

图 1 油菜叶片高光谱成像采集示意图

Fig. 1 Schematics of hyperspectral imaging acquisition of rape leaves

450 ~998 nm,光谱分辨率为 4 nm,镜头焦距 23 mm,像素分辨率为 1 000 像素 × 1 000 像素;SOC710 SWIR 型高光谱成像系统的光谱范围为 917 ~ 1 717 nm,光谱分辨率为 2.75 nm,镜头焦距 35 mm,像素分辨率为 640 像素 ×568 像素。

1.3 光谱预处理

1.3.1 感兴趣区域提取

由于高光谱图像采集系统采集的是整个视场范围内的图像,而感兴趣区域是叶片区域,因此需要对叶片和背景进行分割。从样本集中随机抽取 10 个样本,考虑到采集时背景均匀且不变,分别选取高光谱图像中背景区域和叶片区域 100 像素 × 100 像素,并分别求样本的背景区域和叶片区域的平均光谱,如图 2 所示。可以看出 10 个样本在同一波段内的光谱曲线相似,图 2a 中在 550 nm 和 750 nm 附近波段背景和叶片光谱曲线反射率差异较大,而图 2b 中 1 100 nm 附近波段背景和叶片光谱曲线反射率差异较大,故上述波长图像均可用于背景分割。

由于背景光谱反射率较小时,与叶边缘区分度较好,最终选择了 546 nm 和 1 121 nm 波长图像分别对 450 ~998 nm 波段和 917 ~1 717 nm 波段高光谱图像进行分割,对随机抽取样本中 1 号样本的分割结果如图 3 所示。由于不同叶片在同一波段内的光谱特性是相似的,故其余样本都选用上述波长图像进行图像二值化操作,提取波段范围下的感兴趣区域。

1.3.2 异常样本剔除

提取冠层叶片的平均光谱后,去除两端噪声波段,选择 498 ~ 950 nm 共 114 个波长和 939 ~ 1 681 nm 共 267 个波长进行分析,并依次进行 Savitzky - Golay 平滑、标准化和归一化处理。

为避免植株个体生长差异、仪器误差、测量环境变化、操作失误等原因产生的异常样本影响光谱分析结果,需要检测异常样本并根据实际情况予以保

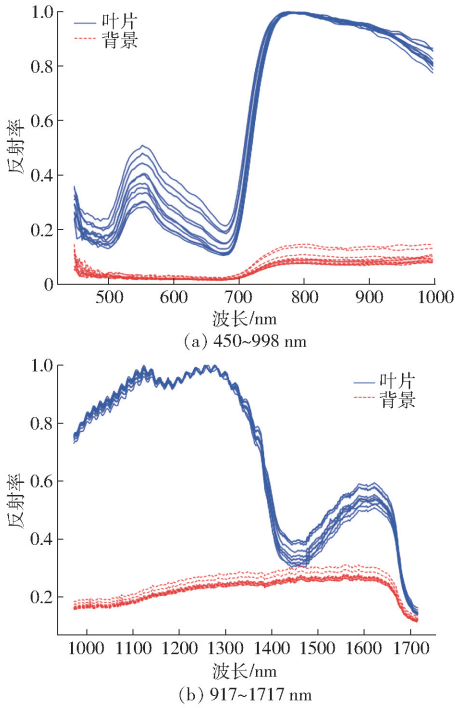


图 2 背景区域和叶片区域平均光谱曲线

Fig. 2 Mean spectra of background and leaf

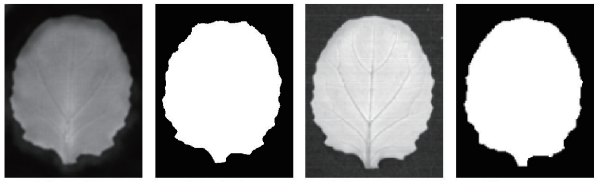

(a) 546 nm 灰度图 (b) 546 nm 二值化图 (c) 1121 nm 灰度图 (d) 1121 nm 二值化图

图 3 样本 1 的 546 nm 和 1 121 nm 波长图像灰度二值化图

Fig. 3 Image segmentation results of 546 nm and 1 121 nm image of sample 1

留或剔除。采用主成分-马氏距离法,根据 Dixon 准则或 Chauvenet 准则剔除异常样本。计算 T1、T2、T3 各组平均光谱与每个样本光谱的马氏距离,按马氏距离从小到大顺序排列;指定检出水平 $\alpha = 0.05$,剔除水平 $\alpha = 0.01$。首先分析各组光谱数据是否有明显异常,根据 Chauvenet 准则检出与平均光谱偏差在 95% 置信区间外的光谱。T1 组马氏距离分布情况如图 4 所示。检出异常样本为长至两叶一心后第 17 天的样本(图 4 中虚线所示),可能是这天的数据录入存在问题。

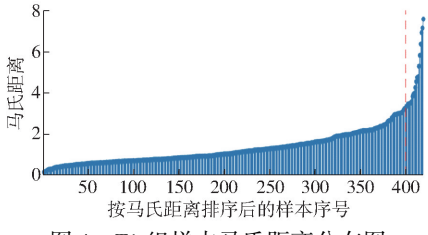


图 4 T1 组样本马氏距离分布图

Fig. 4 Mahalanobis distance distribution of T1

随后分析各天光谱数据,根据 Dixon 准则检出

与平均光谱偏差在 95% 置信区间外的光谱。长至两叶一心后第 1 天各组马氏距离分布情况如图 5 所示，未检出异常样本。类似地，依次检测其余 19 d 样本，均未检出异常样本。因此，最终有 20 d 样本用于特征提取和健壮苗识别研究，每天 60 个样本，T1、T2、T3 组各 20 个。

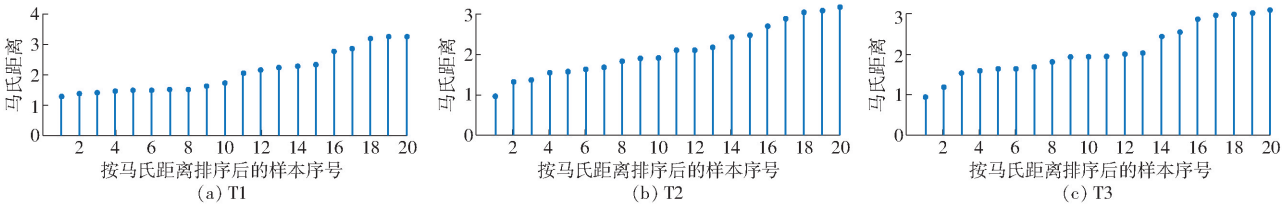


图 5　长至两叶一心后第 1 天样本马氏距离分布图

Fig. 5　Mahalanobis distance distributions at day 1 after two leaves and one heart

