doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.18.004

基于聚类引导权重学习的高光谱苹果叶片病害图像波段筛选方法

张海曦[1]　王怡欣[1]　李恒照[1]　卫　星[2]　田高斌[3]　刘敬敏[1]　刘　斌[1]

（1.西北农林科技大学信息工程学院，陕西杨凌 712100；2.陕西省农村科技开发中心，西安 710054；
3.杨凌极飞农业智能装备有限公司，陕西杨凌 712100）

摘要：针对苹果叶片病害高光谱诊断中存在的数据波段冗余度高、计算负荷重以及现有波段筛选方法难以同时兼顾筛选效率、识别性能和波段物理意义等问题，传统特征工程方法虽然能够保留原始波段的物理意义，但对波段间结构相关性的利用不足，且在筛选效率和泛化能力方面存在局限；端到端深度学习方法虽能提升分类性能，却难以量化单波段对病害诊断的实际贡献，不利于筛选出具有物理可解释性的波段。为此，本文提出一种基于聚类引导权重学习的高光谱苹果叶片病害图像波段筛选方法，采用层次聚类对高光谱波段进行结构化分组，构建双分支卷积神经网络，分别学习波段的重构保真度权重与分类判别性权重，实现波段重要性的多维度定量评估；设计簇内自适应选择策略，从各聚类簇中筛选代表性核心波段。以苹果叶片 5 类病害高光谱数据为对象开展试验，结果表明，本文方法可从 216 个有效波段中筛选出 9 个核心波段，样本平均筛选耗时为 15.2 s，苹果叶片病害诊断任务分类准确率达 98.38%。所筛选波段覆盖叶绿素吸收带、红边过渡区及近红外水分响应等病害敏感光谱区间，在显著压缩光谱维度的同时，能较好保留与病害识别相关的关键光谱信息。研究结果为轻量化病害诊断模型构建及专用多光谱传感器波段设计提供参考。

关键词：高光谱成像；苹果叶片病害；波段筛选；层次聚类；双权重学习；病害诊断

中图分类号：TP139.41　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：1000-1298(2026)18-0037-14　　**OSID**：

Hyperspectral Band Selection for Apple Leaf Disease Images Based on Clustering-guided Weight Learning

Zhang Haixi[1]　Wang Yixin[1]　Li Hengzhao[1]　Wei Xing[2]　Tian Gaobin[3]　Liu Jingmin[1]　Liu Bin[1]

(1. *College of Information Engineering, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi* 712100, *China*
2. *Shaanxi Provincial Rural Science and Technology Development Center, Xi'an* 710054, *China*
3. *Yangling Jifei Agricultural Intelligent Equipment Co., Ltd., Yangling, Shaanxi* 712100, *China*)

Abstract: Aiming to address the issues of high band redundancy, heavy computational burden, and the difficulty of existing band selection methods in simultaneously balancing screening efficiency, recognition performance, and band physical interpretability in hyperspectral diagnosis of apple leaf diseases, a hyperspectral apple leaf disease image band selection method was proposed based on clustering-guided weight learning. Although traditional feature engineering methods can preserve the physical meaning of original bands, they insufficiently exploited the structural correlations among bands and had limitations in screening efficiency and generalization capability. End-to-end deep learning methods, while improving classification performance, struggle to explicitly quantify the actual contribution of individual bands to disease diagnosis, making it difficult to select bands with physical interpretability. To address these issues, the hierarchical clustering was firstly employed to structurally group hyperspectral bands. Secondly, a dual-branch convolutional neural network was constructed to learn the reconstruction fidelity weight and classification discriminability weight of bands respectively, achieving multi-dimensional quantitative assessment of band importance. Finally, an intra-cluster adaptive selection strategy was

收稿日期：2026-06-06　修回日期：2026-06-18

基金项目：国家自然科学基金青年项目(62406254)、国家自然科学基金面上项目(62376226)和陕西省自然科学基金青年项目(2024JC-YBQN-0679)

作者简介：张海曦(1989—)，男，副教授，博士，主要从事智慧农业技术研究，E-mail：zh.haixi@nwafu.edu.cn

通信作者：刘敬敏(1989—)，女，讲师，博士，主要从事农业信息传输技术研究，E-mail：jingminliu@nwafu.edu.cn

designed to select representative core bands from each cluster. Experiments conducted on hyperspectral data of five types of apple leaf diseases showed that the proposed method can select nine core bands from 216 effective bands, with an average screening time of 15.2 s per sample, achieving a classification accuracy of 98.38% in apple leaf disease diagnosis. The selected bands covered disease-sensitive spectral intervals such as the chlorophyll absorption band, red-edge transition region, and near-infrared water response, demonstrating that the method can significantly compress spectral dimensionality while effectively retaining key spectral information relevant to disease identification, and can provide a reference for the construction of lightweight disease diagnosis models and the band design of dedicated multispectral sensors.

Key words: hyperspectral imaging; apple leaf disease; band selection; hierarchical clustering; dual-weight learning; disease diagnosis

0 引言

苹果产业健康发展关乎农业经济与民生保障,但苹果叶片病害严重制约其产量与品质,因此实现早期苹果叶片病害的精准与无损诊断至关重要。高光谱成像技术虽能无损捕获叶片内部生理生化信息,但大量波段数据带来的数据冗余与计算负荷,因此亟须高效且具物理可解释性的波段筛选方法。

当前常用的高光谱图像波段筛选方法主要包括 2 种:①基于特征工程方法[1-7]。如李杨等[1]提出基于特征波长提取的黄瓜病虫害高光谱识别方法,分类精度达到 96.23%;陈雨等[2]针对苹果锈病明确了敏感光谱区间;王冉冉等[3]提出基于层次聚类与支持向量机(SVM)的玉米叶部病害高光谱波段筛选方法,分类准确率达 94.78%;Knauer 等[4]提出基于机器学习的苹果丛生病高光谱检测方法,检测准确率达 97.1%。这类方法可解释性强,但普遍存在降维效率不足或泛化性有限的问题。②基于深度学习方法[8-15]。如崔蕊艳等[8]提出双通道卷积神经网络的苹果腐烂病早期高光谱诊断方法,检测准确率达 98%;梁万杰等[9]提出改进 ResNet50 模型的早期油菜菌核病高光谱识别方法,分类准确率达 88.66%;张敏等[10]提出融合空谱注意力机制的轻量级 CNN 模型,苹果斑点落叶病高光谱识别精度达 99.12%。然而,这类模型通常难以实现单波段贡献的精准量化,不利于波段筛选的实际诊断价值转化。

综上,现有方法难以同时降低模型运算复杂度并实现对单波段贡献的精准量化[16-28]。为此,本研究提出一种基于聚类引导权重学习的高光谱苹果叶片病害图像波段筛选方法。通过层次聚类进行结构化分组,结合双分支网络同步学习波段的重构保真度权重与分类判别性,设计自适应选择策略筛选核心波段。以期通过数据降维有效降低计算量,为构建高效、可解释的田间病害诊断模型及专用多光谱传感设备提供高质量的特征输入。

1 苹果叶片高光谱数据集

1.1 数据集

为构建用于基于聚类引导权重学习的高光谱苹果叶片病害图像波段筛选方法的标准化数据集,在受控实验室环境下,通过人工病害浸染试验制备病理状态明确的样本,并完成数据采集。试验样本选自健康果园中生长状况一致的健康苹果叶片共 800 片,平均分为 5 组,其中 1 组作为健康对照组,其余 4 组分别接种锈病、花叶病、斑点落叶病和褐斑病的标准病原菌孢子悬浮液;定期观测叶片症状,待各组叶片呈现对应病害的典型病斑特征(如褐斑病的近圆形褐色斑、锈病的橙黄色粉状物)后,确定样本病理状态稳定,用于数据采集。

图像采集使用 SOC-710VP + SOC-710SW 型高光谱相机(美国 Surface Optics 公司生产)完成。设备光谱范围为 400 ~ 1 700 nm,共 800 个光谱通道,分辨率达 1.3 nm,配套 F1.4/12 mm 镜头及 12 V/100 W 全光谱光源;探测器对应不同波段的分辨率分别为 1 392 像素 × 1 040 像素(400 ~ 1 000 nm)、640 像素 × 588 像素(900 ~ 1 700 nm),且采用内置平移扫描、无旋转光学组件设计,可保障扫描过程图像无畸变。采集时将叶片平铺于无反光黑色背景板上,在暗室环境下通过设备自动匹配扫描速度与光谱采集频率,每次独立采集均覆盖健康对照及 4 种病害样本,每个样本重复采集 2 ~ 3 次以降低随机误差;最终筛选出光谱信号稳定、无杂质干扰的有效图像,如图 1 所示。整合 3 次采集数据构建数据集,总计包含 557 幅高光谱图像,其中健康叶片 123 幅,锈病、花叶病、斑点落叶病、褐斑病叶片分别为 99、103、135、97 幅。经预处理后,图像空间尺寸统一为 520 像素 × 696 像素,有效波段数为 256 个。数据集按照分层随机抽样方式划分为训练集、验证

