doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2023.09.029

基于高光谱的水稻稻曲病早期监测研究

谢亚平　仝晓刚　王晓慧
(太原工业学院电子工程系, 太原 030008)

摘要: 为了快速、精准地感知水稻稻曲病的发生,实现稻曲病大面积早期监测,利用机载 UHD185 高光谱仪采集带有发病区域的多组水稻冠层高光谱图像数据,对图像数据进行预处理并建立数据集。对健康区域和发病区域进行分类训练,建立支持向量机(SVM)识别模型和主成分分析(PCA)加人工神经网络(ANN)的识别模型,通过验证样本来检验识别模型的准确性,达到识别发病水稻的目的。支持向量机识别模型选用两组特征波长下的假彩色图像:第 1 组波长组合(TZH1)为 654、838、898 nm;第 2 组波长组合(TZH2)为 630、762、806 nm,两组数据的错分误差/漏分误差总体分别达到 4.24% 和 5.41%;其中 S 型核函数的 SVM 模型诊断性能最好,总体分类精度最高可达到 95.64%,Kappa 系数可达到 0.94,基本达到了准确识别水稻稻曲病的目的。主成分分析加人工神经网络的识别模型选用前 3 个主成分,贡献率分别为 93.67%、2.80%、1.24%,作为最优波长建立人工神经网络识别模型;其中非线性分类的效果优于线性分类的效果,总体分类精度达到了 96.41%,Kappa 系数可达到 0.95。通过两个实验组数据的支持向量机诊断结果可知,使用支持向量机识别模型分类精度整体平稳,4 种核函数的诊断效果没有比较明显的差异。就总体分类精度而言,主成分分析加人工神经网络识别模型中的非线性分类比支持向量机识别模型的 S 型核函数分类高 0.77 个百分点。因此,主成分分析加人工神经网络模型的非线性分类更适用于水稻稻曲病的早期监测。

关键词: 稻曲病; 高光谱; 支持向量机; 主成分分析; 人工神经网络
中图分类号: S432.4^{+}4　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2023)09-0288-09　　**OSID**:

Early Monitoring of Rice Koji Disease Based on Hyperspectroscopy

XIE Yaping　TONG Xiaogang　WANG Xiaohui
(*Department of Electronic Engineering*, *Taiyuan Institute of Technology*, *Taiyuan* 030008, *China*)

Abstract: In order to detect the occurrence of rice koji disease quickly and accurately, and realize the early monitoring of rice koji disease in a large area, the airborne UHD185 hyperspectrometer was used to collect multiple sets of rice canopy hyperspectral image data with the disease area, and the image data was preprocessed to establish data sets. The classification training of healthy and diseased areas was carried out, and the recognition model of support vector machine (SVM) and principal component analysis (PCA) plus artificial neural network (ANN) was established to identify diseased rice, and the accuracy of the recognition model was verified by validating the samples. The support vector machine recognition model selected false color images under two sets of feature wavelengths. The first group of wavelength combination (TZH1) was 654 nm, 838 nm and 898 nm, and the second wavelength combination (TZH2) was 630 nm, 762 nm and 806 nm. The total commission error/omission error of the two sets of data reached 4.24% and 5.41%, respectively. Among them, the SVM model of the S-type kernel function had the best diagnostic performance, and the overall classification accuracy could reach 95.64% and the Kappa coefficient was 0.94, which basically achieved the purpose of accurately identifying rice disease areas. The recognition model of principal component analysis plus artificial neural network used the first three principal components, and the contribution rates were 93.67%, 2.80% and 1.24%, respectively, which were used as the optimal wavelength to establish the ANN recognition model. In the classification results, the nonlinear classification was better than the linear classification, the overall classification accuracy was 96.41% and the Kappa coefficient was 0.95. The results showed

收稿日期: 2022-10-20　修回日期: 2022-12-06
基金项目: 山西省教育厅科技创新项目(2020L0630)和山西省高等学校科技创新项目(2020L0673)
作者简介: 谢亚平(1990—),女,讲师,主要从事农作物病害和图像处理与模式识别研究,E-mail: 1216316685@qq.com

that through the diagnostic results of the support vector machine in the data of the two experimental groups, it can be seen that the classification accuracy of the recognition model using the support vector machine was stable overall, and there was no obvious difference in the diagnostic effect of the four kernel functions. In terms of overall classification accuracy, the nonlinear classification in the principal component analysis plus artificial neural network recognition model was 0.77 percentage points higher than that of the S-type kernel function classification of the support vector machine recognition model. Therefore, the nonlinear classification model in principal component analysis plus artificial neural network model was more suitable for early monitoring of rice koji disease.

Key words: rice koji disease; hyperspectroscopy; support vector machine; principal component analysis; artificial neural networks

0　引言

近年来，稻曲病的发生范围和危害有逐年上升趋势，已成为水稻主要病害。病害不仅直接导致水稻产量减少，而且使水稻的品质严重降低，甚至会引发食品安全事故[1-2]。防治病害的传统方法是喷洒农药，但是这种方法既费时又费力，且不可能实时大面积地监测水稻发病区域和严重程度。