1.4　温度胁迫敏感波段提取

对光谱响应进行初步分析发现，在观测初期，叶片生长对冠层光谱的影响较大，故需要区分生长和温度胁迫的主要响应波段。按照观测时间将冠层光谱样本集划分为 d1 ~ d21 族，每族分为 T1、T2、T3 组。

1.4.1　基于光谱反射率的显著性分析

首先基于光谱反射率分析温度胁迫敏感波长，指定显著性水平 $\alpha = 0.05$，依次对 di 族 λ_j 波长反射率 $r(d_i, \lambda_j)$ 进行正态检验和方差齐性检验；若 3 组均满足正态或轻微偏态分布和方差齐性要求，采用单因素方差分析，否则采用 Mann - Whitney - Wilcoxon(MWW)检验，检验 $r(d_i, \lambda_j)$ 在 3 组之间是否存在显著差异；若单因素方差分析结果存在显著差异，采用 Student - Newman - Keuls(SNK)法进行多重比较，检验 3 组之间是否两两存在显著差异；若两两存在显著差异，则将 λ_j 作为 di 族温度胁迫敏感波长，并统计 d1 ~ d21 族 λ_j 出现的频数。

保留频数占总族数百分比不低于 75%，即频数不低于 16 的波长作为温度胁迫敏感波长，温度胁迫敏感波长分布情况如图 6 所示。因此，基于光谱反射率共提取 2 个温度胁迫敏感波段：554 ~ 714 nm、1 559 ~ 1 567 nm。

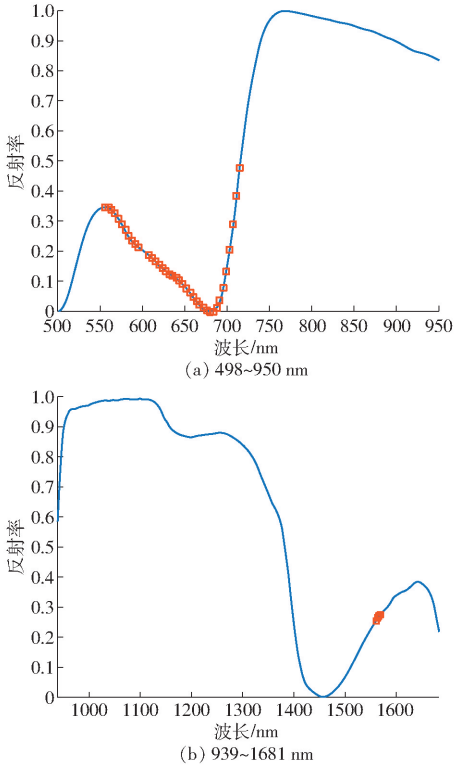


图 6　基于光谱反射率的显著性分析提取温度胁迫敏感波长分布图

Fig. 6　Distributions of temperature-stress-sensitive wavelength based on significance analysis of spectral reflectance

1.4.2　连续小波变换分析

连续小波变换(CWT)是一种自适应的时频分析方法，可以进行多分辨率分析，适合相似性检测和奇异性分析。其中，一维连续小波分析通过用缩放和平移操作的一系列小波函数与原始光谱信号卷积，对于小波函数 $\psi(t)$，连续小波变换公式为

$$\psi_{a,b}(\lambda) = \frac{1}{\sqrt{a}}\psi\left(\frac{\lambda - b}{a}\right) \tag{1}$$

$$w(a,b) = \int_{-\infty}^{\infty} x(\lambda)\frac{1}{\sqrt{a}}\psi\left(\frac{\lambda - b}{a}\right)\mathrm{d}\lambda \tag{2}$$

式中　$\psi_{a,b}(\lambda)$——连续小波基函数

λ——时刻

a——尺度因子

b——平移因子

$w(a, b)$——小波变换系数

$x(\lambda)$——连续平方可积函数

a 和 b 可连续取值，a 一般取整数，有别于二进制小波变换的取 2 整数幂。

采用 CWT 算法将冠层光谱在不同尺度下转换成一系列的小波系数，图 7 展示了分解尺度为 1、5、10、15、20 的小波系数图。低尺度的小波系数反映光谱图上局部峰谷变化，高尺度的小波系数极值发生偏移，反映光谱曲线变化趋势和相对变化程度。

本文选择 Marr 小波母函数，采用 1 ~ 50 连续的小波分解尺度，基于小波系数分析温度胁迫敏感波段。以 d1 族为例：

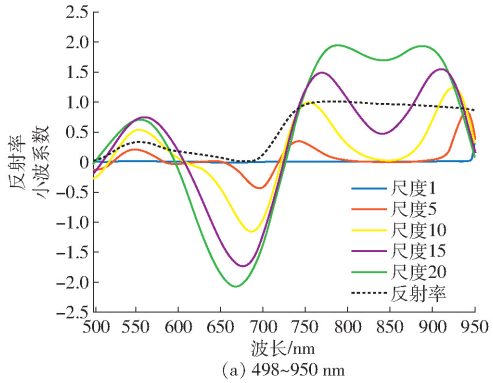


图 7 不同尺度小波变换系数分布图

Fig. 7 Wavelet coefficient among different scales

(1) 计算 d1 族光谱样本 1 ~ 50 分解尺度下的小波系数 $w(s_i,\lambda_j)$,其中 s_i 表示分解尺度,得到小波系数矩阵。采用单因素方差分析,检验 $w(s_i,\lambda_j)$ 在 d1 族 3 组之间是否存在显著差异,得到 P 值矩阵,如图 8 所示,P 值越大,灰度越高,差异越不显著。