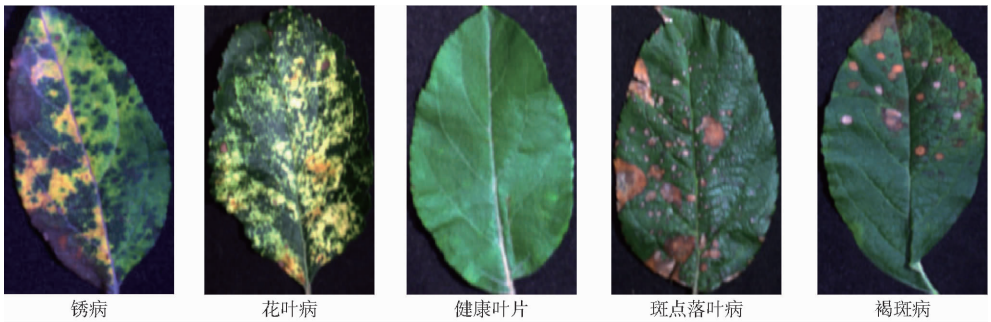

图 1　不同类样本高光谱数据集可视化图像

Fig. 1　Visualization of hyperspectral data for different class

集和测试集，比例为 7∶2∶1，以保证 5 类苹果叶片病害样本在不同子集中分布均衡。

1.2　数据预处理

为提升数据质量、消除干扰并扩充样本以增强模型泛化能力，对原始高光谱数据进行预处理（表 1）与数据增强。原始图像维度为 520 像素（高）×696 像素（宽）×256（波段），预处理主要包括噪声波段剔除、叶片感兴趣区域（ROI）裁剪以及空间-光谱联合数据增强。

表 1　高光谱数据集预处理参数

Tab. 1　Preprocessing parameters for hyperspectral datasets

参数	原始数据	预处理后数据	说明
图像数量	557	2 000	增强后扩充
空间尺寸/（像素×像素）	520×696	平均 150×200	不同叶片尺寸可能上下浮动
波段数	256	216	剔除噪声波段
信噪比/dB	18.7	32.5	显著提升
模型内存占用量/GB	108	48.2	仅保留叶片部分

（1）噪声剔除

高光谱传感器在光谱响应曲线的边缘区域（特别是近紫外和短波红外末端）受探测器暗电流噪声及大气吸收效应影响显著，信噪比低。因此，剔除首尾各 20 个噪声较大的波段，保留 430～980 nm 波长内 216 个波段作为有效光谱数据进行分析。在减少 15.6% 数据量的同时，有效提升了光谱数据质量与可靠性。

（2）ROI 剪裁

为消除图像背景（如土壤、支架等）对叶片光谱分析的干扰，精确聚焦于叶片本身的生理信息，基于 Python 工具，依据叶片与背景区域的光谱曲线特征差异完成叶片区域的精准识别，并遵循最小外接矩阵的原则对每个样本中叶片区域进行自动识别与裁剪。确保所有输入模型数据均为纯净的叶片光谱信息，消除背景噪声引入的偏差。

（3）数据增强

针对高光谱训练样本有限、易导致模型过拟合问题，设计兼顾空间与光谱特性的联合数据增强策略。空间增强策略对训练集样本随机施加水平翻转、垂直翻转以及 0°～15°内（步长 5°）随机旋转，模拟田间叶片可能出现的多种自然朝向，提升模型对空间姿态变化的鲁棒性。光谱增强对训练集样本的反射率数据添加微量高斯噪声，模拟不同光照条件、传感器微小波动导致的光谱响应变化，从而增强模型的光谱泛化能力。

2　整体设计

为实现高光谱数据的高效降维与病害敏感波段的精准定位，提出一种基于聚类引导权重学习的高光谱苹果叶片病害图像波段筛选方法，整体框架如图 2 所示。遵循“先分组、后筛选”的设计思路，主要由 3 个核心模块构成：①采用层次聚类对预处理后的 216 个波段进行结构化分组，挖掘光谱间内在相似性，形成具有物理意义的波段簇，以降低筛选的复杂度。②构建双分支权重学习网络，通过重构任务与分类任务的联合优化，分别学习各波段在光谱信息保真与病害类别判别上的重要性权重，实现对波段贡献的多维度量化。③设计簇内自适应选择策略，根据各簇内波段在 2 类权重上分布特征，动态确定最具代表性的核心波段。通过上述 3 个阶段的协同作用，旨在从冗余的高光谱数据中筛选出少量既具备强病害判别能力、又保留完整光谱物理意义的波段，为构建轻量化、可解释的田间苹果叶片病害识别模型提供高质量输入特征。

2.1　层次聚类分组

为降低高光谱数据的维度冗余并挖掘内在谱间结构，采用层次聚类方法对预处理后的波段进行分组。高光谱波段在光谱维度上具有强连续性与高相关性，传统聚类方法在此场景下存在显著局限，如 K－means 等划分式聚类方法需预先指定簇数，且对初始中心点的选择高度敏感，在波段特征连续分布

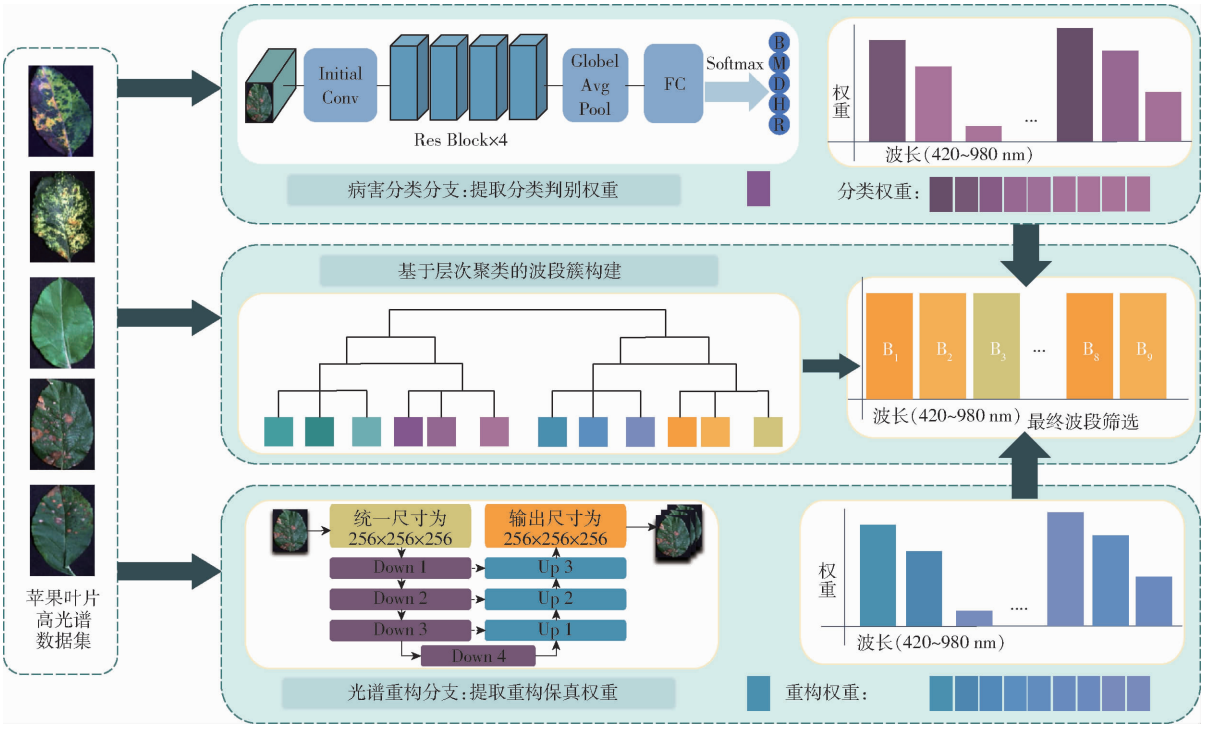

图 2 基于聚类引导权重学习的高光谱苹果叶片病害图像波段筛选方法框架

Fig. 2 Framework of hyperspectral band selection method based on clustering-guided weight learning for apple leaf disease images

场景中易产生不稳定的簇划分结果;DBSCAN 等密度聚类方法则依赖样本局部密度差异实现分组,适用于分布不均的离散数据,难以有效处理波段间相关性高且密度分布均匀的连续谱序列。相比之下,层次聚类通过逐步合并或拆分簇类构建树状聚类结构,无需预先设定簇数,既能直观反映波段间的层次关联与谱间相似性,又能适配高光谱数据的连续分布特性,是实现波段结构化分组的最优选择。

在层次聚类设计中,簇合并准则直接决定聚类结果的合理性,选用沃德链合法(Ward's method)作为簇合并策略。在每次簇合并过程,优先选择使"簇内方差总增加量最小"的 2 个簇进行合并,最终形成簇内特征一致性高、簇间特征差异显著的聚类结果,这一特性与高光谱波段"同谱区特征相似、异谱区特征区分明显"的分布规律高度契合,可有效避免不同病害敏感谱区的混淆。沃德链合法的数学逻辑可通过簇内方差及方差增加量量化描述。