高光谱成像作为一种融合图像处理和光谱学的信息获取技术，能同时获取目标的图像信息和光谱信息，从而更直观表达目标的特征[3]。目前，已经有很多学者将高光谱技术应用在农作物病害检测方面并做了大量研究[4-12]，这些农作物主要包括水稻[13-14]、小麦[15]、黄瓜[16-18]等。曹益飞等[19]利用高光谱成像装置选取 450～900 nm 的水稻叶片作为样本，提出将光谱分形维数作为定量描述水稻白叶枯病害的监测光谱指数，实现对白叶枯病害的监测。梁栋等[20]利用高光谱成像技术区分冬小麦白粉病与条锈病，得到识别白粉病的敏感波长为 519、643、696、764、795、813 nm，条锈病的敏感波长为 494、630、637、698、755、805 nm。雷雨等[21]提出了一种基于高光谱成像技术的小麦条锈病病害程度分级方法，正确率达 98.15%。秦立峰等[22]通过温室黄瓜早期霜霉病高光谱图像数据，选取特征波长，建立了黄瓜霜霉病早期检测模型，对染病 2 d 到发病 12 d 的黄瓜均能取得 100% 的检测识别率；对染病 1 d 的黄瓜检测识别率达到 95.83%。刘莉等[23]利用近红外梨叶片的高光谱数据能够有效识别炭疽病与黑斑病。

高光谱成像技术是一种能够获得目标对象三维信息的成像方法，包括二维图像信息和一维光谱信息，图像信息能够反映目标物质大小、形状和缺陷等外部特征，光谱信息能够反映目标物质的内部物理、化学成分，从而实现物质的识别[24]。植物叶片的光学特征参数是在各种生物和非生物胁迫下监测植物生长状况的重要参数，不同植物的生理组分不同，这可以直接表征在光谱维上，体现出很明显的光谱差异性，植物受到病害侵袭后，会改变其内部的结构和生物化学特性，在外形上会表现出一定程度的叶片发黄、枯萎、凋零等现象，同时其光谱特征也会随着变化，而且这种变化间接反映了植物在病害胁迫下的生理特性，因此可以根据光谱的差异来监测植物的生长状况[25]。本文使用 450～998 nm 原始反射光谱，通过对光谱特征数据分析和主成分分析，选出特征波长，建立两种识别水稻稻曲病的模型，分别为支持向量机（SVM）识别模型和主成分分析（PCA）加人工神经网络（ANN）识别模型，并检验两种识别模型的准确性，为水稻稻曲病的早期监测提供理论依据与技术基础。

1　数据采集与处理

1.1　实验地点

本研究的实验地点为浙江省杭州市水稻田，该地区夏季闷热，冬季凉爽，降水充沛，为稻曲病感染创造了有利条件，水稻自然发病。

1.2　数据采集

Cubert UHD185 是一种全画幅、非扫描式、实时成像光谱仪，采用全画幅快照式高光谱成像技术，集高速相机的易用性和高光谱精度为一体，其搭载在无人机（起飞质量 18 kg，静载荷不小于 8 kg，单组续航达 30 min）上时，可在 1/1 000 s 内得到波长 450～1 000 nm 范围内 137 个波段的高光谱影像。UHD185 全画幅式高光谱仪如图 1 所示。

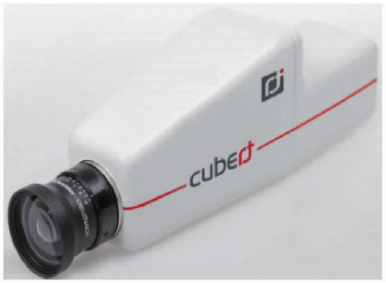


图 1　UHD185 全画幅式高光谱仪

Fig. 1　Frame type high spectrometer

由于各波长下光强度分布的不均匀性及高光谱相机的非线性和暗电流的存在,需要对原图像进行校正。校正公式为

$$R_n = \frac{R_s - R_d}{R_w - R_d} \times 100\% \tag{1}$$

式中 R_n——校正后的图像反射率

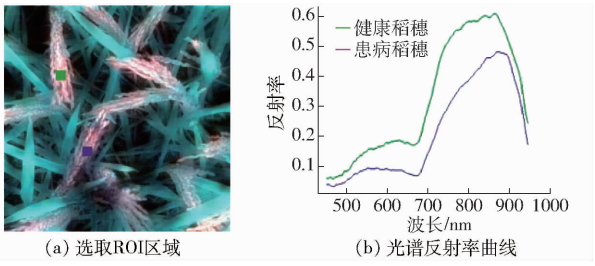
R_s——原始图像反射率

R_d——关上光源,拧上镜头盖后采集的全暗参考图像反射率

R_w——扫描反射率为 99% 的标准白板全白参考图像反射率

黑白标定后进行数据采集,采集时镜头与被测目标平行,距离被测目标 20 ~ 30 cm。在水稻的生长期,选择光线明亮、无云、无风的天气,利用机载 UHD185 全画幅式高光谱仪采集带有发病区域的多组水稻冠层高光谱图像数据,选取健康水稻和发病水稻中对比显著的冠层图像,共计 198 幅,该数据用于稻曲病识别。选用 450 ~ 998 nm 之间的 548 个光谱带,采样间隔为 4 nm。采集的每幅图像由 137 个波段组成,最终得到尺寸为 1 000 像素 ×1 000 像素的高光谱图像数据。采集的水稻稻曲病高光谱图像不但拥有二维的平面图像信息而且整个图像上每个像素都存在着连续光谱信息。

如图 2 所示,使用 ENVI 5.1 软件,在健康稻穗和患病稻穗区域分别选取一个 50 像素 ×30 像素的长方形作为感兴趣区域(Region of interest, ROI),计算整个 ROI 的平均光谱,作为代表该感兴趣区域中心点像素的反射光谱。