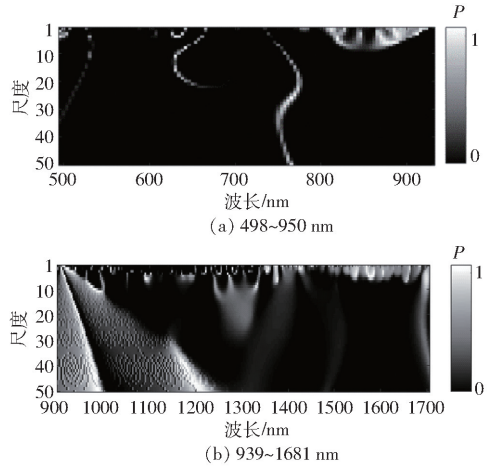


图 8 d1 族的 P 值矩阵灰度图

Fig. 8 Visualization of P-value in d1

(2)若存在显著差异,采用 SNK 法进行多重比较,检验 d1 族 3 组之间是否两两存在显著差异;若两两存在显著差异,则将 λ_j 作为 d1 族温度胁迫敏感波长,将 $w(s_i,\lambda_j)$ 作为 d1 族敏感小波系数。如图 9 所示,浅蓝色、橙色、黄色区域分别代表 3 次比较中有 1、2、3 次在 0.05 水平上显著。尤其是可见光波段各分解尺度下的小波系数两两比较几乎都存在显著差异,说明短期内温度胁迫主要影响可见光波段。

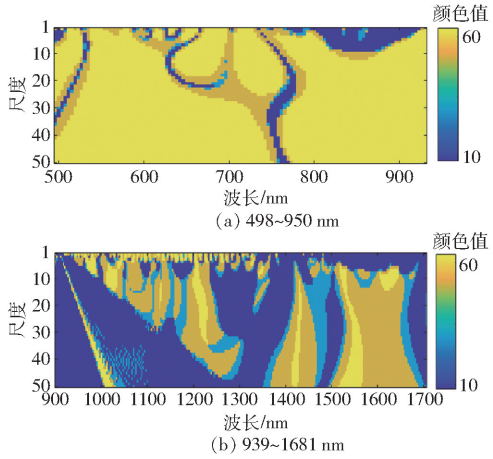


图 9 d1 族的敏感小波系数图

Fig. 9 Temperature-sensitive wavelet coefficient in d1

(3)类似地,依次对其余 20 族进行分析,统计 λ_j 出现的频数。保留频数不低于 16 的波长,作为温度胁迫敏感波长。基于连续小波变换提取的温度敏感波长分布情况如图 10 所示,此方法提取到的温度胁迫敏感波长仅在近红外波段。

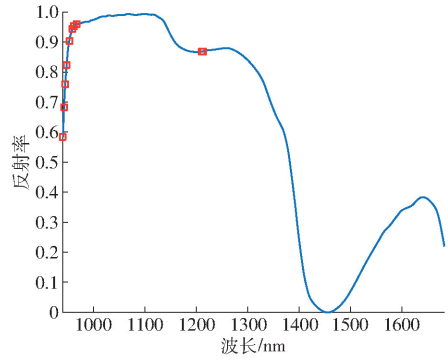


图 10 基于 CWT 提取的温度胁迫敏感波长分布图

Fig. 10 Distribution of temperature-stress-sensitive wavelength based on CWT

基于 CWT 算法共提取 2 个温度胁迫敏感波段:939 ~ 967 nm、1 210 ~ 1 213 nm。

因此,两种算法共提取 4 个温度胁迫敏感波段:554 ~ 714 nm、939 ~ 967 nm、1 210 ~ 1 213 nm 和 1 559 ~ 1 567 nm。将以上 4 个温度胁迫敏感波段,用于光谱特征提取算法研究。

1.5 光谱特征提取

1.5.1 样本集划分

油菜苗每隔一定时间生长出一片新叶,观测期间,油菜生长经历了从二叶期至五叶期的不同生长期,不同生长期具体的温度敏感特征可能不同。根据生长期将冠层光谱样本集划分为 C1、C2、C3、C4 族,分别对应二叶期至五叶期。样本集具体划分情

况如表 1 所示。

表 1　冠层光谱样本集划分

Tab. 1　Dataset of canopy spectra

样本集	育苗阶段	生长期	处理时间/d	样本数 T1	T2	T3	合计
C1	育苗期	二叶期	1 ~ 6	120	120	120	360
C2	育苗期	三叶期	7 ~ 9	60	60	60	180
C3	育苗期	四叶期	10 ~ 15	120	120	120	360
C4	移栽期	五叶期	16 ~ 21	100	100	100	300

1.5.2　基于 SPA 算法的特征波长提取

SPA 算法是在光谱中应用广泛的特征选择算法，通过迭代选取共线性低的波长组合来降低特征维度。首先将样本分为用于算法迭代过程和确定最优变量的两个子集；计算初始波长在其余波长上的投影，加入投影向量最大的波长，重复以上步骤直到迭代结束，建立基于波长组合的预测模型，采用均方根误差判断模型优劣。

采用 SPA 进行特征波长提取，以 C1 族为实例，指定特征波长数为 1 ~ 20，根据均方根误差筛选最优特征波长。优选过程中，均方根误差随特征波长数变化趋势如图 11 所示，当波长数大于 7 时，均方根误差随波长数的增加变化较小且稳定在较低值。SPA 优选特征波长如图 12 所示，筛选出 622、642、942、953、959、962、1 567 nm 共 7 个特征波长。SPA 一定程度上消除了各波长变量之间的共线性影响，提取的特征代表性较强。

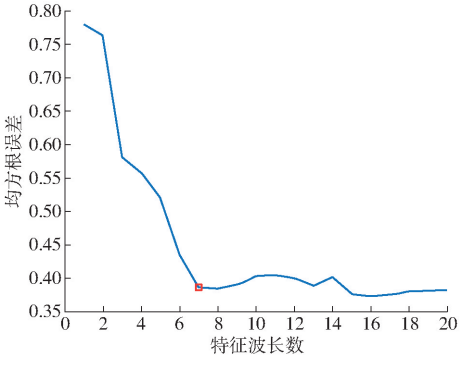


图 11　SPA 特征波长优选过程中均方根误差变化曲线

Fig. 11　Changes of root mean square error during selecting characteristic wavelength by SPA

类似地，提取 C2 ~ C4 族特征波长，具体结果如表 2 所示。

1.5.3　基于 CWT - SDA 算法的小波特征提取

以 C1 族为例，进行 CWT 处理，算法见 1.4.2 节。考虑到低尺度的小波系数容易受到噪声的影响，最终选择尺度不低于 5、波长分布在温度敏感波段内的小波系数。同时为避免特征个数较多和特征间相关性较强，导致矩阵求逆的精度下降，所建判别函数