为更加直观地展示层次聚类结果及最优簇数的确定过程,基于 Ward 准则的层次聚类树状图如图 3 所示。图中横轴表示 216 个有效波段,纵轴表示聚类过程簇间合并距离(Linkage distance),通过计算波段平均反射率向量之间的欧氏距离得到。纵轴数值越大,表示参与合并的 2 个簇之间差异越明显。图中红色虚线表示最终选取的聚类截断阈值。在阈值处对树状图进行切分,可将 216 个有效波段划分为 9 个聚类簇。若进一步提高截断阈值,则需要跨越更大的合并距离,意味着差异较大的波段簇将被进一步合并;若降低阈值,则会将距离较近的波段簇过度拆分,导致聚类结果碎片化。结合树状图所反映的层次结构特征以及后续分类性能分析结果,最终确定最优聚类簇数为 9。将 216 个有效波段划分为 9 个特征簇,在尽可能保留原始光谱结构信息的基础上,实现冗余波段的结构化压缩。后续通过双权重学习分别获得各波段的分类判别权重和重构保真权重。在簇内代表波段选择过程中,以聚类结果作为约束,仅在同一簇内部进行权重比较与重要性评估,从而避免不同谱区间波段的直接竞争,提高所选波段物理一致性与可解释性。

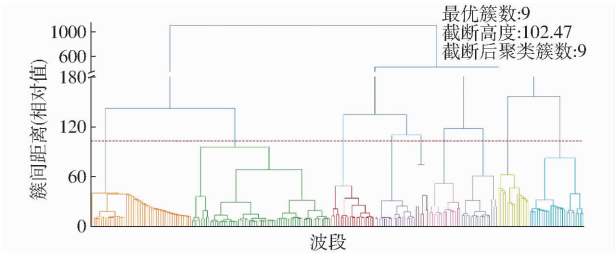

图 3 沃德链合法层次聚类树状图

Fig. 3 Ward hierarchical clustering dendrogram

任意聚类簇 C 簇内方差计算式为

$$V_C = \frac{1}{m}\sum_{p=1}^{m}\sum_{k=1}^{n}(x_{pk} - \bar{x}_{Ck})^2 \tag{1}$$

式中 V_C——簇 C 簇内方差,反映簇内波段特征离

散程度

m——簇 C 包含的波段数

x_{pk}——簇 C 中第 p 个波段在第 k 个样本上反射率

$\bar{x}_{Ck}$——簇 C 中所有波段在第 k 个样本上平均反射率

n——样本总数(整数,常量)

当 2 个独立簇 A 与簇 B 合并为新簇 $A\cup B$ 时,方差增加量为

$$\Delta V = V_{A\cup B} - (V_A + V_B) \tag{2}$$

式中　ΔV——簇合并后方差增加量

$V_{A\cup B}$——合并后新簇簇内方差

V_A——簇 A 簇内方差

V_B——簇 B 簇内方差

沃德链合法通过迭代选择 ΔV 最小的簇对进行合并,最终实现“全局簇内方差最小化”聚类目标。

为便于聚类分析,将预处理后的高光谱数据组织为 1 个二维矩阵,矩阵行对应 216 个波段,列对应 557 个样本,每个元素表示第 i 个波段在第 k 个样本上的平均反射率。以此为基础,每个波段 i 均可表示为 1 个 n 维向量,称为该波段的平均反射率向量。该向量以反射率为载体,刻画该波段在所有样本上的光谱响应模式,不同样本间的变化趋势,间接反映该波段对叶片生理状态差异的敏感程度。

为精准度量波段间特征差异,为簇合并提供量化依据,采用欧氏距离计算波段间相似度。对于第 i 个波段与第 j 个波段反射率向量欧氏距离计算式为

$$d_{ij} = \sqrt{\sum_{k=1}^{n} (x_{ik} - x_{jk})^2} \tag{3}$$

式中　d_{ij}——第 i 个波段与第 j 个波段欧氏距离,数值越小表示 2 波段特征越相似

x_{ik}——第 i 个波段在第 k 个样本上反射率

x_{jk}——第 j 个波段在第 k 个样本上反射率

欧氏距离具有计算简洁、物理意义明确的优势,能够有效刻画高光谱波段反射率向量间的相似性,与沃德链合法的方差优化目标形成良好适配。

为全面、客观评价聚类质量,避免单一指标的局限性,采用轮廓系数、DB 指数、CH 指数等评价指标,从不同维度验证聚类效果。

(1)轮廓系数(Silhouette coefficient):聚焦簇内紧凑性与簇间分离度平衡,计算式为

$$s_i = \frac{b_i - a_i}{\max(a_i, b_i)} \tag{4}$$

式中　s_i——第 i 个波段轮廓系数

a_i——第 i 个波段与簇内其他所有波段的平均欧氏距离(簇内紧凑性度量)

b_i——第 i 个波段与最近异簇所有波段的平均欧氏距离(簇间分离度度量)

整体聚类轮廓系数为所有波段 s_i 平均值,取值为[-1,1],越接近 1 表示簇内波段越集中、簇间区分越明显,聚类效果越优。

(2)DB 指数(Davies-bouldin index,DBI):通过簇内紧凑性与簇间重叠度的比值评价聚类合理性,计算式为

$$DBI = \frac{1}{K}\sum_{p=1}^{K} \max_{l\neq p}\left(\frac{\bar{d}_p + \bar{d}_l}{d_{pl}}\right) \tag{5}$$

式中　K——聚类簇数

$\bar{d}_p$、$\bar{d}_l$——簇 p、l 内所有波段到簇中心的平均欧氏距离(簇内紧凑性)

d_{pl}——簇 p 与簇 l 中心欧氏距离(簇间距离)

(3)CH 指数(Calinski-harabasz index,CHI):通过簇间方差与簇内方差比值反映聚类有效性,计算式为

$$CHI = \frac{SSB/(K-1)}{SSW/(r-K)} \tag{6}$$

式中　SSB——簇间平方和(反映簇间特征差异)

SSW——簇内平方和(反映簇内特征离散程度)

r——总波段数

CHI 越大,表明簇间差异越显著、簇内特征越集中,聚类结构越优。

2.2　分类权重训练网络

分类权重训练网络分支用于量化各波段在区分 5 类病害时判别贡献,主体为融合空间-光谱注意力机制的残差网络,适配 216 波段输入与 5 分类任务需求。

如图 4 所示,模型通过基础卷积块将输入数据转换为 64 像素 ×64 像素 ×64 的浅层特征;再经过 4 个级联的改进残差块进行深层表征学习(通道数依次为 64→128→256),每个残差块通过恒等映射换届梯度消失问题,确保深层网络的训练稳定性。

残差块内部嵌入自定义的空间-光谱注意力模块,通过并联的光谱注意力与空间注意力路径,分别从光谱和空间维度动态计算特征权重。

(1)光谱注意力支路

聚焦光谱维度的判别性,通过自适应平均池化操作(Adaptive average pooling)压缩空间维度,再经 1 ×1 卷积层生成每个特征通道的权重系数,计算式为

$$\omega_s^q = \sigma\left(\mathrm{Conv}_{1\times1}^{2}\left(\mathrm{ReLU}\left(\mathrm{Conv}_{1\times1}^{1}\left(\frac{1}{HW}\sum_{h=1}^{H}\sum_{w=1}^{W} F_{chw}\right)\right)\right)\right) \tag{7}$$

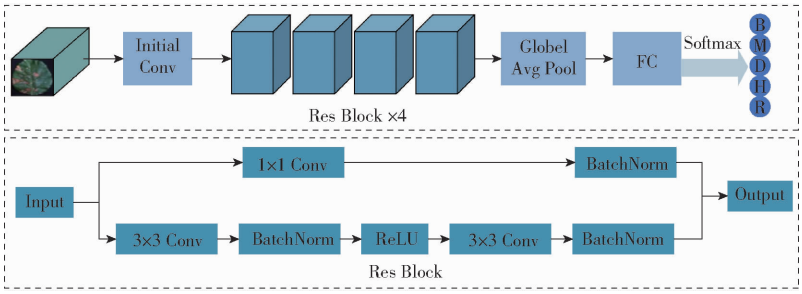

图 4 分类训练分支结构

Fig. 4 Structural diagram of classification training branch

式中 ω_s^q——第 q 个特征通道光谱注意力权重

$\sigma(\cdot)$——Sigmoid 激活函数,取 0 ~ 1

$\mathrm{Conv}_{1\times1}^1$、$\mathrm{Conv}_{1\times1}^2$——2 层 1 × 1 卷积层

F_{chw}——特征图在通道 q、位置 (h,w) 处的特征值

H、W——特征图高和宽

(2)空间注意力支路

聚焦空间维度的判别性,通过 3 × 3 卷积层生成空间维度的权重掩膜,计算式为

$$\omega_{sp}^{hw} = \sigma(\mathrm{Conv}_{3\times3}(F_{chw})) \tag{8}$$

式中 ω_{sp}^{hw}——空间位置 (h,w) 处的注意力权重

$\mathrm{Conv}_{3\times3}$——3 × 3 卷积层

逐元素相乘得到综合注意力,用于加权原始特征,从而增强对分类判别关键的波段与区域。网络末端采用自适应平均池化操作替代全连接层以降低参数量,并连接分类器输出 5 类病害的概率分布。

使用交叉熵损失函数进行训练,计算式为

$$L_{CE} = -\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}\sum_{c=1}^{T} y_{ic}\log p_{ic} \tag{9}$$