(a) 选取ROI区域 (b) 光谱反射率曲线

图 2 健康和患病水稻光谱曲线

Fig. 2 Spectral curves of healthy and diseased rice

由图 2 可见,在 450 ~ 720 nm 可见光谱段范围内和 780 ~ 900 nm 的近红外光谱段内患病稻穗光谱反射率明显下降。在可见光波段 450 ~ 780 nm,色素主导光谱特性,其中叶绿素起着关键作用,因此该波段的光谱反射率相比其他波段较低。其中,叶绿素在蓝波段(450 nm)和红波段(670 nm)具有较强的吸收能力,在这两处会形成吸收谷,在黄绿波段(550 ~ 600 nm)会出现一个反射峰,因此健康的稻穗会呈现黄绿色。受到稻曲病菌侵染后,细胞中色素被破坏,可见光波段反射率下降,同时对红蓝波段的吸收能力下降,因此稻穗呈现黄色、黑色等异常颜色[26]。近红外 780 ~ 1 000 nm 波段的光谱特性由植物体内细胞结构决定。稻曲病菌破坏了稻穗细胞结构,大量细胞坏死,细胞内部间隔增大,对光的多重散射减少,患病稻穗光谱反射率出现明显下降。

1.3 数据预处理

高光谱仪采集光谱图像时易受到外界条件影响,包括天气、仪器电流噪声、外界噪声和光照等,造成光谱谱线重叠等问题,因此需要进行噪声消除、敏感波段选择等预处理,去除冗余数据,提高模型准确度和稳定性。

平滑算法能够有效去除光谱内部随机误差,经常用于噪声消除。平滑算法需要估算最佳平衡点,基于平衡点将前后若干个点相关联,取平均值,从而达到消除噪声的目的,因此经过平滑算法处理的每个高光谱波段是原始数据和相邻多个波段的加权和[27]。平滑算法包括 Norris Derivative 平滑、移动窗口平均法和最小二乘拟合法[28]等,本文采用移动窗口平均法。该方法通过平滑窗口在光谱上移动,对平滑窗口内的光谱求平均。移动窗口平均法的算法步骤如下:①确定窗口大小,根据窗口大小对光谱首尾进行补零处理。②对处于移动窗口内的光谱进行平滑。③移动平滑窗口,不断重复步骤②直至结束。

2 分析模型

光谱曲线反映了水稻对光线的吸收和反射特征,因水稻的内部结构不同,水稻的吸收和反射特征不同,同一水稻在不同生长时期也呈现出一定规律的变化,提取能够体现水稻病害变化规律的敏感波段并建立对应的识别模型,具有良好的建模效果。使用 ENVI 5.1 影像处理软件分析预处理过的高光谱数据,通过选择 ROI 区域找出健康稻穗与发病稻穗光谱曲线之间的关系或者通过降维处理,得到发病稻穗的特征波段组合,建立不同的识别模型,并通过验证样本来检验识别模型的准确性。图 3 为稻曲病识别技术路线图。

2.1 支持向量机(SVM)识别模型

支持向量机(SVM)是目前应用比较广泛的分类方法,其兼顾训练误差和泛化能力,在解决小样本、非线性、高维数、局部极小值等模式识别问题中表现出许多特有的优势。通过核函数将非线性问题转化为高维空间中的线性问题,从而完成分类识别。采用线性、多项式、径向基、S 型 4 种核函数的 SVM 建模算法对发病稻穗进行识别;对影像分类后的结果进行精度验证,验证方法包括混淆矩阵、Kappa 统

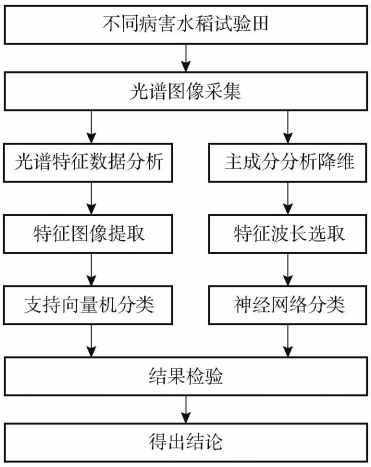


图 3　稻曲病识别技术路线图

Fig. 3　Technical route image for identification of rice koji disease

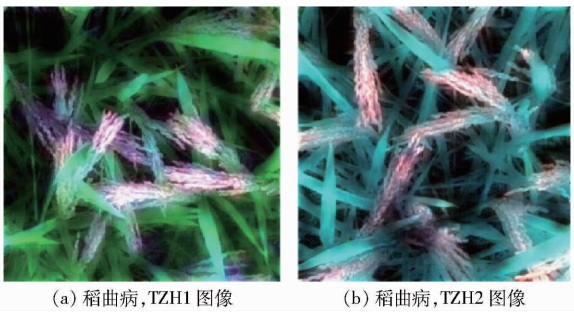
计等。

2.1.1　样本及参数选择

选取 ROI 区域来获取训练和验证样本，获取与 4 种核函数分别对应的训练样本，4 组训练样本相同且每组训练样本中样本的个数均为 40；验证样本个数为 45。在支持向量机分类中，Gamma、Penalty Parameter、Pyramid Levels 等参数值一致。

2.1.2　特征图像提取

通过 ENVI 5.1 软件反复尝试实验组 1，由光谱反射率图像发现，在可见光谱段波长为 654 nm 处出现一个反射峰，该处波长下的水稻稻曲病图像是特征波长下的图像，近红外光谱段波长为 838 nm 和 898 nm 处的病斑部分与正常部分的光谱值差别较大，所以选取 654、838、898 nm 特征波长组合成 TZH1，TZH1 为红色波长为 654 nm、绿色波长为 838 nm、蓝色波长为 898 nm 的假彩色图像，如图 4a 所示。同样的方法应用于实验组 2 得出特征图像 TZH2，表示红色波长为 630 nm、绿色波长为 762 nm、蓝色波长为 806 nm 的假彩色图像，如图 4b 所示。