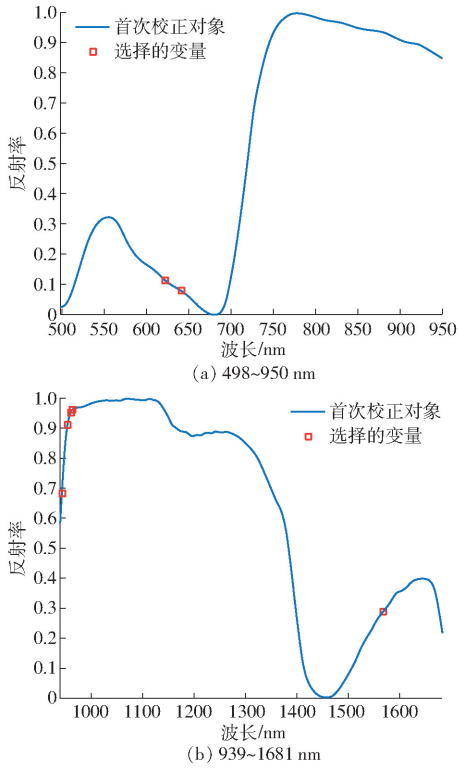


图 12　基于 SPA 算法优选的特征波长

Fig. 12　Selected wavelengths by SPA algorithm

表 2　C1 ~ C4 特征波长

Tab. 2　Characteristic wavelength of C1 ~ C4

样本集	个数	特征波长/nm
C1	7	622、642、942、953、959、962、1 567
C2	6	662、698、714、1 213、1 559、1 567
C3	7	598、626、939、950、956、1 561、1 567
C4	7	554、578、674、948、1 213、1 561、1 567

不稳定的问题，本文采用 SDA 算法筛选小波特征，寻找合适的特征子集。

SDA 算法是一种迭代筛选变量的方法，通过逐个加入变量，达到筛选有效变量的目的，同时得到判别系数和常数。逐步判别分析对判别变量附加信息的检验采用 Λ 统计量，公式为

$$\Lambda = \frac{|\boldsymbol{W}|}{|\boldsymbol{T}|} \tag{3}$$

式中　$\boldsymbol{W}$——组内离差矩阵

　　$\boldsymbol{T}$——总离差矩阵

设已知 m 个总体，相应抽出样本 n 个，观测 p 个指标，$x_{k,j}^{(\alpha)}$ 为 $\alpha(\alpha = 1,2,\cdots,m)$ 组第 $k(k = 1,2,\cdots,n)$ 个样本的第 $j(j = 1,2,\cdots,p)$ 个变量，组均值为 $\overline{X}(\alpha)$，总均值为 $\overline{X}$，则 $\boldsymbol{W}$ 和 $\boldsymbol{T}$ 的计算公式为

$$\boldsymbol{W} = \sum_{\alpha=1}^{m}\sum_{i=1}^{n_\alpha}(\boldsymbol{x}_i(\alpha) - \overline{\boldsymbol{X}}(\alpha))^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{x}_i(\alpha) - \overline{\boldsymbol{X}}(\alpha)) \tag{4}$$

$$\boldsymbol{T} = \sum_{\alpha=1}^{m}\sum_{i=1}^{n_\alpha}(\boldsymbol{x}_i(\alpha) - \overline{\boldsymbol{X}})^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{x}_i(\alpha) - \overline{\boldsymbol{X}}) \tag{5}$$

式中 n_α——各组样本总数

类似地,提取 C2 ~ C4 族的小波特征,具体结果如表 3 所示。

表 3 C1 ~ C4 小波特征

Tab. 3 Wavelet coefficient of C1 ~ C4

样本集	个数	小波特征
C1	3	$w(8,967)$、$w(10,1\,210)$、$w(12,1\,213)$
C2	4	$w(5,956)$、$w(6,959)$、$w(8,962)$、$w(10,967)$
C3	3	$w(7,1\,210)$、$w(13,1\,213)$、$w(25,1\,559)$
C4	4	$w(23,714)$、$w(9,967)$、$w(6,1\,564)$、$w(7,1\,567)$

1.6 建模分析方法

1.6.1 Fisher 线性判别

本文采用 Fisher 判别器作为分类模型进行三分类,即分为 T1、T2、T3 组。Fisher 分类器是一种结构简单的线性有监督分类模型,以类内散度最小而类间散度最大作为准则进行投影降维,其对噪声有着良好的鲁棒性。对于本文所用到的 Fisher 线性判别,样本类内散度矩阵、样本类间散度矩阵和最大化目标分别定义为

$$\boldsymbol{S}_\omega = \sum_{i=1}^{3} \sum_{\boldsymbol{x} \in \boldsymbol{C}_i} (\boldsymbol{x} - \boldsymbol{\mu}_i)(\boldsymbol{x} - \boldsymbol{\mu}_i)^{\mathrm{T}} \tag{6}$$

$$\boldsymbol{S}_b = \sum_{i=1}^{3} m_i (\boldsymbol{\mu}_i - \boldsymbol{\mu})(\boldsymbol{\mu}_i - \boldsymbol{\mu})^{\mathrm{T}} \tag{7}$$

$$J(\omega) = \frac{\boldsymbol{\omega}^{\mathrm{T}} \boldsymbol{S}_b \boldsymbol{\omega}}{\boldsymbol{\omega}^{\mathrm{T}} \boldsymbol{S}_\omega \boldsymbol{\omega}} \tag{8}$$

式中 $\boldsymbol{C}_i$、$\boldsymbol{\mu}_i$——第 i 类的样本集合、均值

m_i——第 i 类的样本个数

$\boldsymbol{\mu}$——这 3 个类全部样本的均值

$\boldsymbol{\omega}$——需要求解的投影超平面

可以通过特征值分解,取前 d 个对应的特征向量求解,从而将 N 维样本映射到 d 维进行分类。

1.6.2 模型评价

本文采用各样本集(C1、C2、C3、C4 族)总体分类准确率对识别模型进行评价,以 C1 族为例,将样本划分成 5 个相等的子集(每个子集 72 个样本),每次取 4 个子集作为训练集,余下的子集作为测试集,采用无放回随机抽样的 5 折交叉验证法进行模型训练和测试,5 次分类准确率的平均值作为模型总体分类准确率。其中,在识别健壮苗时,T2 组(25℃)作为正常幼苗样本,T1 组(20℃)和 T3 组(30℃)分别作为轻度低温胁迫和轻度高温胁迫幼苗样本。