式中 L_{CE}——交叉熵损失值

N——训练样本数

T——病害类别数,取 5

y_{ic}——第 i 个样本属于第 c 类的真实标签(one - hot 编码,取 0 或 1)

p_{ic}——模型预测第 i 个样本属于第 c 类的概率

训练评估指标包括分类准确率、Kappa 系数,计算式为

$$p_o = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} I(\hat{c}_i = c_i) \times 100\% \tag{10}$$

$$Kappa = \frac{p_o - p_e}{1 - p_e} \tag{11}$$

式中 $I(\cdot)$——指示函数(预测类别 $\hat{c}_i$ 与真实类别 c_i 一致时为 1,否则为 0)

p_o——分类准确率,%

p_e——期望随机分类准确率,%

训练完成后,提取测试集中所有样本经过空间-光谱注意力模块后产生的光谱注意力权重。对于第 b 个波段,平均注意力响应计算式为

$$A_b = \frac{1}{M}\sum_{i=1}^{M} \omega_{s,g}^b \quad b = (1,2,\cdots,216) \tag{12}$$

式中 A_b——第 b 个波段在测试集所有样本上平均注意力权重,权重越高表示对病害分类的判别贡献越显著

$\omega_{s,g}^b$——第 g 个样本在波段 b 上获得的光谱注意力权重

M——测试样本总数

平均注意力响应反映分类网络在决策过程对不同波段的关注程度。平均注意力值越大,说明该波段在病害识别过程发挥的作用越显著。为便于比较不同波段的重要性,采用极差归一化方法将平均注意力响应映射为分类判别性权重,计算式为

$$w_c^b = \frac{A_b - \min(A_b)}{\max(A_b) - \min(A_b)} \tag{13}$$

式中 w_c^b——第 b 个波段分类判别性权重,取 0 ~ 1

2.3 重构分支训练网络

重构分支旨在评估各波段在保持原始光谱形态与全局信息完整性方面的贡献,整体结构如图 5 所示。采用编码器-解码器式卷积自编码结构,对 216 个波段高光谱数据进行特征压缩与重构学习。编码器首先通过 Double Conv 与通道注意力模块对输入数据进行浅层特征提取,随后经过 4 个 Down 模块逐步降低空间分辨率并提升特征通道数,特征尺寸由输入的 $H \times W \times 216$ 逐渐压缩至 1 024 × 16 像素 × 16 像素,实现高层次光谱空间特征编码。解码器通过 Up 模块逐步恢复空间分辨率,并结合跳跃连接融合不同尺度特征,最终利用 1 × 1 卷积映射得到与输入维度一致的重构结果。通过计算输入数据与重构数据之间的误差,可进一步衡量不同波段对光谱信息保持的贡献程度。

采用均方误差(MSE)损失函数进行优化,通过最小化重建数据与原始数据之间的像素级差异,使网络学习到各波段在光谱重建中的相对重要性,计算式为

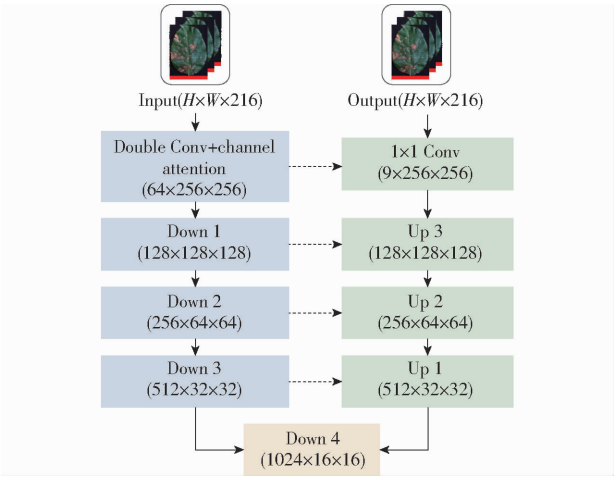

图 5　重构训练分支结构

Fig. 5　Structure of reconstruction training branch

$$L_{MSE}=\frac{1}{BHW}\sum_{b=1}^{B}\sum_{h=1}^{H}\sum_{w=1}^{W}(y_{ibhw}-\hat{y}_{ibhw})^2 \tag{14}$$

式中　L_{MSE}——均方误差损失值

B——高光谱波段数目，取 216

y_{ibhw}——第 i 个样本的原始图像在波段 b、空间位置(h,w)处反射率

$\hat{y}_{ibhw}$——第 i 个样本解码器输出的重构图像对应位置与波段反射率

训练过程采用 Adam 优化器，共训练 50 轮，同时引入光谱角制图（SAM）与峰值信噪比（PSNR）作为重构精度的评估指标，计算式为

$$SAM=\frac{1}{U}\sum_{i=1}^{U}\arccos\left(\frac{\boldsymbol{y}_i\hat{\boldsymbol{y}}_i}{\|\boldsymbol{y}_i\|\,\|\hat{\boldsymbol{y}}_i\|}\right)\frac{180^\circ}{\pi} \tag{15}$$

$$PSNR=20\lg\left(\frac{y_{\max}}{\sqrt{MSE}}\right) \tag{16}$$

式中　$\boldsymbol{y}_i$——第 i 个像素原始光谱向量

$\hat{\boldsymbol{y}}_i$——第 i 个像素重构光谱向量

U——像素总数

$y_{\max}$——归一化后反射率最大值

MSE——全局均方误差

SAM 值越小、PSNR 值越大，表明重构效果越优。

训练结束后，在测试集上统计各波段的平均重构误差，以量化不同波段在光谱重建过程中贡献程度。对于第 b 个波段，平均重构误差计算式为

$$MSE_b=\frac{1}{NHW}\sum_{i=1}^{N}\sum_{h=1}^{H}\sum_{w=1}^{W}(y_{ibhw}-\hat{y}_{ibhw})^2 \tag{17}$$

式中　MSE_b——第 b 个波段在测试集所有样本上平均 MSE 误差

平均重构误差反映各波段在光谱重建过程可替代程度。因此，基于测试集计算各波段的平均重构误差，量化得到重构保真度权重，计算式为

$$w_r^b=\frac{MSE_b-\min(MSE_b)}{\max(MSE_b)-\min(MSE_b)} \tag{18}$$

式中　w_r^b——第 b 个波段重构保真度权重，取 0～1

重构误差越大，说明该波段越难被其他波段重建，所包含的独立光谱信息越丰富，因此赋予更高的重构权重。

2.4　簇内代表选择策略

在完成层次聚类分组以及双权重学习后，每个波段均获得对应的分类判别性权重w_c^b和重构保真度权重w_c^r。其中，分类判别性权重反映波段对病害类别区分的贡献程度，重构保真度权重反映波段对原始光谱信息保持的重要程度。为在分类性能与光谱信息保留之间取得平衡，设计一种基于双权重自适应融合的簇内代表波段选择策略。

设第 c 个聚类簇记为

$$G_c=\{b_1,b_2,\cdots,b_{N_c}\} \tag{19}$$

式中　N_c——聚类簇G_c中包含的波段数量

为衡量簇内不同波段分类贡献的离散程度，引入分类权重变异系数作为评价指标。簇内分类权重均值μ_c计算式为

$$\mu_c=\frac{1}{N_c}\sum_{b_i\in G_c}w_c^{b_i} \tag{20}$$

式中　w_c^{bi}——分类分支中波段 b_i选择权重

簇内分类权重标准差 σ_c计算式为

$$\sigma_c=\sqrt{\frac{1}{N_c}\sum_{b_i\in G_c}(w_c^{bi}-\mu_c)^2} \tag{21}$$

则变异系数 CV_c计算式为

$$CV_c=\frac{\sigma_c}{\mu_c} \tag{22}$$

CV_c越大，表示簇内不同波段的分类贡献差异越明显；CV_c越小，则说明各波段分类贡献较为接近。

根据簇内分类贡献差异程度，构建自适应融合系数α_c，计算式为

$$\alpha_c=\frac{CV_c}{1+CV_c} \tag{23}$$

其中

$$0\leqslant\alpha_c<1 \tag{24}$$

当簇内存在明显优势波段时，较大的α_c将提高分类判别权重在融合过程的占比；当簇内各波段分类能力接近时，则适当提高重构保真度权重的影响。

由于 2 类权重来源不同，为消除数值尺度差异，分别在簇内对权重进行归一化处理，计算式为

$$\hat{w}_c^{b_i}=\frac{w_c^{b_i}}{\sum_{b_j\in G_c}w_c^{b_j}} \tag{25}$$

$$\hat{w}_r^{b_i}=\frac{w_r^{b_i}}{\sum_{b_j\in G_c}w_r^{b_j}} \tag{26}$$

其中
$$\sum_{b_i \in G_c} \hat{w}_c^{b_i} = 1 \tag{27}$$
$$\sum_{b_i \in G_c} \hat{w}_r^{b_i} = 1 \tag{28}$$

式中 w_r^{bi}——重构分支中波段 b_i选择权重

在此基础上,波段综合重要性得分计算式为
$$S_{b_i} = \alpha_c \hat{w}_c^{b_i} + (1 - \alpha_c) \hat{w}_r^{b_i} \tag{29}$$