(a) 稻曲病，TZH1 图像　　(b) 稻曲病，TZH2 图像

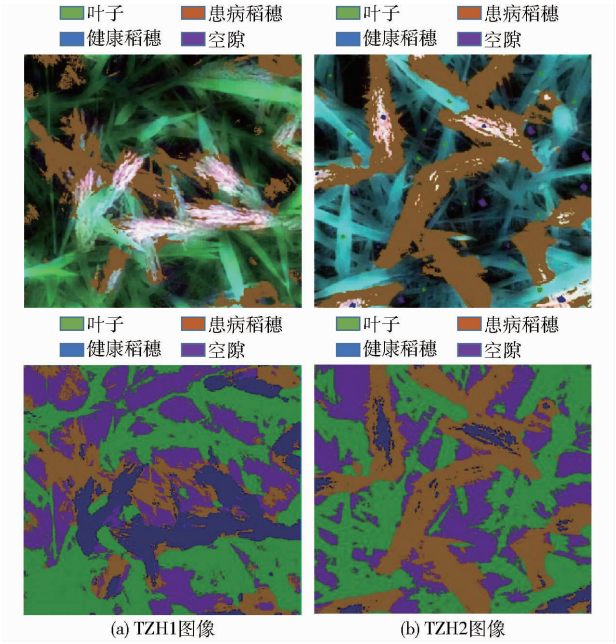
图 4　两组特征波长下的图像

Fig. 4　Images at two sets of characteristic wavelengths

本实验采用 2 组数据进行分析。实验组 1：选择 Auto063. cue 作为数据源，特征图像 TZH1 波段组合为 654、838、898 nm；实验组 2：选择 Auto067. cue 作为数据源，TZH2 的波段组合为 630、762、806 nm。假彩色图像是为了使稻曲病的特征更加明显，有助于进行解释和分析。

2.1.3　支持向量机分类

分别对 2 组图像数据使用支持向量机分类，分类结果如图 5 所示。从 2 组实验数据的分类结果来看，除了实验组 1 有小部分空隙区域分为患病稻穗区域外，2 组实验数据基本达到了准确识别患病稻穗区域的目的。支持向量机识别模型对水稻稻曲病诊断结果如表 1 所示。



(a) TZH1图像　　(b) TZH2图像

图 5　两组特征波长下图像的分类结果

Fig. 5　Classification results of images at two sets of characteristic wavelengths

表 1　水稻稻曲病诊断结果

Tab. 1　Diagnosis of rice koji disease

核函数	支持向量机数	分类精度/%		平均分类精度/%	Kappa 系数	
		TZH1	TZH2		TZH1	TZH2
线性	40	94.75	94.13	94.44	0.92	0.92
多项式	40	94.82	95.25	95.04	0.93	0.93
径向基	40	94.89	95.33	95.11	0.93	0.93
S 型	40	95.64	94.69	95.17	0.94	0.92

由表 1 可知，支持向量机分类方法诊断正确率比较高。其中，线性核函数、多项式核函数、径向基核函数、S 型核函数的诊断性能依次升高。S 型核函数总体分类精度最高达到 95.64%，Kappa 系数最高达 0.94，所以在这 4 种核函数中，S 型核函数的 SVM 分类方法最适合受稻曲病胁迫的水稻病害识别。

2.2　主成分分析加人工神经网络识别模型

主成分分析（PCA）是高光谱图像处理的一项重要技术，它通过多个波段的线性变换，使原始数

据映射到一个新的坐标系统,以使数据的差异性达到最大,其分析的目的在于寻找在最小均方差意义下最能代表原始数据的投影方法。主成分分析可以在保证数据信息损失最少的原则下,对高维变量空间数据进行降维处理。在不丢失主要光谱信息的前提下,选择数目较少的新变量替代原来较多的变量,解决了高光谱波段过多、谱带重叠的分析难题。

图 6 是 PCA 简易投影图,小方块代表原始二维数据,通过转换矩阵投影到以 L 为基准的低维空间,一方面保存了原始数据信息,另一方面降维到了一维。在实际问题中,往往会选择前 k 个主成分,使累计贡献率达到 95% 以上,这样获取的 k 个特征能较好地保存原始信息,同时减少噪声干扰,实现数据降维。

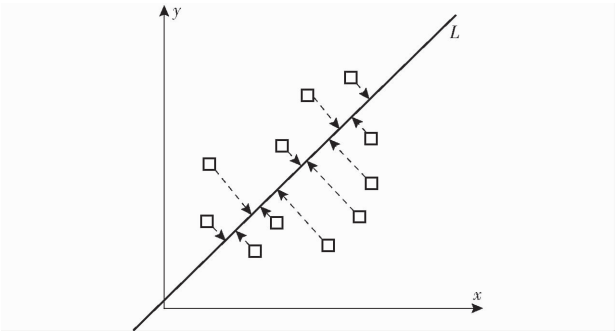


图 6 PCA 投影示意图

Fig. 6 Schematic of PCA projection

2.2.1 样本选择

这里的感兴趣区域选取方式与支持向量机中样本的选取方式一致,选取 ROI 区域来获取训练样本和验证样本,获取一组训练样本,其对应的训练样本个数为 40,验证样本个数为 45。

2.2.2 特征波长选取

运用 ENVI 5.1 软件对患病水稻高光谱数据主成分分析后,得到的累计贡献率见表 2,其中“—”表示忽略不计。

表 2 主成分分析中特征值贡献率统计

Tab. 2 Contribution rate statistics of eigenvalue in principal component analysis