2 结果与分析

2.1 分类基线模型

分别对基于 SPA 算法提取的特征波长和 CWT - SDA 算法提取的小波特征,使用 Fisher 判别模型,构建基线模型,初步评价特征波长区分轻度低温、轻度高温和正常温度下生长的油菜苗的能力。

两种模型的分类准确率如表 4、5 所示。

表 4 SPA 算法优选波长在 Fisher 判别模型下的温度胁迫检测结果

Tab. 4 Classification accuracy of temperature stress diagnosis based on Fisher discriminant model with characteristic wavelengths selected by SPA

样本集	分类准确率/%			
	T1	T2	T3	总体
C1	86.67	75.00	66.67	76.11
C2	91.67	83.33	88.33	87.78
C3	97.50	87.50	90.00	91.67
C4	91.00	76.00	90.00	85.67

表 5 CWT - SDA 优选小波特征在 Fisher 判别模型下的温度胁迫检测结果

Tab. 5 Classification accuracy of temperature stress diagnosis based on Fisher discriminant model with wavelet coefficient selected by CWT - SDA

样本集	分类准确率/%			
	T1	T2	T3	总体
C1	83.33	76.67	78.33	79.44
C2	91.67	80.00	91.67	87.78
C3	100	89.17	85.83	91.67
C4	94.00	79.00	90.00	87.67

分析两个模型的分类准确率表明:SPA - Fisher 模型和 CWT - SDA - Fisher 模型的各生长期平均总体分类准确率分别为 85.31% 和 86.64%,后者的模型准确率和稳定性略优;T1 组和 T3 组分类准确率随胁迫时间增长提高,说明温度胁迫造成的累积光谱响应差异逐渐明显;T1 组分类准确率高于 T3 组,说明低温胁迫响应更易被区分,尤其是 C1 族 T1 组的分类准确率显著高于 T3 组,叶片生长初期对低温更加敏感。

2.2 分类模型优化

2.2.1 波段特征提取方法

由于 SPA 和 CWT - SDA 算法提取的光谱特征在 4 个温度敏感波段均有分布(图 6 和图 10),其中 554 ~ 714 nm 存在多个波长相邻分布情况。相邻波长往往具有较强的相关性,易导致特征冗余。本文通过进一步提取波段特征,减少特征冗余,进而提升模型稳定性。

如图 13 所示,长至两叶一心后以不同温度处理 2 d 后的 554 ~ 714 nm 平均光谱曲线为例,不同温度处理组的冠层光谱 554 ~ 714 nm 光谱曲线形状相似,表现出绿色作物特有的绿峰-红谷-红边特征,但不同温度处理下绿峰、红边蓝移、红移速度不同,绿

峰峰值下降的程度也不同，导致了 680 nm 附近红谷曲率不同。因此，对 554 ~ 680 nm 分段提取波段 *MA* 曲线面积和波段 *CN* 正切特征值 tanθ 两种特征，以更好地描述各组光谱曲线的差异。

(1)提取 554 ~ 714 nm 波段范围内小波系数曲线的过零点。如图 14b 局部图所示，分别设置：*A*，582 nm；*B*，630 nm；*C*，646 nm。并设置：*M*，554 nm；*N*，714 nm。进一步提取 *MA* 和 *CN* 波段特征。

(2)采用 3 阶多项式拟合 *CN*。如图 15 所示，为避免边界点噪声，各向内取一个点，计算 *C*′、*N*′处切线，*C*′、*N*′与切线交点 *O* 构成的夹角 $\angle C'ON'$ 为 *CN* 的特征角，$\angle C'ON'$ 角度的正切值为 *CN* 的波段特征 tanθ。

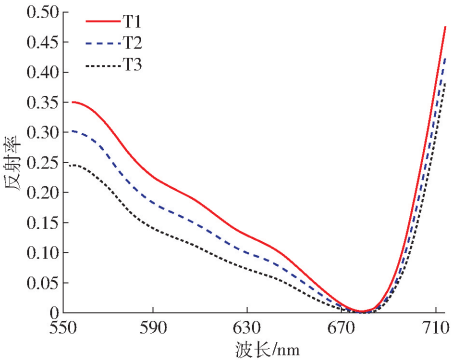
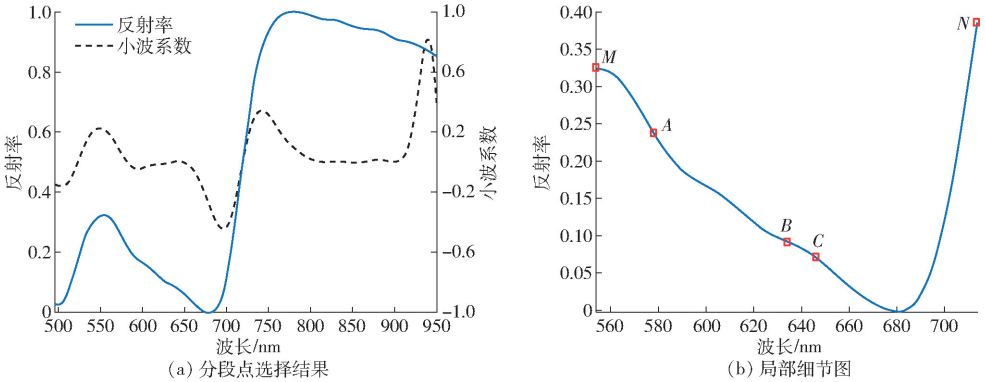


图 13　长至两叶一心后以不同温度处理 2 d 后的 554 ~ 714 nm 平均光谱曲线

Fig. 13　Spectra between 554 nm and 714 nm at 2 d after two leaves and one heart different temperature treatment