式中 S_{b_i}——波段b_i的综合重要性得分

该指标同时考虑了病害分类贡献与光谱重构贡献,实现判别能力与信息完整性的协同评价。

最终,在每个聚类簇内选取得分最高的波段作为该簇的代表波段,表达式为
$$b_c^* = \arg\max_{b_i \in G_c} S_{b_i} \tag{30}$$

式中 b_c^*——第 c 个聚类簇最终选出的代表波段

通过上述自适应融合机制,分类判别性权重与重构保真度权重能够根据簇内波段贡献差异动态调整作用比例。当簇内存在对病害识别具有显著贡献的关键波段时,优先保留其判别信息;当簇内波段分类贡献接近时,则更加关注光谱重构能力,从而保证所选波段在维持分类性能的同时尽可能保留原始光谱信息,实现代表性与判别性的统一。

3 试验与结果分析

3.1 试验设计

3.1.1 试验环境

硬件配置:处理器采用高性能多核 CPU,图形处理器为 NVIDIA Tesla T4,运行内存 16 GB,存储设备为不小于 500 GB SSD 固态硬盘,保障高光谱数据的快速加载与模型训练过程高效运行,满足大规模数据处理与深度学习模型并行计算需求。

软件环境:操作系统为 Windows 10 64 位,编程语言为 Python 3.11,深度学习框架采用 PyTorch 1.10,搭配 CUDA 11.6 实现 GPU 加速计算;依赖库包括 NumPy 1.21(数组运算)、Spectral 0.23.1(高光谱数据读取)、OpenCV 4.5.5(图像处理)、Scikit-learn 1.0(数据预处理与评估指标计算)及 Matplotlib 3.5.2(结果可视化)。

3.1.2 试验参数设定

为保证不同试验结果之间的可比性,所有试验均采用统一的数据划分与训练配置。除特别说明外,所有试验均在相同硬件与软件环境下独立重复 3 次,最终结果取平均值。

在重构保真度权重学习分支中,输入为预处理后的 216 波段高光谱数据。为兼顾光谱空间特征表达能力与训练效率,将输入样本统一调整为空间尺寸 128 像素 ×128 像素,批量大小设为 8。网络优化器选用 Adam,初始学习率设为 0.001,训练轮数为 50。

在分类判别性权重学习分支中,输入同样为 216 波段高光谱数据。考虑分类任务更关注病斑区域的判别特征与模型训练效率,分类分支将输入样本统一调整为空间尺寸 64 像素 ×64 像素,批量大小设为 16。分类网络采用 Adam W 优化器,初始学习率设为 1.5×10^{-3},并结合学习率调度策略实现训练过程的稳定优化;训练轮数为 80。损失函数采用加权交叉熵,以缓解不同病害类别样本数量不均衡对训练过程的影响。训练完成后,基于测试集提取各波段在分类网络中平均注意力响应,并据此量化得到分类判别性权重。

3.1.3 不同簇数模型性能

基于层次聚类结果,设置簇数为 5 ~20(对应筛选后波段数 5 ~20),通过对比不同簇数下模型的分类准确率、训练时长、重构准确率及重构质量,验证最优簇数(9 簇,对应 9 个核心波段)合理性与有效性,试验结果如表 2 所示。

表 2 不同簇数下模型参数性能

Tab. 2 Model parameters performance under different cluster numbers

簇数/波段数	分类准确率/%	训练时长/s	轮廓系数	DB 指数	CH 指数	重构质量	
						PSNR/dB	SAM/(°)
256	95.92	2 224.29				31.07	5.29
216	95.71	2 293.22				31.31	4.84
7	95.97	128.91	0.62	1.35	286	32.12	5.40
8	96.94	145.81	0.68	1.21	324	31.50	5.36
9	98.38	140.87	0.75	0.98	412	31.24	5.82
10	97.14	141.61	0.73	1.05	389	32.55	5.13
11	96.33	161.74	0.70	1.12	365	32.88	5.74
12	97.24	181.48	0.67	1.18	342	32.84	5.59
13	97.04	192.30	0.65	1.25	318	30.77	5.60
14	98.27	242.03	0.63	1.30	295	31.90	5.59
15	95.51	230.63	0.61	1.38	278	31.95	5.37
16	96.21	256.85	0.59	1.42	264	31.97	5.65
17	96.22	266.81	0.57	1.45	251	31.95	5.37
18	95.82	261.72	0.55	1.48	239	32.25	5.66
19	96.53	270.77	0.53	1.51	227	32.39	6.07
20	96.94	288.49	0.51	1.55	215	32.20	6.17

由表 2 可知,基于“簇合并准则—距离度量—聚类质量评价”的完整设计,对不同簇数下聚类结构进行了系统比较,并结合下游分类任务精度、重构质量与训练复杂度进行综合分析。随着簇数增加,聚类结构逐渐细化,分类与重构质量在一定范围内有所提升,但同时也会导致模型训练时长增加。通过对综合轮廓系数、DB 指数、CH 指数、分

类准确率、重构保真度以及训练效率等多方面因素进行综合分析，9 个聚类簇能够在聚类质量、病害识别性能、光谱代表性和降维效率之间取得了较优平衡。

3.2　聚类分组结果

由表 2 可知，不同簇数下聚类质量呈显著规律：簇数从 7 增至 9 时，轮廓系数从 0.62 升至 0.75（最高值），DB 指数从 1.35 降至 0.98（最低值），CH 指数从 286 升至 412（最高值），表明该簇数下波段聚类的簇内一致性最强、簇间区分度最高，聚类结构最优；当簇数超过 9 后，3 个指标均呈下降恶化趋势，轮廓系数持续下降至 0.51，DB 指数上升至 1.55，CH 指数降至 215，说明簇数过多导致聚类过度细分，出现簇间重叠，冗余度显著增加。

综合轮廓系数、DB 指数、CH 指数 3 项聚类质量指标，结合重构精度（PSNR）与分类准确率的验证结果，最终确定高光谱波段聚类的最优簇数为 9。聚类分组结果如表 3 所示。

表 3　聚类分组结果

Tab.3　Results of clustering grouping

簇编号	波段数量	详细波段索引
1	11	[85,86,87,90,92,128,133,134,135,136,148]
2	16	[91,129,130,131,132,137,138,139,140,141,142,143,144,145,146,147]
3	54	[54,58,59,60,61,74,75,76,79,80,81,82,84,88,89,93,94,95,96,97,98,99,124,126,127,149,150,151,168,169,170,171,172,173,180,181,182,183,184,185,186,187,188,189,190,191,192,193,194,195,196,197,198,199]
4	17	[56,66,67,68,69,70,71,72,73,101,102,122,153,154,155,156,215]
5	43	[53,55,57,62,77,78,83,100,123,125,152,157,158,159,160,161,162,163,164,165,166,167,174,175,176,177,178,179,200,201,202,203,204,205,206,207,208,209,210,211,212,213,214]
6	7	[110,111,112,113,114,115,116]
7	11	[37,38,39,40,41,107,108,109,117,118,119]
8	13	[31,34,35,36,42,46,47,48,63,64,105,106,120]
9	44	[0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,17,18,19,20,21,22,23,24,25,26,27,28,29,30,32,33,43,44,45,49,50,51,52,65,103,104]

由表 3 可知，9 个聚类簇的规模差异显著，其中簇 3（54 个波段）、簇 9（44 个波段）、簇 5（43 个波段）为波段数量较多的簇，合计占总有效波段的 65% 以上；而簇 6 仅包含 7 个波段，簇 1、簇 7 各有 11 个波段，簇 8 有 13 个波段，属于规模较小的簇。这种数量分布特征直观反映了苹果叶片高光谱不同光谱区间的波段冗余度差异，冗余度高的光谱区间形成了规模较大的聚类簇，而特征独特、冗余度低的区间则表现为小规模簇。

从各簇波段索引分布特征来看，尽管部分簇的波段索引存在一定分散性，但整体仍呈现与光谱区间的对应性，且簇内波段的光谱特征具有高度一致性。例如簇 9 覆盖索引 0 ~ 65、103 ~ 104 波段，对应苹果叶片高光谱的可见光短波（蓝紫光区），与叶绿素的蓝光吸收峰及叶片表皮结构反射特征相关；簇 3、簇 5 涵盖索引 54 ~ 214 的中高索引波段，覆盖了红边过渡区与近红外波段，反映叶片叶绿素含量、细胞结构完整性及水分含量的关键区间；簇 6 索引 110 ~ 116 则聚焦于红边核心区，对苹果叶片病害引发的生理变化极为敏感。

各簇内波段虽索引分散，但均围绕特定光谱功能区间形成聚集，进一步验证了聚类分组的有效性。通过聚类实现了冗余波段的结构化压缩，规模较大的簇对应高冗余度光谱区间，可通过筛选少数代表波段保留核心信息，而小规模簇的独特特征则能被完整保留；各簇的光谱特征独立性显著，避免了不同病害敏感谱区的交叉干扰，使双权重学习中分类判别性权重与重构保真度权重的计算能精准聚焦各簇的核心特征。聚类分组结果既解决了高光谱数据“维数灾难”的问题，又保证了病害诊断关键光谱信息的完整性。