主成分序号	特征值	贡献率/%	累计贡献率/%	主成分序号	特征值	贡献率	累计贡献率/%
1	117 365 035	93.67	93.67	10	79 279	—	99.64
2	3 515 070	2.80	96.47	11	66 213	—	99.70
3	1 545 283	1.24	97.71	12	53 893	—	99.74
4	972 313	0.77	98.48	13	45 151	—	99.78
5	546 840	0.44	98.92	14	40 043	—	99.81
6	343 647	0.27	99.19	15	32 679	—	99.83
7	200 478	—	99.35	16	21 444	—	99.85
8	157 349	—	99.48	17	18 179	—	99.87
9	127 452	—	99.58	18	15 310	—	99.88

选择前 6 个主成分来代表原始高光谱图像,以对图像进行压缩处理,获得有全波段线性组合的 6 个主成分分析后的各个成分得分图,如图 7 所示。

从主成分得分图中可以看到第 1 主成分图像水稻轮廓清晰,信息量大,但是我们所关心的患病区域在大量信息中没有得到体现;在第 2 主成分图像和第 3 主成分图像中,在去除第 1 主成分中的特征波长后,虽然图像中特征波长特征值贡献率仅为 4.04%,图像中水稻轮廓没有第 1 个主成分效果好,但是健康稻穗区域和患病稻穗区域清晰可辨;而第 4 主成分、第 5 主成分和第 6 主成分的特征值贡献率不足 1.5%,对分析作用不大。

2.2.3 人工神经网络分类

选取前 3 个主成分所组成的假彩色图像代表患病水稻的特征波长下的图像,贡献率分别为 93.67%、2.80%、1.24%。使用主成分分析得到特征波长组合后,通过选取感兴趣区域(ROI)来获得训练样本和验证样本,然后建立人工神经网络识别模型,得到线性分类和非线性分类的整体分类结果如图 8 所示。

由图 8 可知,人工神经网络模型的非线性分类轮廓清晰,识别效果较好。

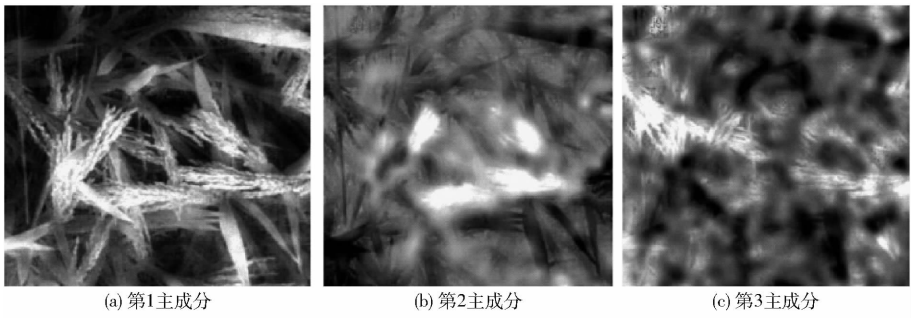
3 结果与讨论

3.1 支持向量机识别模型结果与检验

3.1.1 分类结果

表 3、4 是 2 组数据分类后不同样本的诊断结果。

从整体分类结果来看,2 组数据的错分误差、漏分误差总体分别达到 4.24% 和 5.41%。第 1 组的分类结果较好,且叶子和健康稻穗错分误差较高,患病稻穗和空隙错分误差较低,叶子、健康稻穗、患病稻穗的漏分误差较低,空隙的漏分误差较高;第 2 组分类结果中,除了空隙的错分误差为 0 和健康稻穗

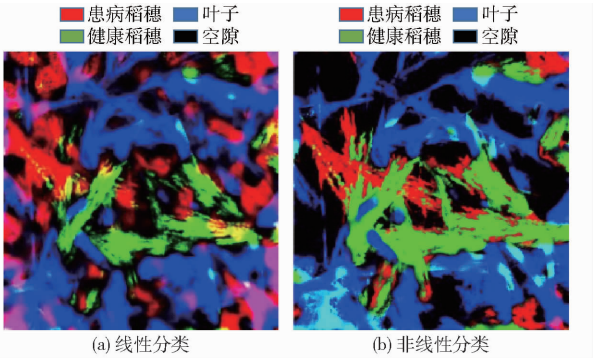


(a) 第1主成分　(b) 第2主成分　(c) 第3主成分

(d) 第4主成分　(e) 第5主成分　(f) 第6主成分

图 7　主成分分析后各个成分得分图像

Fig. 7　Image of each component score after principal component analysis



(a) 线性分类　(b) 非线性分类

图 8　人工神经网络分类结果

Fig. 8　Artificial neural network classification results

表 3　第 1 组数据样本分类结果

Tab. 3　The first set of data sample classification results

参数	叶子	健康稻穗	患病稻穗	空隙	总计
分类后区域像素数	480 165	53 431	216 419	249 985	1 000 000
分类后区域百分比/%	48. 02	5. 34	21. 64	25. 00	100
错分误差/%	12. 04	7. 35	0. 45	1. 21	4. 24
漏分误差/%	2. 73	0	2. 58	7. 59	

表 4　第 2 组数据样本分类结果

Tab. 4　The second set of data sample classification results

参数	叶子	健康稻穗	患病稻穗	空隙	总计
分类后区域像素数	433 740	37 144	339 590	189 526	1 000 000
分类后区域百分比/%	43. 37	3. 71	33. 96	18. 95	100
错分误差/%	8. 86	10. 14	8. 34	0	5. 41
漏分误差/%	4. 37	0	3. 90	7. 64	