(a) 分段点选择结果　　(b) 局部细节图

图 14　分段点选择结果

Fig. 14　Diagrams of segment point selection

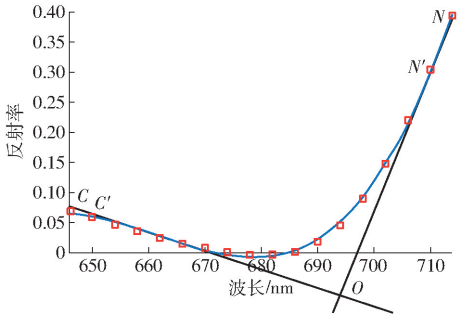


图 15　波段特征 tanθ 示意图

Fig. 15　Band characteristic of tanθ

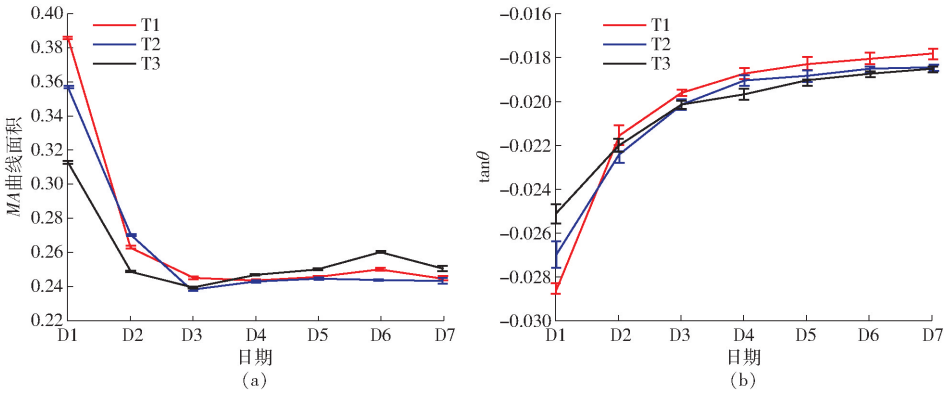
(3)采用3阶多项式拟合*MA*，计算*MA*曲线面积，作为 *MA* 的波段特征。

2.2.2　光谱特征演化规律

以 3 d 为间隔，将观测日期划分为 D1 ~ D7，则 D1 ~ D5 为育苗期，D6、D7 为移栽期。对每一个特征进行测试，衡量该特征和分类值之间的关系，综合考虑显著性分析结果与单特征分类结果，筛选出以下特征，进一步分析特征均值演化规律。

(1)554 ~ 714 nm 波段特征

MA 曲线面积变化趋势如图 16a 所示。从图中可以看出，随观测期推移，曲线面积先下降后稳定，稳定后从大到小依次为 T3、T1、T2。tanθ 变化趋势



(a)　　(b)

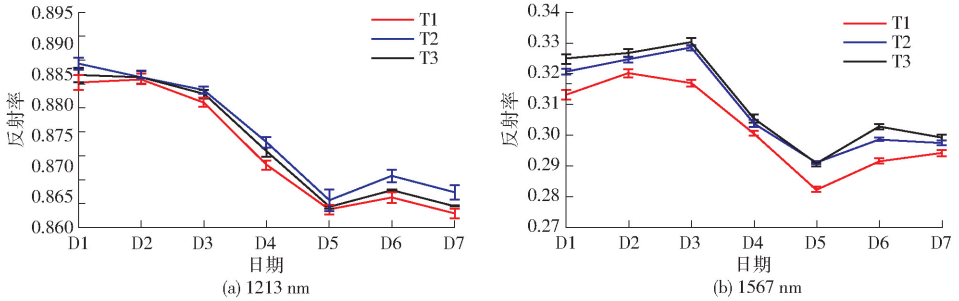
图 16　*MA* 曲线面积和 tanθ 随观测期变化曲线

Fig. 16　Trend of curve area at *MA* and tanθ with observation period

如图 16b 所示。从图中可以看出,随观测期推移,tanθ 先上升后稳定,稳定后从大到小依次为 *T*1、T2、T3,与红谷附近曲率有关,反映了绿峰、红边蓝移、红移速度和绿峰峰值下降程度的差异。

(2)特征波长

1 213 nm 光谱反射率变化趋势如图 17a 所示。从图中可以看出:随观测期推移,1 213 nm 反射率先下降后稳定,稳定后从大到小依次为 T2、T3、T1。1 567 nm 光谱反射率变化趋势如图 17b 所示。从图中可以看出:随观测期推移,1 567 nm 反射率呈现先下降后稳定,稳定后从大到小依次为 T3、T2、T1。



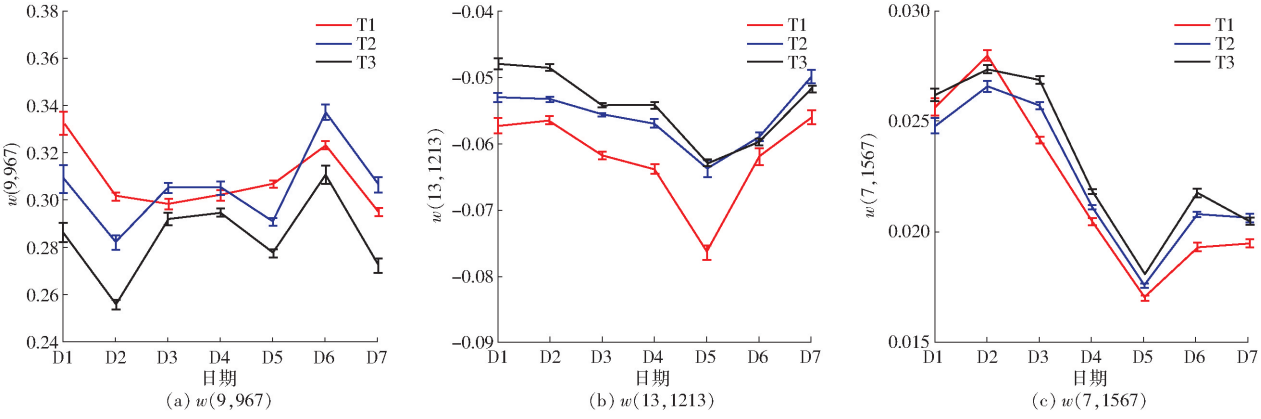
(a) 1213 nm (b) 1567 nm

图 17 1 213 nm 和 1 567 nm 反射率随观测期变化曲线

Fig. 17 Trend of reflectance at 1 213 nm and 1 567 nm with observation period

(3)小波特征

$w(9, 967)$ 变化趋势如图 18a 所示,不同观测期内,$w(9, 967)$ 分布区间在 3 组间不重叠,移栽期时从大到小依次为 T2、T1、T3。$w(13, 1213)$ 变化趋势如图 18b 所示,随观测期推移,$w(13, 1213)$ 先下降后上升,移栽期时从大到小依次为 T2、T3、T1。$w(7, 1567)$ 变化趋势如图 18c 所示,随观测期推移,$w(7, 1567)$ 先下降后稳定,移栽期时 T1 组明显小于 T2、T3 组。