3.3　2 类权重学习结果

图 6 为 424.5 ~ 980 nm 波段的重构权重与分类权重分布（蓝色表示重构权重，红色表示分类权重，红色虚线框标注选中波段）。从波长维度的权重分布特征来看，重构权重呈现“局部集中”规律，仅在 582.2 ~ 634.7 nm 区间（红边过渡核心区）形成显著

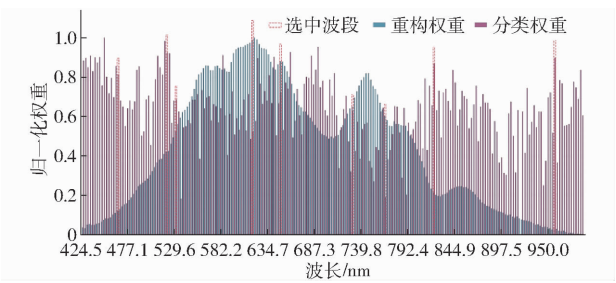

图 6　波段权重分布与筛选结果

Fig.6　Distribution and selection results of band weights

高值簇，而 424.5 ~ 529.6 nm（蓝光-绿光区）、844.9 ~950.0 nm（近红外区）的权重普遍处于中低水平；分类权重则呈“全谱覆盖、多峰分布”特征，在 430 ~980 nm 全波段维持较高数值，且在 424.5 nm（蓝光区）、529.6 nm（绿光区）、634.7 nm（红边核心区）、792.4 nm（近红外前期）、950.0 nm（近红外后期）等位置出现局部峰值，体现出“重构权重聚焦红边、分类权重覆盖多病害敏感谱区”的差异化分布逻辑。

结合光谱物理意义，权重高值区与植物病害生理敏感谱区高度契合：重构权重高值对应 582 ~ 634 nm 红边过渡区，是叶绿素吸收向反射转变的关键区间，光谱信息的连续性决定高光谱数据重构的保真度，是重构任务的核心支撑波段；分类权重高值覆盖的谱区则涵盖蓝光（424.5 nm，叶绿素强吸收带）、绿光（529.6 nm，叶片反射峰）、红边（634.7 nm，植物生理状态指示区）及近红外（792.4、950.0 nm，叶片水分与细胞结构响应区），这些区域的光谱特征会随病害导致的叶绿素降解、细胞结构破坏等生理变化显著改变，因此具备强分类判别性。

结合光谱物理意义，权重分布的协同性进一步支撑了波段筛选逻辑：图 6 中 792.4 nm 附近的红边-近红外衔接区，既是重构权重的相对高值区，也是分类权重的局部峰值区，且该区间对应多个选中波段（如索引 130、151），是“光谱信息完整性”与“病害分类判别性”的双重核心；而选中的 424.5 nm 附近波段（如索引 15、36）则是分类权重高值、重构权重合理的区域。上述分布特征验证了“优先聚焦重叠高值区 + 分类高值区”的筛选策略，可在实现维度大幅压缩的同时，兼顾高光谱数据的重构保真度与病害分类精度。

3.4 波段筛选结果

基于簇内代表波段选择策略，以“聚类簇全覆盖、单簇单代表”为核心原则，结合分类判别性权重与重构保真度权重的特征差异制定差异化筛选策略，对分类权重主导型聚类簇优先选取分类权重峰值波段，对重构权重主导型聚类簇选取重构权重最优波段，对双权重均衡型聚类簇则通过权重综合评分确定代表波段。该策略既保证 9 个聚类簇光谱信息全覆盖，又兼顾波段分类判别能力与光谱重构完整性，实现“降维”与“保质”协同。

最终从 216 个原始波段中筛选出 9 个核心代表波段，与聚类簇的对应关系如表 4 所示。

表 4 最终筛选波段索引、中心波长及主要响应信息

Tab.4 Indices, center wavelengths and main response information of finally selected bands

簇序号	筛选波段索引	中心波长/nm	光谱区域	主要响应信息
1	15	407.695 1	紫光-蓝紫光区	叶片色素吸收、表面颜色变化
2	36	460.493 4	蓝光区	叶绿素和类胡萝卜素吸收
3	40	471.097 1	蓝光区	色素吸收、叶片黄化及褪绿特征
4	73	556.057 8	绿光区	叶片绿度、可见光反射峰
5	85	587.297 5	黄橙光区	叶片黄化、褐变及病斑颜色变化
6	116	668.851 6	红光区	叶绿素红光吸收、光合色素变化
7	130	706.084 9	红边过渡区	红边位置变化、叶绿素含量响应
8	151	762.404 3	近红外区	叶片细胞结构、组织完整性
9	203	904.286 5	近红外区	叶片水分状态、组织结构及胁迫响应

由表 4 可知，最终筛选 9 个核心波段分布 407.695 1 ~904.286 5 nm 内，覆盖紫光-蓝紫光、蓝光、绿光、黄橙光、红光、红边过渡区及近红外区。其中，407.695 1 ~471.097 1 nm 波段主要与叶片色素吸收、黄化及褪绿特征相关；556.057 8、587.297 5 nm 波段主要反映叶片绿度及病斑颜色变化；668.851 6、706.084 9 nm 波段分别对应叶绿素红光吸收区和红边过渡区，表征叶绿素含量及胁迫响应变化；762.404 3、904.286 5 nm 波段位于近红外区域，主要与叶片细胞结构、组织完整性和水分状态有关。结果表明所筛选波段并未集中于单一光谱区间，而是覆盖了病害侵染引起的色素、结构和水分等多类响应信息，说明本文方法在压缩光谱维度的同时能保留与苹果叶片病害识别相关的关键光谱特征。

上述筛选结果证实所提方法实现了高光谱数据维度从 216 维至 9 维的大幅压缩（降维率达 95.8%），且核心波段完整覆盖叶绿素吸收、红边响应、细胞结构及水分含量等病害诊断关键生理特征谱区，既解决了原始高光谱数据冗余度高、计算负荷大的问题，又为轻量化病害识别模型构建提供了低冗余、高判别性的输入特征基础。

3.5 分类性能试验结果

为全面验证本文提出基于聚类引导权重学习的高光谱苹果叶片病害图像波段筛选方法的综合性

能，从 2 个维度展开分析。基于筛选后核心波段子集的分类准确率表现，与 7 种经典波段筛选方法进行性能试验。试验结果如图 7 所示。

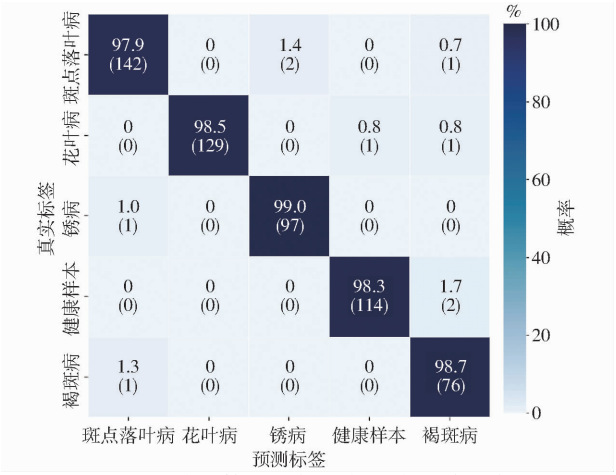

图 7　波段筛选子集分类训练混淆矩阵

Fig. 7　Classification confusion matrices before and after band selection

由图 7 可知，在 5 类病害的诊断中，各类别均表现出高精度与稳定性，表明经过双权重学习与聚类协同筛选出的核心波段，能高度聚焦于病害的敏感光谱特征，在实现数据维度大幅压缩的同时，确保了分类器具备强大且稳定的判别能力。

选取方差阈值法（VT）、支持向量机递归特征消除法（SVM－RFE）、Lasso 正则化筛选法、主成分分析法（PCA）、注意力机制特征排序（Attention ranking）、监督嵌入式特征选择（Supervised embedded）以及混合图变换器（HybridGT）7 种波段筛选方法进行对比分析，并从分类性能、筛选效率和物理可解释性 3 个方面进行评价。结果如表 5 所示。

表 5　不同波段筛选方法的分类性能

Tab. 5　Classification performance of different spectral band selection methods

波段筛选方法	准确率/%	F1 分数/%	Kappa 系数	筛选耗时/s
方差阈值法	91.25	89.8	0.886	0.03
支持向量机递归特征消除法	93.41	92.1	0.910	285.71
正则化筛选法	92.80	91.5	0.903	0.87
主成分分析法	90.52	88.7	0.872	1.25
注意力机制特征排序	95.34	94.7	0.941	12.46
监督嵌入式特征选择	97.21	96.5	0.958	42.58
混合图变换器	97.63	97.0	0.965	156.82
本文方法	98.38	98.0	0.979	15.20

由表 5 可知，在分类性能方面，本文方法表现最优，分类准确率达到 98.38%，较 SVM－RFE（93.41%）、Lasso（92.80%）、VT（91.25%）和 PCA（90.52%）分别提升 4.97、5.58、7.13、7.86 个百分点；与 Attention ranking（95.34%）、Supervised embedded（97.21%）和 HybridGT（97.63%）相比，准确率仍分别提高 3.04、1.17、0.75 个百分点。与此同时，本文方法对应的 F1 分数和 Kappa 系数分别达到 98.0% 和 0.979，均高于其他方法。结果表明，本文所筛选的核心波段能够在保持较低维度的同时，有效地保留与苹果叶片病害识别相关的关键判别信息，从而获得更高的分类精度和更稳定的识别一致性。