的漏分误差为 0 外，其余误差都比较大。造成 2 组数据不同的原因是不同的波段组合形成的假彩色图像信息识别度不同，即使 2 组数据选取训练样本和验证样本的方式一致，但仍然有差异，导致分类结果不同。从总体分类结果来看，2 组数据均基本实现了识别水稻稻曲病的目的。

3.1.2　模型检验

为了确定分类的精度及可靠性，需对分类结果进行检验，主要的检验方法为混淆矩阵。使用之前选择好的验证样本评价分类后的结果，将分类后的结果作为混淆矩阵的输入进行验证分析，从而实现分类结果准确性评估。文中使用第 1 组实验数据的 S 型核函数的支持向量机结果进行模型检验，混淆矩阵的总体分类精度（OA）如表 5 所示。混淆矩阵的错分误差、漏分误差、制图精度和用户精度如表 6 所示。从表 5 中可知，健康稻穗、叶子、患病稻穗、空隙分类结果所占百分比依次增加，其中，患病稻穗所占百分比达 31. 24%，说明水稻患病程度严重。总体分类精度为 95. 64%。Kappa 系数为 0. 94。从表 6 中可知，本实验中，总共划分为患病稻穗的 ROI 有 2 879 个像素，其中正确分类2 866 个像素，其余 13 个像素是将叶子错分为患病稻穗，其错分误差为 0. 45%。同时患病稻穗有真实参考像素 2 942 个，其中正确分类 2 866 个像素，其余 76 个被错分为其余类，其漏分误差为 2. 58%。分析可知患病稻穗的漏分误差较大，这是由于部分患病稻穗与叶子的信息相似，导致错分的概率增大。

3.2　主成分分析加人工神经网络识别模型结果与检验

3.2.1　分类结果

表 7、8 是两种分类方式分类后不同样本的诊断结果。

表 5 混淆矩阵第 1 组指标

Tab. 5 Confusion matrix indicator one

分类	叶子		健康稻穗		患病稻穗		空隙		总计	
	像素数	百分比/%	像素数	百分比/%	像素数	百分比/%	像素数	百分比/%	像素数	百分比/%
叶子	2 280	97. 27	0	0	50	1. 70	262	7. 59	2 592	28. 12
健康稻穗	16	0. 68	479	100	22	0. 75	0	0	517	5. 61
患病稻穗	13	0. 55	0	0	2 866	97. 42	0	0	2 879	31. 24
空隙	35	1. 49	0	0	4	0. 14	3 190	92. 41	3 229	35. 03
总计	2 344	100	479	100	2 942	100	3 452	100	9 217	100

表 6 混淆矩阵第 2 组指标

Tab. 6 Confusion matrix indicator two

分类	错分		漏分		制图精度		用户精度	
	像素数	百分比/%	像素数	百分比/%	像素数	百分比/%	像素数	百分比/%
叶子	312/2 592	12. 04	64/2 344	2. 73	2 280/2 344	97. 27	2 280/2 592	87. 96
健康稻穗	38/517	7. 35	0	0	479/479	100	479/517	92. 65
患病稻穗	13/2 879	0. 45	76/2 942	2. 58	2 866/2 942	97. 42	2 866/2 879	99. 55
空隙	39/3 229	1. 21	262/3 452	7. 59	3 190/3 452	92. 41	3 190/3 229	98. 79

表 7 线性分类后不同样本的诊断结果

Tab. 7 Diagnostic results of different samples after linear classification

参数	叶子	健康稻穗	患病稻穗	空隙	总计
分类后区域像素数	402 035	76 648	242 795	278 522	1 000 000
分类后区域百分比/%	40. 20	7. 66	24. 28	27. 85	100
错分误差/%	4. 14	30. 13	6. 66	7. 00	9. 57
漏分误差/%	15. 06	1. 25	9. 99	2. 32	

表 8 非线性分类后不同样本的诊断结果

Tab. 8 Diagnostic results of different samples after nonlinear classification

参数	叶子	健康稻穗	患病稻穗	空隙	总计
分类后区域像素数	439 998	52 110	225 731	282 161	1 000 000
分类后区域百分比/%	44. 00	5. 21	22. 57	28. 22	100
错分误差/%	3. 52	8. 76	0	5. 74	3. 81
漏分误差/%	7. 51	0	2. 92	2. 00	

从整体分类结果来看,线性分类和非线性分类的错分误差、漏分误差总体分别达到 9. 57%、3. 81%,非线性分类达到较好的效果。线性分类结果中,叶子、患病稻穗、空隙、健康稻穗的错分误差依次升高,其中健康稻穗的错分误差高达 30. 13%,叶子和患病稻穗的漏分误差较高,健康稻穗和空隙的漏分误差较低;非线性分类结果中,健康稻穗、空隙、叶子、患病稻穗的错分误差依次降低,其中患病稻穗的错分误差最低且为 0,叶子、患病稻穗、空隙、健康稻穗的漏分误差依次降低,其中健康稻穗的漏分误差最低且为 0。从 2 种分类结果来看,非线性分类可用于水稻稻曲病的早期监测。

3.2.2 模型检验

为了确定分类的精度及可靠性,需对分类结果进行检验,检验方法为混淆矩阵。表 9 是线性分类和非线性分类验证结果统计。

表 9 线性分类和非线性分类的验证结果统计

Tab. 9 Statistics of validation results for linear and nonlinear classification

混淆矩阵	线性分类	非线性分类
总体分类精度/%	92. 05	96. 41
Kappa 系数	0. 89	0. 95

由表 9 可知,通过训练样本的人工神经网络模型分类结果与验证样本的检测结果一致,非线性分类明显比线性分类的精度高,总体分类精度达到 96. 41%,Kappa 系数为 0. 95。这是在验证样本较多的情况下得出的结果,而实际验证样本可能没这么多,得到的识别精度会更高。所以非线性人工神经网络识别模型适合基于受稻曲病胁迫的水稻病害识别。