(a) $w(9,967)$ (b) $w(13,1213)$ (c) $w(7,1567)$

图 18 $w(9, 967)$、$w(13, 1213)$ 和 $w(7, 1567)$ 随观测期变化曲线

Fig. 18 Trend of $w(9, 967)$, $w(13, 1213)$ and $w(7, 1567)$ with observation period

2.3 受温度胁迫的健壮苗识别模型

基于以上 7 个特征,即 554 ~ 714 nm 波段 *MA* 曲线面积、tanθ,1 213 nm 和 1 567 nm 处反射率,以及小波特征 $w(9, 967)$、$w(13, 1213)$ 和 $w(7, 1567)$,建立多特征融合的 Fisher 判别模型,采用无放回随机抽样的 5 折交叉验证方法进行模型建立和验证,5 次分类准确率的平均值作为模型总体分类准确率,如表 6 所示。

结果表明:多特征融合的 Fisher 判别模型平均分类准确率为 88.68%,优于 SPA - Fisher 和 CWT - SDA - Fisher 模型,在生长期 C2(即三叶期)时达到最佳检测准确率,为 95.56%;多特征融合的 Fisher 判别模型显著提高了各生长期的 T1 组分类准确率,各生长期均达到 90% 以上。同时发现 554 ~ 714 nm 波段特征和特征波长在育苗期的演化曲线呈现一定的规律性,曲线特征对于胁迫检测的效果有一定提升。

表 6 多特征融合在 Fisher 判别模型下的温度胁迫检测结果

Tab. 6 Classification accuracy of temperature stress diagnosis based on Fisher discriminant model with multi-feature fusion

样本集	分类准确率/%			
	T1	T2	T3	总体
C1	91.67	75.00	66.67	77.78
C2	95.00	95.00	96.67	95.56
C3	98.33	91.67	89.17	93.06
C4	95.00	80.00	90.00	88.33

3　结束语

利用高光谱成像技术对油菜幼苗进行温度胁迫检测，筛选出 554 ~ 714 nm 波段 *MA* 曲线面积、正切特征值 tanθ、1 213 nm 和 1 567 nm 处反射率以及小波特征 $w(9,967)$、$w(13,1\,213)$、$w(7,1\,567)$共 7 个特征，建立了多特征融合的温度胁迫 Fisher 判别模型。结果表明，该模型平均分类准确率为 88.68%，优于 SPA - Fisher 和 CWT - SDA - Fisherm 模型的分类效果，多特征融合的 Fisher 判别模型显著提高了各生长期的 T1 组分类准确率。同时发现，554 ~ 714 nm 波段特征和特征波长在育苗期的演化曲线呈现一定的规律性，且低温胁迫检测效果较好、胁迫响应更易被区分。综合考虑各模型不同生长期的检测效果，发现三叶期是较适合进行温度胁迫检测的时期。

参　考　文　献

[1] 陈莎莎. 长江流域油菜生产规模效益研究[D]. 武汉：华中农业大学, 2017.

[2] DEO P M, BISWAL B. Response of senescing cotyledons of clusterbean to water stress in moderate and low light: possible photoprotective role of β-carotene[J]. Physiologia Plantarum, 2001, 112(1): 47 - 54.

[3] QADERI M M, BASRAON N K, CHINNAPPA C C, et al. Combined effects of temperature, ultraviolet-B radiation, and watering regime on growth and physiological processes in canola (*Brassica napus*) seedlings[J]. International Journal of Plant Sciences, 2010, 171(5): 466 - 481.

[4] 要旭阳. 光温调控对植物工厂油菜幼苗生长的影响[D]. 南京：南京农业大学, 2016.

[5] MEZA-BASSO L, ALBERDI M, RAYNAL M, et al. Changes in protein synthesis in rapeseed (*Brassica napus*) seedlings during a low temperature treatment[J]. Plant Physiology, 1986, 82(3): 733 - 738.

[6] KUBACKA-ZEBALSKA M, KACPERSKA A. Low temperature-induced modifications of cell wall content and polysaccharide composition in leaves of winter oilseed rape (*Brassica napus* L. var. *oleifera* L.) [J]. Plant Science, 1999, 148(1): 59 - 67.

[7] TIAN T, WU L, HENKE M, et al. Modeling allometric relationships in leaves of young rapeseed (*Brassica napus* L.) grown at different temperature treatments[J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 313.

[8] 张国平, 周伟军. 作物栽培学[M]. 2 版. 杭州：浙江大学出版社, 2016.

[9] 曹英丽, 林明童, 郭忠辉, 等. 基于 Lab 颜色空间的非监督 GMM 水稻无人机图像分割[J/OL]. 农业机械学报, 2021, 52(1): 162 - 169.
CAO Yingli, LIN Mingtong, GUO Zhonghui, et al. Unsupervised GMM for rice segmentation with UAV images based on Lab color space[J/OL]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, 52(1): 162 - 169. http://www.j-csam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx? flag=1&file_no=20210118&journal_id=jcsam. DOI:10.6041/j.issn.1000-1298.2021.01.018. (in Chinese)

[10] GHOSAL S, BLYSTONE D, SINGH A K, et al. An explainable deep machine vision framework for plant stress phenotyping[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2018, 115(18): 4613 - 4618.

[11] 刘锴, 习岗, 贺瑞瑞, 等. 渗透胁迫下玉米叶片电位波动边际谱的变化与意义[J]. 农业工程学报, 2017, 33(1): 199 - 205.
LIU Kai, XI Gang, HE Ruirui, et al. Changes and significance of marginal spectrum on maize leaves potential fluctuations under osmotic stress[J]. Transactions of the CSAE, 2017, 33(1): 199 - 205. (in Chinese)

[12] POUND M P, ATKINSON J A, WELLS D M, et al. Deep learning for multi-task plant phenotyping[C]// Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision Workshops, 2017: 2055 - 2063.

[13] AMIGO J M, MARTÍ I, GOWEN A. Data handling in science and technology[M]. Elsevier, 2013.