在筛选效率方面，不同方法之间存在明显差异。SVM－RFE 由于需要进行递归特征消除与多轮模型训练，耗时最长，为 285.71 s；HybridGT 和 Supervised embedded 筛选时间分别为 156.82、42.58 s；本文方法耗时为 15.2 s，显著低于 SVM－RFE、HybridGT 和 Supervised embedded 等方法。Attention ranking 采用基于注意力权重的排序策略，筛选时间为 12.46 s，与本文方法接近，但分类准确率为 95.34%，低于本文方法。方差阈值法、Lasso 和 PCA 筛选时间分别仅为 0.03、0.87、1.25 s，具有较高的计算效率，但分类准确率均低于 93%，表明仅依赖统计特征或线性变换进行波段压缩时，对病害判别信息的保留能力存在一定局限。

相比之下，本文方法在获得最高分类准确率的同时，筛选时间控制在 15.20 s，表明本文方法在分类精度、筛选开销与物理可解释性之间取得较好的综合平衡。

为进一步验证本文筛选得到的核心波段子集在苹果叶片病害诊断任务中的适用性与性能优势，选取 VGG16、ResNet18、3D ResNet、DC－CNN 和 MHA－DResNet 等典型深度学习模型，在统一数据预处理方式、相同训练测试划分及一致评价指标条件下，对不同模型在苹果叶片不同病害类别上的分类精度及总体分类准确率进行试验，结果如表 6 所示。

表 6　不同模型分类试验结果

Tab. 6　Classification experimental results across different models　　%

方法	健康叶片分类准确率	斑点落叶病分类准确率	褐斑病分类准确率	花叶病分类准确率	锈病分类准确率	总分类准确率
VGG16	77.40	85.59	81.99	72.15	72.15	78.39
ResNet18	76.08	80.90	79.97	80.90	80.96	79.55
3D ResNet	88.54	92.05	90.26	86.29	88.54	89.26
DC－CNN	91.39	91.99	97.61	97.62	93.55	94.21
MHA－DResNet	96.18	98.42	92.88	92.85	96.18	95.27
本文方法	98.30	98.21	98.76	97.78	96.83	98.38

由表 6 可知,本文方法在健康叶片、褐斑病、斑点落叶病、花叶病和锈病 5 个类别上分类准确率均保持在较高水平,总体分类准确率达 98.38%,较 VGG16、ResNet18、3D ResNet、DC - CNN 和 MHA - DResNet 分别提升 19.99、12.34、10.05、4.11、3.11 个百分点。说明相比直接依赖深层网络自动提取特征的方式,本文所筛选的核心波段子集在保留病害关键信息方面具有更强的针对性,能够为后续诊断模型提供更有效的输入特征,从而取得更优的识别性能。

3.6 消融试验

为验证本文所提出方法中层次聚类、双权重学习及自适应选择策略各核心模块的有效性与必要性,设计消融试验。试验以完整模型作为基线,从分类性能与重构质量 2 个维度对不同模块组合方式进行分析。

基线:本文提出的完整方法,即“层次聚类 + 双权重学习 + 自适应选择策略”。消融 A:去除层次聚类模块,直接在 216 个波段上训练双权重学习网络,并根据分类权重与重构权重之和选取综合得分最高的前 9 个波段。消融 B:保留层次聚类模块,但仅使用重构保真度权重,在每个簇内选取重构权重最高的波段作为代表。消融 C:保留层次聚类模块,但仅使用分类判别性权重,在每个簇内选取分类权重最高的波段作为代表。消融 D:保留层次聚类与双权重学习模块,但采用固定线性融合方式,将重构权重与分类权重按 1∶1加权求和,并在每个簇内选择综合得分最高的波段。试验结果如表 7 所示。

表 7 消融试验结果

Tab.7 Ablation experiment results

试验组	准确率/%	F1 分数/%	Kappa 系数	重构质量	
				PSNR/dB	SAM/(°)
基线	98.38	98.0	0.979	31.24	5.82
消融 A	94.21	93.1	0.925	30.05	6.12
消融 B	95.88	95.4	0.949	32.40	4.51
消融 C	97.05	96.8	0.963	29.87	7.23
消融 D	97.62	97.3	0.969	30.92	5.68

由表 7 可知,消融 A 相较于基线,分类准确率下降 4.17 个百分点,F1 分数与 Kappa 系数同步降低,重构质量也出现明显下降,表现为 PSNR 降低、SAM 升高。说明在不进行聚类分组的情况下,直接对全波段进行权重排序,难以有效利用波段之间的结构相关性,易选出相关性较高但信息冗余的波段。相比之下,层次聚类能够先对谱形相近的波段进行分组,实现冗余波段的结构化压缩,从而为簇内代表波段筛选提供更合理的基础。

消融 B 仅使用重构保真度权重时,获得了较优的重构质量,但分类准确率较低,说明单纯强调光谱保真度可能会削弱对病害敏感判别信息的保留。消融 C 仅使用分类判别性权重时,虽能保持一定的分类性能,但重构质量最差,表明仅关注判别能力会导致所选波段对整体光谱信息的代表性不足。相比之下,基线模型在分类准确率与重构质量之间取得了更好平衡,说明重构保真度权重与分类判别性权重在波段评价中具有明显互补作用,二者协同能更有效地筛选出兼具判别力和代表性的核心波段。

消融 D 采用固定权重线性融合后,各项性能均低于基线模型。表明简单固定比例融合方式难以适应不同聚类簇内权重分布的差异。在某些簇中,分类权重更能反映病害敏感特征;而在另一些簇中,重构权重对于保持光谱形态的完整性更为重要。采用的自适应选择策略能够结合簇内 2 类权重的分布特征,动态确定代表波段的筛选依据,因此相比固定融合方式具有更好的适应性和更优的综合性能。

层次聚类、双权重学习和自适应选择策略 3 个模块在本文方法中均发挥了不可替代的作用。其中,层次聚类负责降低波段冗余,双权重学习负责兼顾判别能力与光谱代表性,自适应选择策略则进一步提升了簇内筛选的合理性。三者协同作用,共同支撑了本文方法在分类性能与重构质量上的综合优势。

3.7 跨年份泛化性试验

为系统评估模型在跨时区与跨空间场景下泛化能力,引入 2025 年采集的苹果叶片病害数据作为独立测试集,在时间上与训练数据完全分离。试验时模型结构、训练参数、推理流程及评价指标均与前述试验保持一致,仅更换测试数据集,从而保证结果的可比性与客观性。新数据集包含健康叶片、花叶病叶片和斑点落叶病叶片 3 个类别。此外,该数据集具有类别数量减少、样本规模较小的特点,也可用于验证所提波段筛选方法在小样本条件下表现。

试验过程仅将分类分支输出类别数由 5 类调整为 3 类,其余主要参数保持一致。分别采用全波段输入、PCA、SVM - RFE 以及本文方法进行试验,结果如表 8 所示。

表 8 跨年份泛化试验结果

Tab.8 Cross-year generalization experiment results

方法	筛选波段数	准确率/%	F1 分数/%	Kappa 系数
全波段	216	96.42	96.18	0.946
PCA	9	90.82	90.42	0.863
SVM - RTF	9	93.16	92.87	0.897
本文方法	9	97.85	97.69	0.968

由表 8 可知，全波段分类准确率为 96.42%，F1 分数为 96.18%，Kappa 系数为 0.946。PCA 方法筛选 9 个波段后，分类准确率下降至 90.82%；SVM－RFE 方法准确率为 93.16%，较 PCA 有所提升，但仍低于全波段结果。

相比之下，本文方法在仅保留 9 个波段的情况下分类准确率 97.85%、F1 分数 97.69% 以及 Kappa 系数 0.968，各项指标均高于其他方法。结果表明，通过聚类分组与双权重协同评价机制筛选得到的代表波段能较好地保留病害识别相关的光谱信息，在大幅降低输入维度的同时维持较高的分类性能。因此，说明所提方法能够有效适配不同年份下苹果叶片病害智能诊断任务及在不同规模数据下有效性。

4　结论

（1）从 216 个有效波段中筛选出 9 个核心波段，在 5 类苹果叶片病害诊断任务中分类准确率 98.38%，表明该方法能够在显著压缩数据维度的同时，较好保留与病害诊断相关的关键光谱信息，实现降维效率与识别性能的统一。

（2）通过层次聚类对原始波段进行结构化分组，并利用双分支神经网络分别学习重构保真度权重和分类判别性权重，实现了对波段重要性的多维度定量评估。所筛选出的核心波段覆盖叶绿素吸收带、红边过渡区及近红外水分响应等病害敏感区间，表明本文方法不仅能提升分类性能，同时具有较好的物理可解释性。

（3）消融试验结果表明，层次聚类、双权重学习和自适应选择策略在本文方法中均发挥了重要作用。其中，层次聚类有助于降低波段冗余，双权重学习能够兼顾判别能力与光谱代表性，自适应选择策略进一步提升了簇内代表波段筛选的合理性，三者协同共同支撑了本文方法的综合性能优势。