4 结论

(1)本研究建立了支持向量机识别模型和主成分分析加人工神经网络识别模型。通过选取感兴趣区域来进行训练样本及验证样本的选择,在支持向量机识别模型中,获取与 4 种核函数分别对应的训练样本,4 组训练样本相同且每组训练样本中样本的个数均为 40,验证样本个数为 45。找出健康稻穗与发病稻穗光谱曲线之间的关系,得到发病稻穗的特征波段组合。在主成分加人工神经网络识别模型中,通过对 138 个波段进行数据降维处理,得到前 3

个主成分代表的特征波段组合。这 2 种识别模型训练样本和验证样本的选取方式和个数均一致。

(2)结果表明,支持向量机识别模型中,S 型核函数诊断性能最好且稳定,总体分类精度最高达到 95.64%,Kappa 系数为 0.94;线性核函数的 SVM 诊断效果较差。通过 2 个实验组数据的支持向量机诊断结果对比可知,使用支持向量机识别模型分类精度整体平稳,4 种核函数的诊断效果没有比较明显的差异。主成分加人工神经网络识别模型中,非线性分类比线性分类的结果准确性好,总体分类精度达到了 96.41%,Kappa 系数为 0.95。就总体分类精度而言,主成分分析加人工神经网络识别模型中的非线性分类比支持向量机识别模型中 S 型核函数分类高 0.77 个百分点。因此主成分分析加人工神经网络模型的非线性分类可以作为水稻稻曲病的早期监测手段。

参 考 文 献

[1] IZELUDLOW D, RAGONE S, BERNSTEIN J N, et al. Chemical composition of Chinese star anise[J]. Journal of the American Medical Association, 2004, 291(5): 562 – 563.

[2] HOWES M J R, KITE G C, SIMMONDS M S J. Distinguishing Chinese star anise from Japanese star anise using thermal desorption-gas chromatography-mass spectrometry[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2009, 57(13): 5783 – 5789.

[3] 白雪冰,余建树,傅泽田,等. 光谱成像技术在作物病害检测中的应用进展与趋势[J]. 光谱学与光谱分析, 2020, 40(2): 350 – 355.
BAI Xuebing, YU Jianshu, FU Zetian, et al. Application of spectral imaging technology for detecting crop disease information: a review[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2020, 40(2): 350 – 355. (in Chinese)

[4] PRASANNAKUMAR N R, CHANDER S, SAHOO R N. Characterization of brown planthopper damage on rice crops through hyperspectral remote sensing under field conditions[J]. Phytoparasitica, 2014, 42(3): 387 – 395.

[5] 高荣华,冯璐,张月,等. 基于多维随机森林的番茄灰霉病高光谱图像早期检测[J]. 光谱学与光谱分析, 2022, 42(10): 3226 – 3234.
GAO Ronghua, FENG Lu, ZHANG Yue, et al. Early detection of tomato gray mold disease with multi-dimensional random forest based on hyperspectral image[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2022, 42(10): 3226 – 3234. (in Chinese)

[6] 孙文斌,王荣,高荣华,等. 基于可见光谱和改进注意力的农作物病害识别[J]. 光谱学与光谱分析, 2022, 42(5): 1572 – 1580.
SUN Wenbin, WANG Rong, GAO Ronghua, et al. Crop disease recognition based on visible spectrum and improved attention module[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2022, 42(5): 1572 – 1580. (in Chinese)

[7] 赵森,付芸,崔江南,等. 高光谱的刺五加黑斑病的早期检测研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2021, 41(6): 1898 – 1904.
ZHAO Sen, FU Yun, CUI Jiangnan, et al. Application of hyperspectral imaging in the diagnosis of *Acanthopanax senticosus* black spot disease[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2021, 41(6): 1898 – 1904. (in Chinese)

[8] 陈兵,李少昆,王克如,等. 病害胁迫下棉花叶片色素含量高光谱遥感估测研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2010, 30(2): 421 – 425.
CHEN Bing, LI Shaokun, WANG Keru, et al. Study on hyperspectral estimation of pigment contents in leaves of cotton under disease stress[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2010, 30(2): 421 – 425. (in Chinese)

[9] 张昭,王鹏,姚志凤,等. 基于多光谱荧光成像技术和 SVM 的葡萄霜霉病早期检测研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2021, 41(3): 828 – 834.
ZHANG Zhao, WANG Peng, YAO Zhifeng, et al. Early detection of downy mildew on grape leaves using multicolor fluorescence imaging and model SVM[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2021, 41(3): 828 – 834. (in Chinese)

[10] 赵龙莲,邵志明,薛金丹,等. 基于近红外稳态空间的苹果病变检测系统设计与试验[J]. 农业机械学报, 2021, 52(增刊): 140 – 147.
ZHAO Longlian, SHAO Zhiming, XUE Jindan, et al. Design and experiment of apple lesion detection system based on near-infrared steady-state spatial resolution[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, 52(Supp.): 140 – 147. (in Chinese)

[11] 韩宇,宋少忠,张佳环,等. 基于拉曼光谱的大豆细菌性病害标志物研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2022, 42(2): 459 – 463.
HAN Yu, SONG Shaozhong, ZHANG Jiahuan, et al. Research on soybean bacterial disease markers based on Raman spectroscopy[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2022, 42(2): 459 – 463. (in Chinese)