[14] BEHMANN J, MAHLEIN A K, PAULUS S, et al. Generation and application of hyperspectral 3D plant models[C]// European Conference on Computer Vision, 2014: 117 - 130.

[15] FIORANI F, RASCHER U, JAHNKE S, et al. Imaging plants dynamics in heterogenic environments[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2012, 23(2): 227 - 235.

[16] 雷雨, 韩德俊, 曾庆东, 等. 基于高光谱成像技术的小麦条锈病病害程度分级方法[J/OL]. 农业机械学报, 2018, 49(5): 226 - 232.
LEI Yu, HAN Dejun, ZENG Qingdong, et al. Grading method of disease severity of wheat stripe rust based on hyperspectral imaging technology[J/OL]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2018, 49(5): 226 - 232. http://www.j-csam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx? flag=1&file_no=20180526&journal_id=jcsam. DOI:10.6041/j.issn.1000-1298.2018.05.026. (in Chinese)

[17] BAURIEGEL E, GIEBEL A, GEYER M, et al. Early detection of Fusarium infection in wheat using hyper-spectral imaging[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2011, 75(2): 304 - 312.

[18] LARA M, LLEÓ L, DIEZMA-IGLESIAS B, et al. Monitoring spinach shelf-life with hyperspectral image through packaging films[J]. Journal of Food Engineering, 2013, 119(2): 353 - 361.

(下转第 276 页)

Proceedings of the 2018 Conference on Empirical Methods in Natural Language Processing, 2018: 2830 - 2836.
[17] DAI D, XIAO X, LYU Y, et al. Joint extraction of entities and overlapping relations using position-attentive sequence labeling [J]. Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence, 2019, 33(1): 6300 - 6308.
[18] YU B, ZHANG Z, SHU X, et al. Joint extraction of entities and relations based on a novel decomposition strategy[J]. arXiv preprint arXiv:1909.04273, 2019.
[19] DEVLIN J, CHANG M W, LEE K, et al. Bert: pre-training of deep bidirectional transformers for language understanding[C]// Proceedings of the 2019 Conference of the North American Chapter of the Association for Computational Linguistics: Human Language Technologies, 2019: 4171 - 4186.
[20] ZHANG Yue, YANG Jie. Chinese NER using lattice LSTM[C]// Proceedings of the 56th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics (Volume 1: Long Papers), 2018: 1554 - 1564.
[21] 赵鹏飞,赵春江,吴华瑞,等. 基于注意力机制的农业文本命名实体识别[J/OL]. 农业机械学报,2021,52(1):185 - 192. ZHAO Pengfei, ZHAO Chunjiang, WU Huarui, et al. Named entity recognition of Chinese agricultural text based on attention mechanism[J/OL]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, 52(1): 185 - 192. http://www.j-csam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx? file_no = 20210121&flag = 1. DOI: 10.6041/j.issn.1000-1298.2021.01.021. (in Chinese)
[22] LI Xiaoya, FENG Jingrong, MENG Yuxian, et al. A unified MRC framework for named entity recognition[C]// Proceedings of the 58th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics, 2020: 5849 - 5859.
[23] 刘建伟,赵会丹,罗雄麟,等. 深度学习批归一化及其相关算法研究进展[J]. 自动化学报,2020,46(6):1090 - 1120. LIU Jianwei, ZHAO Huidan, LUO Xionglin, et al. Research progress on batch normalization of deep learning and its related algorithms[J]. Acta Automatica Sinica, 2020, 46(6): 1090 - 1120. (in Chinese)
[24] BA J L, KIROS J R, HINTON G E. Layer normalization[J]. arXiv preprint arXiv:1607.06450, 2016.
[25] IOFFE S, SZEGEDY C. Batch normalization: accelerating deep network training by reducing internal covariate shift[C]// International Conference on Machine Learning. PMLR, 2015: 448 - 456.
[26] DE V H, STRUB F, MARY J, et al. Modulating early visual processing by language[C]// Proceedings of the 31st International Conference on Neural Information Processing Systems, 2017: 6597 - 6607.
[27] AKKASI A, VAROLU E, DIMILILER N. Balanced undersampling: a novel sentence-based undersampling method to improve recognition of named entities in chemical and biomedical text[J]. Applied Intelligence, 2017, 48(4): 1 - 14.
[28] LIN T Y, GOYAL P, GIRSHICK R, et al. Focal loss for dense object detection[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2020, 42(2): 318 - 327.

(上接第 241 页)

[19] LEE M, HUANG Y, YAO H, et al. Effects of sample storage on spectral reflectance changes in corn leaves excised from the field[J]. Journal of Agricultural Science, 2014, 6(8): 214.
[20] XIE C, SHAO Y, LI X, et al. Detection of early blight and late blight diseases on tomato leaves using hyperspectral imaging [J]. Scientific Reports, 2015, 5(1): 1 - 11.
[21] ASAARI M S M, MISHRA P, MERTENS S, et al. Close-range hyperspectral image analysis for the early detection of stress responses in individual plants in a high-throughput phenotyping platform[J]. ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing, 2018, 138(4): 121 - 138.
[22] THOMAS S, KUSKA M T, BOHNENKAMP D, et al. Benefits of hyperspectral imaging for plant disease detection and plant protection: a technical perspective[J]. Journal of Plant Diseases and Protection, 2018, 125(1): 5 - 20.
[23] LIU Z, QI J, WANG N, et al. Hyperspectral discrimination of foliar biotic damages in rice using principal component analysis and probabilistic neural network[J]. Precision Agriculture, 2018, 19(6): 973 - 991.
[24] SENA F, SOTELO-SILVEIRA M, ASTRADA S, et al. Spectral phasor analysis reveals altered membrane order and function of root hair cells in Arabidopsis dry2/sqe1 - 5 drought hypersensitive mutant[J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2017, 119(4): 224 - 231.
[25] PIAZZOLLA F, AMODIO M L, COLELLI G. Spectra evolution over on-vine holding of Italia table grapes: prediction of maturity and discrimination for harvest times using a Vis - NIR hyperspectral device[J]. Journal of Agricultural Engineering, 2017, 48(2): 109 - 116.
[26] SUN C, LI C, ZHANG C, et al. Reflectance and biochemical responses of maize plants to drought and re-watering cycles[J]. Annals of Applied Biology, 2018, 172(3): 332 - 345.