（4）在小样本 3 个分类任务中，本文方法仅利用 9 个筛选波段仍取得分类准确率 97.85%、F1 分数 97.69% 和 Kappa 系数 0.968，整体性能优于 PCA 和 SVM－RFE 等其他方法。试验结果表明，所筛选的核心波段在跨年份及不同规模数据条件下仍能够较好保留病害识别相关光谱信息，体现出较好的适用性和稳定性。

参　考　文　献

[1] 李杨，王克如，李少昆，等. 基于特征波长提取的黄瓜病虫害高光谱识别[J]. 光谱学与光谱分析，2020，40(3)：945－951.
Li Yang, Wang Keru, Li Shaokun, et al. Hyperspectral recognition of cucumber diseases and insect pests based on characteristic wavelength extraction[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2020, 40(3): 945－951. (in Chinese)

[2] 陈雨，杨松，周竹，等. 苹果锈病高光谱诊断的特征波段提取与可解释性分析[J]. 中国农业科学，2022，55(18)：3521－3532.
Chen Yu, Yang Song, Zhou Zhu, et al. Characteristic band extraction and interpretability analysis for hyperspectral diagnosis of apple rust[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2022, 55(18): 3521－3532. (in Chinese)

[3] 王冉冉，赵春江，杨贵军，等. 基于层次聚类与 SVM 的玉米叶部病害高光谱波段筛选[J]. 农业工程学报，2021，37(11)：163－170.
Wang Ranran, Zhao Chunjiang, Yang Guijun, et al. Hyperspectral band selection for maize leaf disease based on hierarchical clustering and SVM[J]. Transactions of the CSAE, 2021, 37(11): 163－170. (in Chinese)

[4] Knauer M, Rumpf T, Kersting K, et al. Hyperspectral imaging for apple proliferation detection: a machine learning approach [J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2019, 165: 104956.

[5] Wang S, Liu J, Zhang Y, et al. Hyperspectral band selection using improved genetic algorithm for rice disease recognition[J]. Biosystems Engineering, 2020, 194: 112－124.

[6] Liu X, Chen Y, Wang J, et al. Band selection for hyperspectral plant disease detection using hierarchical clustering and support vector machine[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2021, 187: 106278.

[7] Li M, Zhang S, Tao S, et al. Hyperspectral band selection for pear alternaria blotch using spectral angle matching and K-means clustering[J]. Scientia Horticulturae, 2024, 316: 111892.

[8] 崔蕊艳，张红涛，李民赞，等. 双通道卷积神经网络的苹果腐烂病早期高光谱诊断[J]. 农业工程学报，2020，36(8)：202－208.
Cui Ruiyan, Zhang Hongtao, Li Minzan, et al. Early hyperspectral diagnosis of apple valsa canker based on dual-channel convolutional neural network[J]. Transactions of the CSAE, 2020, 36(8): 202－208. (in Chinese)

[9] 梁万杰，刘刚，张漫，等. 改进 ResNet50 模型的早期油菜菌核病高光谱识别[J]. 中国农业科学，2020，53(12)：2415－2424.
Liang Wanjie, Liu Gang, Zhang Man, et al. Hyperspectral recognition of early sclerotinia sclerotiorum of rapeseed based on improved ResNet50 model[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2020, 53(12): 2415－2424. (in Chinese)

[10] 张敏，李绍稳，张璐，等. 融合空谱注意力的轻量级 CNN 苹果斑点落叶病高光谱诊断[J]. 光谱学与光谱分析，2022，42(5)：1589－1595.
Zhang Min, Li Shaowen, Zhang Lu, et al. Lightweight CNN integrated with spatial-spectral attention for hyperspectral

diagnosis of apple alternaria leaf spot[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2022, 42(5): 1589 - 1595. (in Chinese)

[11] Sladojevic S, Arsenovic M, Anderla A, et al. Deep neural networks based recognition of plant diseases by leaf image classification[J]. Computational Intelligence and Neuroscience, 2020, 2020: 8896391.

[12] Feng Y, Liu Y, Zhang Z, et al. Spatial-spectral attention network for hyperspectral image classification of plant diseases[J]. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, 2021, 59(7): 6101 - 6114.

[13] Zhang Y, Zhao C, Yang G, et al. Lightweight CNN with attention mechanism for hyperspectral diagnosis of wheat powdery mildew[J]. Remote Sensing, 2021, 13(24): 4987.

[14] 林飞飞,陈晓勇,周文喜,等. 基于堆叠稀疏自编码器的小麦亦霉病高光谱遥感识别[J]. 作物学报,2022,38(9):2312 - 2322.
Lin Feifei, Chen Xiaoyong, Zhou Wenxi, et al. Hyperspectral remote sensing detection of wheat fusarium head blight based on stacked sparse antoencoder[J]. Acta Agronomica Sinica, 2022,38(9):2312 - 2322. (in Chinese)

[15] Wu J, Liu G, Zhang M, et al. Improved ResNet with spectral attention for early detection of rapeseed sclerotinia using hyperspectral data[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022, 198: 107156.

[16] 马晓丹,张立福,王锦地,等. 基于重构损失与分类损失协同的高光谱波段筛选方法[J]. 光谱学与光谱分析,2023,43(3):921 - 927.
Ma Xiaodan, Zhang Lifu, Wang Jindi, et al. Hyperspectral band selection based on collaboration of reconstruction loss and classification loss[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2023, 43(3): 921 - 927. (in Chinese)

[17] 高源,李丽,王庆贵,等. 层次聚类结合随机森林的葡萄霜霉病高光谱波段筛选[J]. 农业机械学报,2023,54(8):301 - 309.
Gao Yuan, Li Li, Wang Qinggui, et al. Hyperspectral band selection for grape downy mildew based on hierarchical clustering and random forest[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(8): 301 - 309. (in Chinese)

[18] 孙佳琪,赵春江,杨贵军,等. 轻量级 Transformer 的苹果褐斑病高光谱诊断及波段优化[J]. 农业工程学报,2023,39(15):198 - 205.
Sun Jiaqi, Zhao Chunjiang, Yang Guijun, et al. Hyperspectral diagnosis and band optimization of apple brown spot based on lightweight Transformer[J]. Transactions of the CSAE, 2023, 39(15): 198 - 205. (in Chinese)

[19] Yang S, Zhou Z, Chen Y, et al. Interpretability analysis of hyperspectral bands for apple rust diagnosis based on gradient-weighted class activation mapping[J]. Journal of Plant Diseases and Protection, 2023, 130(2): 145 - 154.

[20] Sun J, Zhao C, Yang G, et al. Lightweight Transformer for hyperspectral diagnosis of apple brown spot and band optimization [J]. Remote Sensing, 2023, 15(12): 3089.

[21] Wang J, Li M, Cui R, et al. Dual-weight learning based band selection for hyperspectral diagnosis of wheat stripe rust[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2024, 215: 108321.

[22] Zhang Y, Zhao C, Yang G, et al. Clustering and attention mechanism based hyperspectral band selection for maize northern leaf blight[J]. International Journal of Remote Sensing, 2024, 45(10): 3456 - 3475.

[23] Ma X, Zhang L, Wang J, et al. Collaborative band selection based on reconstruction and classification loss for hyperspectral plant disease diagnosis[J]. Spectroscopy Letters, 2023, 56(3): 189 - 198.

[24] Zhao J, Li M, Sun H, et al. Dual-branch attention network for hyperspectral recognition of apple mosaic disease[J]. IEEE Access, 2023, 11: 35621 - 35630.

[25] 刘畅,杨松,周竹,等. 苹果花叶病高光谱诊断的红边波段优化与机理分析[J]. 光谱学与光谱分析,2024,44(6):1872 - 1878.
Liu Chang, Yang Song, Zhou Zhu, et al. Red edge band optimization and mechanism analysis for hyperspectral diagnosis of apple mosaic disease[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2024, 44(6): 1872 - 1878. (in Chinese)

[26] 张宇,赵春江,杨贵军,等. 基于聚类与注意力机制的玉米大斑病高光谱波段筛选[J]. 中国农业科学,2024,57(10):1923 - 1934.
Zhang Yu, Zhao Chunjiang, Yang Guijun, et al. Hyperspectral band selection for maize northern leaf blight based on clustering and attention mechanism[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2024, 57(10): 1923 - 1934. (in Chinese)

[27] 李明,张绍铃,陶书田,等. 基于光谱角匹配与 K-means 的梨黑斑病高光谱波段筛选[J]. 果树学报,2024,41(2):276 - 284.
Li Ming, Zhang Shaoling, Tao Shutian, et al. Hyperspectral band selection for pear alternaria blotch based on spectral angle matching and K-means[J]. Journal of Fruit Science, 2024, 41(2): 276 - 284. (in Chinese)

[28] 王静,李民赞,崔蕊艳,等. 融合双权重学习的小麦条锈病高光谱波段筛选[J]. 农业工程学报,2024,40(5):179 - 186.
Wang Jing, Li Minzan, Cui Ruiyan, et al. Hyperspectral band selection for wheat stripe rust based on dual-weight learning [J]. Transactions of the CSAE, 2024, 40(5): 179 - 186. (in Chinese)