[12] 刘媛媛,张凡,师琪,等. 基于高光谱和集成学习的库尔勒香梨黑斑病潜育期诊断[J]. 农业机械学报, 2022, 53(6): 295 – 303.
LIU Yuanyuan, ZHANG Fan, SHI Qi, et al. Diagnosis of Korla pear black spot disease in incubation period based on hyperspectral imaging and ensemble learning algorithm[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2022, 53(6): 295 – 303. (in Chinese)

[13] 桑佳茂,陈丰农. 基于光谱特征点秩和检验的稻曲病发病程度检测[J]. 光谱学与光谱分析, 2021, 41(10): 3214 – 3219.
SANG Jiamao, CHEN Fengnong. Detection of rice false smut grade degree based on the rank sum test of spectral feature points[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2021, 41(10): 3214 – 3219. (in Chinese)

[14] 肖文,曹英丽,冯帅,等. 基于分窗 Gram－Schmidt 变换和 PSO－SVR 算法的水稻纹枯病病情指数检测[J]. 光谱学与光谱分析, 2021, 41(7): 2181－2187.
XIAO Wen, CAO Yingli, FENG Shuai, et al. Detection of rice sheath blight disease index based on split-window Gram－Schmidt transformation and PSO－SVR algorithm[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2021, 41(7): 2181－2187. (in Chinese)

[15] 竞霞,闫菊梅,邹琴,等. 基于 CC－MPA 特征优选算法的小麦条锈病遥感监测[J]. 农业机械学报,2022,53(9):217－225,304.
JING Xia, YAN Jumei, ZOU Qin, et al. Remote sensing monitoring of wheat stripe rust based on CC－MPA feature optimization algorithm[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2022, 53(9): 217－225, 304. (in Chinese)

[16] YU K, LEUFEN G, HUNSCHE M, et al. Investigation of leaf diseases and estimation of chlorophyll concentration in seven barley varieties using fluorescence and hyperspectral indices[J]. Remote Sensing, 2013, 6(1): 64－86.

[17] 柴阿丽,廖宁放,田立勋,等. 基于高光谱成像和判别分析的黄瓜病害识别[J]. 光谱学与光谱分析, 2010, 30(5): 1357－1361.
CHAI Ali, LIAO Ningfang, TIAN Lixun, et al. Identification of cucumber disease using hyperspectral imaging and discriminate analysis[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2010, 30(5): 1357－1361. (in Chinese)

[18] 王翔宇,朱晨光,傅泽田,等. 基于可见光光谱分析的黄瓜白粉病识别研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2019, 39(6): 1864－1869.
WANG Xiangyu, ZHU Chenguang, FU Zetian, et al. Research on cucumber powdery mildew recognition based on visual spectra[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2019, 39(6): 1864－1869. (in Chinese)

[19] 曹益飞,袁培森,王浩云,等. 基于光谱分形维数的水稻白叶枯病害监测指数研究[J]. 农业机械学报,2021,52(9):134－140.
CAO Yifei, YUAN Peisen, WANG Haoyun, et al. Monitoring index of rice bacterial blight based on hyperspectral fractal dimension[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, 52(9): 134－140. (in Chinese)

[20] 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(英文)[J]. 红外与激光工程,2017,46(1):50－58.
LIANG Dong, LIU Na, ZHANG Dongyan, et al. Discrimination of powdery mildew and yellow rust of winter wheat using high resolution hyperspectra and imageries[J]. Infrared and Laser Engineering, 2017, 46(1): 50－58. (in Chinese)

[21] 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]. 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]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2018, 49(5): 226－232. (in Chinese)

[22] 秦立峰,张熹,张晓茜. 基于高光谱病害特征提取的温室黄瓜霜霉病早期检测[J]. 农业机械学报,2020,51(11):212－220.
QIN Lifeng, ZHANG Xi, ZHANG Xiaoqian. Early detection of cucumber downy mildew in greenhouse by hyperspectral disease differential feature extraction[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2020, 51(11): 212－220. (in Chinese)

[23] 刘莉,陶红燕,方静,等. 基于近红外高光谱的梨叶片炭疽病与黑斑病识别[J]. 农业机械学报,2022,53(2):221－230.
LIU Li, TAO Hongyan, FANG Jing, et al. Identifying anthracnose and black spot of pear leaves on near-infrared hyperspectroscopy[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2022, 53(2): 221－230. (in Chinese)

[24] 张晨,刘舒扬,赵安娜,等. 基于小型化便携式光谱成像技术的分类识别系统研究[J]. 红外与激光工程,2019,48(10): 264－269.
ZHANG Chen, LIU Shuyang, ZHAO Anna, et al. Research on classification and recognition system based on miniaturized portable spectral imaging technology[J]. Infrared and Laser Engineering, 2019, 48(10): 264－269. (in Chinese)

[25] 谢亚平,陈丰农,张竞成,等. 基于高光谱技术的农作物常见病害监测研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2018, 38(7): 2233－2240.
XIE Yaping, CHEN Fengnong, ZHANG Jingcheng, et al. Study on monitoring of common diseases of crops based on hyperspectral technology[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2018, 38(7): 2233－2240. (in Chinese)

[26] JIM Y. Book review: advances in environmental remote sensing[J]. Progress in Physical Geography, 2000, 24(1): 64－68.

[27] 王巧男. 基于高光谱成像技术的蔬菜新鲜度快速检测方法研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2015.
WANG Qiaonan. Research on rapid detection method of vegetable freshness based on hyperspectral imaging technology[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2015. (in Chinese)

[28] 李民赞, 韩东海, 王秀. 光谱分析技术及其应用[M]. 北京:科学出版社, 2006.